

**PRESENTACIONES ORALES**

**INFECCIÓN POR VIH SIDA**

**1. Prevalencia de portadores de HLA-B\*5701 en población con infección por VIH-1 Naïve en Colombia.**

Martínez E, Oñate J, García J, Álvarez J, Lenis W, Rubiano L, Sañudo L. *REVIVA; Red de VIH del Valle del Cauca; Universidad del Valle. Centro Médico Imbanaco. Hospital Universitario Valle del Lili. Recuperar IPS. Pontificia Universidad Javeriana. emarbui@gmail.com*

**Introducción.** La presencia del alelo HLA B\*5701 se asocia a reacción de hipersensibilidad al abacavir, antirretroviral ampliamente usado en Colombia y el mundo, con prevalencias variables según raza y distribución geográfica. Las guías colombianas no recomiendan su determinación previa al inicio de tratamiento. El objetivo de este estudio es determinar la prevalencia del alelo en la población con VIH sin tratamiento previo en Colombia.

**Materiales y métodos.** Determinación del alelo HLA B\*5701 con técnica de SSP-PCR en estudio transversal multicéntrico a nivel nacional en pacientes adultos sin tratamiento previo en 11 ciudades, estratificado según prevalencia de la infección por VIH en Colombia.

**Resultados.** Se evaluaron 863 pacientes, 719 (83,3%) fueron hombres, mediana de 30 años (RIQ:24 -39), la carga viral fue 43221 copias/mL (RIQ:11.200-155.198) y el recuento de linfocitos CD4+ fue 319 células/mm<sup>3</sup> (RIQ:171-503), con un tiempo de diagnóstico de 37 días (IC:21 -74). La prevalencia global del alelo fue 2,4%, en hombres 1,9% y mujeres 2,8%. Por raza, la prevalencia fue 1,9% en afrodescendientes y 2,5% en mestizos. Por lugares de origen, las prevalencias más altas se encontraron en Caldas (11,1%), Risaralda (5,0%), Antioquia (4,6%) y Valle del Cauca (4,3%), con menores prevalencias en Bogotá (1,7%) y Atlántico (1,2%).

**Conclusiones.** La prevalencia del alelo HLA B\*5701 se encuentra por debajo de la encontrada en otros países de la región como Brasil (3,1-5,6%), pero similar a México (2,0%) y Chile (2,2%). La costo-efectividad de su determinación previa al inicio de un tratamiento antirretroviral con abacavir amerita ser evaluada en regiones del país con las mayores prevalencias.

**2. Prevalencia de la resistencia pre-tratamiento a medicamentos antirretrovirales contra VIH-1 en Colombia.**

Ávila S, Gómez B, Andrade L, Luque R, Ravasi G, Harrigan R, Alvarez C, Martínez E, Calderón A. *Ministerio de Salud y Protección Social. Organización Panamericana de la Salud. British Columbia Centre for Excellence in HIV/AIDS. Universidad Nacional de Colombia. Universidad del Valle. emarbui@gmail.com*

**Introducción.** El conocimiento de la resistencia a antirretrovirales en cada país es uno de los objetivos prioritarios de la OMS. En Colombia se desconoce la prevalencia de mutaciones asociadas a resistencia (MAR) del VIH-1. El presente estudio busca determinar la prevalencia previa al tratamiento y, en particular, a las opciones recomendadas de TAR de 1ª línea en las guías colombianas (resistencia funcional).

**Materiales y métodos.** Estudio de corte transversal y representativo a nivel nacional, con selección aleatoria de IPS que incluyeron pacientes > 14 años sin exposición previa a TAR, realizándose secuenciación genotípica del gen POL del VIH-1 de RNA plasmático para detectar MAR a transcriptasa reversa y proteasa. Los resultados se analizaron usando los criterios de OMS-Bennett 2009 y Stanford 2016.

**Resultados.** Se evaluaron 196 pacientes de 23 IPS (100% del tamaño muestral estimado), 173 (89,5%) fueron hombres, media de 32 años (IC95%: 16-70), la carga viral fue 120865 copias/mL (IC95%:2139 -1493047) y el recuento de linfocitos CD4+ fue 289 células/mm<sup>3</sup> (IC95%:7-497). La prevalencia de resistencia pre-tratamiento por OMS-Bennett fue 7,1% (n=14) y por Stanford 9,7% (n=19, IC95%:6,1-14,9). La resistencia a ITRN, ITRNN e IP fue 3,6%, 6,1% y 0,0%, respectivamente. La resistencia funcional fue 5,1% para los tratamientos recomendados en la población general y 3,1% para los esquemas en embarazo.

**3. Descripción y asociación entre los hallazgos en la región anal y los resultados de la primera citología en hombres que tienen sexo con hombres (HSH) VIH positivos**

Estrada S, Correa A, Correa LA, Ruiz K, Correa T, Norena J, Correa S. *Laboratorio Clínico VID Congregación Mariana Medellín. Universidad de Antioquia. Universidad Pontificia Bolivariana. Beth Israel Deaconess Medical Center. Harvard Medical School Master of Medical Sciences in Clinical Investigation. simonco22@gmail.com*

**Introducción.** Los HSH tienen una alta prevalencia de infección por VPH. Se evaluó la asociación entre los hallazgos clínicos anales y citológicos.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de corte transversal en HSH VIH positivos, a quienes se les realizó la primera citología anal. Se describió la prevalencia de hallazgos en la región anal y la citología, y se evaluó su asociación con un análisis jerárquico aplicando la corrección de Bonferroni. Para aquellos hallazgos anales con asociaciones significativas, se evaluó la asociación con cada alteración citológica post-hoc.

**Resultados.** Se evaluaron 1.243 pacientes, 78% no tenían lesiones anales. Al examen físico se encontraron condilomas (11%), hemorroides (9%), fisuras (2%), fistulas (0,2%), úlceras (0,1%). Algunos pacientes presentaron más de una alteración al examen anal. Los resultados citológicos fueron: ASCUS 40%, ASC-H 2%, LIE de bajo grado 17% y LIE de alto grado 6%. La presencia de condilomas (p<0,001) y de un examen físico normal (p<0,001) se asociaron con cualquier hallazgo citológico. En el análisis post-hoc, la presencia de condilomas se asoció con ASCUS (OR 2,19, IC 95% 1,51-3,18, p<0,001) y con LIE de alto grado (OR 2,09, IC 95% 1,07-3,85, p<0,014). Tener un examen físico normal se asoció con LIE de bajo grado (OR 1,55, IC 95% 1,03-2,39, p=0,03).

**Conclusiones.** La presencia de condilomas se asoció con ASCUS y LIE de alto grado, y un examen físico normal se asoció con una probabilidad mayor de presentar LIE de bajo grado, resaltando la importancia de la citología anal en pacientes VIH positivos.

**4. Complejidad de la transición de los esquemas antirretrovirales en un programa de atención de VIH en Bogotá durante el periodo de 2015 a 2017.**

Acosta A, Moscoso S, Arévalo L, Mantilla M. *Centro de Expertos para Atención Integral. CEPAIN IPS. larevalom79@hotmail.com*

**Introducción.** Cuando se toma la decisión de cambiar una terapia antirretroviral se puede llegar a limitar futuras opciones, y es allí donde las conductas del personal tratante deben ser las más acertadas. Se busca conocer cuáles son las principales causas de cambios de esquema antirretroviral en un programa de atención a VIH.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio transversal descriptivo, revisando los cambios de tratamiento en las historias clínicas de los pacientes de la IPS especializada CEPAIN de Bogotá (Colombia) durante el periodo de 2015 a 2017.

**Resultados.** Se incluyó al total de pacientes durante los 3 años (2015-2017) siendo 4233, 4572 y 4551, no hubo diferencias significativas entre las causas del cambio y el sexo. Los cambios de tratamiento se estimaron en 8%, 8% y 5% para esos años. El principal motivo de cambio fueron las reacciones adversas con 4.2%, en 2015, 4.0% en 2016, y 2.4% en 2017, seguidos de fracaso terapéutico en 1.6, 1.8 y 0.6% respectivamente, las otras causas incluyeron simplificación, comorbilidades e interacciones. Durante el primer año de tratamiento existió la necesidad de cambiar los esquemas de 60 pacientes en 2015, 77 pacientes en 2016 y 39 pacientes en 2017. Al realizar los controles respectivos en cargas virales se evidenció que 91, 94.1 y 94.9% habían alcanzado cifras de supresión viral.

**Conclusiones.** Se encuentra una casuística similar a la descrita globalmente, se debe continuar el esfuerzo en toma de decisiones terapéuticas que tengan en cuenta la optimización del tratamiento para evitar la falta de adherencia del paciente.

#### 5. Evolución de la presentación al diagnóstico de los pacientes nuevos con infección por VIH en el grupo VIHCOL, 2013 – 2017.

Mantilla M, Martínez E, Arévalo L, Martínez P, Echeverría L, Álvarez C, Valderrama S, Pardo J, Posada M, González C, Franco J, García M, Galindo X, Montero L, Botero M, Mueses H, Sussmann O, Cheque A, Alzate J, Franco J.

CEPAIN IPS SAS. SIES Salud SA. Universidad del Valle. Universidad Nacional de Colombia. Hospital Universitario San Ignacio. Pontificia Universidad Javeriana. Corporación de Lucha Contra el SIDA. Todomed Ltda. Asistencia Científica de Alta Complejidad SAS. Corporación de Investigaciones Biológicas. emarbui@gmail.com

**Introducción.** El Grupo VIHCOL reúne datos de pacientes de 18 centros de atención integral (CAI) de 10 ciudades desde el 2013. El objetivo del presente estudio es describir la evolución de la presentación clínica e inmunológica de los pacientes nuevos admitidos en el Grupo VIHCOL en los años 2013 – 2017.

**Materiales y métodos.** Se caracterizaron por edad, sexo y régimen de afiliación las variables en la población de pacientes >15 años, estadio clínico según CDC y recuento de CD4+ de los pacientes nuevos por año en el período 2013 al 2017.

**Resultados.** En el período 2013 - 2017, ingresaron 7482 pacientes nuevos en 13 CAI de 10 ciudades, 78% fueron hombres (relación H:M = 3.6:1); 2981 (39.8%, H:42.2%, M:31.4%) fueron <0,05). 2860 (38,2%) ingresaron en estadio 3 de CDC (H:38%, M:39%), con tendencia al aumento en los últimos años en hombres. El 31,9% ingresaron con CD4.

**Conclusiones.** La epidemia del VIH en Colombia sigue concentrada en hombres en los últimos 5 años, con mayor crecimiento en hombres jóvenes y mujeres mayores, sin observarse significativa mejoría en el estadio clínico o inmunológico al diagnóstico, con una elevada presentación tardía sin modificación en el tiempo. Deben evaluarse estrategias novedosas y diferentes para un mejor control de la epidemia en Colombia.

#### 6. ¿Ha impactado la guía colombiana de VIH la prescripción del primer tratamiento en Colombia?

Martínez E, Mantilla M, Arévalo L, Martínez P, Echeverría L, Álvarez C, Valderrama S, Pardo J, Posada M, González, García M, Galindo X, Montero L, Botero M, Mueses H, Sussmann O, Cheque A, Alzate J, Franco J. SIES Salud SA. Universidad del Valle.

CEPAIN IPS SAS. Universidad Nacional de Colombia. Hospital Universitario San Ignacio; Pontificia Universidad Javeriana. Corporación de Lucha Contra el SIDA. Todomed Ltda. Corporación de Lucha Contra el SIDA. Asistencia Científica de Alta Complejidad SAS. Corporación de Investigaciones Biológicas. emarbui@gmail.com

**Introducción.** El objetivo del presente estudio es evaluar el impacto de la Guía Colombiana de VIH para adultos y adolescentes en la prescripción del primer tratamiento antirretroviral (1erTARs) en pacientes de centros afiliados al Grupo VIHCOL.

**Materiales y métodos.** Se registraron los 1erTARs de los nuevos ingresos de los años 2013 a 2017 de 14 centros del Grupo VIHCOL que aportaron datos completos, comparándose los esquemas en el período. Se analizan los resultados por grupo de edad, sexo y sistema de afiliación.

**Resultados.** Se obtuvieron datos de 7.032 pacientes nuevos, 78,1% fueron hombres. La proporción de inicio de TAR en el primer año aumentó de 79,5% a 94,9%. En el período de 5 años, se incrementó el uso de TDF/FTC de 23,0% a

68,7% con marcado descenso en el uso de ZDV/3TC de 58,1% a 1%, con poca variación en el uso de ABC/3TC. Como tercer agente, se incrementó el uso general de efavirenz del 62,5% al 73,2%, mayor en hombres. La segunda opción más prescrita fue ATV/r (aumento de 8,3% a 15,5%) con descenso progresivo de LPV/r (de 14% a 2,8%), ambos más prescritos en mujeres. No se observó un cambio significativo en el uso de raltegravir u otros terceros agentes.

**Conclusiones.** Estos datos del Grupo VIHCOL confirman un progresivo y favorable cumplimiento con las recomendaciones de 1erTARs de la guía colombiana, sin embargo, no se observa adopción de nuevas opciones como raltegravir o darunavir ni otros tratamientos preferidos en guías internacionales. Se presentarán datos por grupos de edad y afiliación al sistema de salud.

#### 7. Problemas relacionados con la medicación en pacientes con VIH/SIDA en Medellín, Colombia.

Hoyos J, Ramírez F, Restrepo C, Molina D, Alzate J, Niño N, Quiceno A. Universidad Pontificia Bolivariana. IPS Universitaria Clínica León XIII. Corporación para Investigaciones Biológicas CIB. SIES Salud IPS. juanhope9@hotmail.com

**Introducción.** El diagnóstico de VIH en personas mayores viene en aumento en Colombia y el mundo. El objetivo de este estudio es describir las características clínicas y los problemas relacionados con la medicación en pacientes ancianos con VIH/SIDA en Medellín, Colombia

**Materiales y métodos.** Estudio multicéntrico retrospectivo, se incluyeron todos los pacientes con diagnóstico de novo de VIH/SIDA en 4 centros, entre enero 2013 y diciembre 2016, evaluando características clínicas, laboratorio, comorbilidades, problemas relacionados con la medicación.

**Resultados.** Se incluyeron 493 pacientes, 382 (77,5%) hombres, mediana de edad 55 años (IQR 52-59), 309 pacientes en estadio 3 (62,7%) y 244 (49,5%) tenían alguna condición definitoria de SIDA, las más frecuentes: síndrome de desgaste (117, 23,7%) y tuberculosis (82, 16,8%). Al momento del diagnóstico mediana de células CD4 de 176 (IQR 59-352) y carga viral 117.323 copias/ml (IQR 28.237.5-411.139,97). Comorbilidades no infecciosas en 291 pacientes (59%), la más común fue hipertensión arterial (110, 22,3%) seguida por dislipidemia (70, 14,2%). Índice de comorbilidad de Charlson mediana de 7 (IQR 2-8). 76,1% recibió tratamiento antirretroviral basado en ITRNN, el esquema TDF/FTC/EFV más frecuentemente formulado (46,2%). Los problemas relacionados con la medicación se encontraron en 66,1%: interacciones medicamentosas 61,1%, polifarmacia con ARV 53,1%, medicación potencialmente inapropiada 7,9%, alto riesgo anticolinérgico 2,4%. Las condiciones definitorias de sida fueron más frecuentes en pacientes >60 años (61 59,2%) vs

**Conclusiones.** Los pacientes mayores con VIH/SIDA en Medellín, Colombia, son diagnosticados en estadios avanzados de su enfermedad y con una alta carga de comorbilidades infecciosas y no infecciosas.

#### 8. Marco sindémico para comprender el riesgo de sexo sin protección en poblaciones de alto riesgo de VIH en Cali, Colombia.

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

**Introducción.** Este estudio utiliza un marco sindémico para comprender el riesgo de sexo desprotegido entre grupos de mayor riesgo para infección por VIH y poblaciones heterosexuales. La teoría sindémica ha sido poco utilizada en Colombia, pero ha demostrado ser útil para identificar poblaciones de mayor prioridad para intervenciones de salud pública.

**Materiales y métodos.** Entre 2012 y 2015, se realizaron campañas de prueba voluntaria de VIH, participaron 1239 personas mayores de 18 años de comunas de bajos ingresos en Cali. La prevalencia de sindemia se definió según el autoreporte de: sexo forzado, edad temprana de inicio de vida sexual, consumo de alcohol de alto riesgo y uso de drogas ilícitas. Se realizaron análisis desagregados por grupos: hombres que tienen sexo con hombres (HSH), mujeres trabajadoras sexuales (MTS) y hombres (HHS)-mujeres heterosexuales (MHS). Se realizó regresión multivariada poisson, estimando razones de prevalencia(RP)

**Resultados.** Edad promedio 28±10.1 años, 60% eran hombres. El sexo desprotegido con todas las parejas fue frecuente, 79.7% IC95% (77.5%-82.0%), igual que tener mínimo un factor sindémico 60.2% IC95%(57.5%-62.8%). HSH (RP=1.3; IC95% [1.2-1.4]), MHS (RP=1.4; IC95% 1.3-1.5)) y MTS (RP=1.2; IC95%[1.0-1.3]) tuvieron más riesgo de sexo desprotegido que HSH. En HSH,

sexo desprotegido estuvo solo asociado con consumo de drogas (RP=1.16; IC95% [1.02-1.32]). En los otros grupos ningún factor sindémico se relacionó con sexo desprotegido. El sexo desprotegido estuvo relacionado con educación, situación de calle y experiencia de encarcelamiento. **Conclusiones.** El marco sindémico utilizado no parece útil para priorizar las poblaciones. Es importante empoderar a las comunidades en uso de condón, especialmente aquellas con circunstancias sociales adversas.

## RESISTENCIA BACTERIANA

### 9. Vigilancia por laboratorio de resistencia antimicrobiana de aislamientos colombianos de *Neisseria gonorrhoeae*, 2012-2017.

Bautista A, Sanabria O, Duarte C.  
Instituto Nacional de Salud. nanabch@gmail.com

**Introducción.** A nivel mundial, las infecciones gonocócicas son un problema de salud pública que puede prevenirse mediante relaciones sexuales protegidas, detección y tratamiento temprano. Sin embargo, la aparición de multiresistencia es motivo de alerta sanitaria internacional. El objetivo de este estudio es describir la resistencia antimicrobiana en aislamientos colombianos de *Neisseria gonorrhoeae* identificados en la vigilancia nacional de laboratorio liderada por el Grupo de Microbiología del Instituto Nacional de Salud (INS).

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo-retrospectivo de aislamientos de *N. gonorrhoeae* recibidos durante 2012-2017 en el grupo de Microbiología del INS. La resistencia antimicrobiana se determinó por concentración mínima inhibitoria y difusión en disco a penicilina, ceftriaxona, tetraciclina, espectinomicina, ciprofloxacina y azitromicina de acuerdo a los criterios de CLSI vigente.

**Resultados.** Un total de 637 aislamientos de *N. gonorrhoeae* provenientes de 20 departamentos fueron confirmados, de los cuales se observó una resistencia de 58% (n=362) a penicilina, 49% (n=313) a tetraciclina, 13% (n=83) a azitromicina, 44% (n=280) a ciprofloxacina; todos los aislamientos fueron sensibles a espectinomicina y cefalosporinas. Se presentó un aumento significativo ( $p=0.00000056$ ) de resistencia a ciprofloxacina entre los periodos de 2012-2014 (29,8%; n=62) y 2015-2017 (50,8%; n=218). Adicionalmente se observó un 9,7% (n=62) de aislamientos multiresistentes a penicilina, tetraciclina y ciprofloxacina.

**Conclusiones.** Las infecciones gonocócicas tienen el potencial de convertirse en infecciones no tratables, por la disminución de las opciones de tratamiento, por lo tanto se requiere fortalecer la vigilancia nacional con el fin de generar acciones de prevención y control oportunas en todos los niveles de atención.

### 10. Detección de enterobacterias de importancia clínica portadoras de betalactamasas en una planta de tratamiento de aguas residuales de Antioquia.

Aristizábal AM, Rodríguez EA, Arias L, Jiménez JN.  
Línea de Epidemiología molecular Bacteriana. Grupo MICROBA. Grupo de Bioprocesos Microbianos. Universidad de Antioquia.  
anamara\_2548@hotmail.com

**Introducción.** El aumento de la resistencia a betalactámicos ha conducido a estudiar espacios diferentes al hospitalario como las plantas de tratamiento de aguas residuales (PTAR), las cuales se han considerado reservorios y fuentes de diseminación de la resistencia. En este trabajo se propuso describir la presencia de enterobacterias resistentes a betalactámicos (ERB) portando  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido BLEE y AmpC en una PTAR de Antioquia.

**Materiales y métodos.** Se realizaron 6 muestreos en 2017, en afluente (AF), efluente (EF), lodos activados (LA) y tanques de aireación (TA) de la PTAR. Se detectaron las ERB empleando ChromID-ESBLTM, se seleccionaron aislados sospechosos de portar  $\beta$ -lactamasas. Se identificaron las ERB por 16S-rRNA y mediante PCR se detectaron algunos genes que codifican para BLEE y AmpC plasmídica.

**Resultados.** De 353 aislados obtenidos, 28.3% correspondieron a enterobacterias provenientes de AF (29%), TA (24%), LA (17%) y EF (30%). Los microorganismos más frecuentes fueron: *Escherichia coli* (83%), *Citrobacter freundii* (11%) y *Enterobacter cloacae* complex (4%). Se detectaron 155  $\beta$ -lactamasas: 85.2% codificaron para BLEEs siendo más frecuentes las variantes TEM (40.9%, n=54) y CTX-M-grupo-1 (37.1%, n=49); y el 14.8% restante codificaron para AmpC siendo más frecuentes LAT/BIL/CMY (78.3%, n=18). De los perfiles de  $\beta$ -lactamasas obtenidos,

*E. coli* presentó 16 de los 23 encontrados, siendo además el único portador del más frecuente: TEM+CTX-M-grupo-1 (20%).

**Conclusiones.** Este trabajo demuestra la compleja situación de la resistencia bacteriana a nivel local evidenciando la presencia de ERB portadoras de  $\beta$ -lactamasas BLEE y AmpC en PTAR. Asimismo, resalta la importancia de *E. coli* como diseminador de estos mecanismos de resistencia hacia ambientes acuáticos. Colciencias(111571149740)

### 11. Genotipificación mediante secuenciación de genoma completo de cepas colombianas multi-resistentes (MDR) de *Providencia rettgeri* portadoras del gen NDM-1.

Piza L, Serrano C, Donato J, Barreto E, Saavedra S, Duarte C, Moreno J, Rincón V, Reguero M.  
Universidad Nacional de Colombia. Instituto Nacional de Salud.  
lapizab@unal.edu.co

**Introducción.** *Providencia rettgeri*, es uno de los microorganismos portadores del gen NDM, constituyendo una prioridad crítica para la OMS en la formulación de nuevos antibióticos. En Colombia, sea reportado una alta circulación de *P. rettgeri*, es por ello, que en este estudio se realizó la genotipificación de casos clínicos de *P. rettgeri* aislados durante 2015-2016.

**Materiales y métodos.** Se analizaron 28 aislamientos de *P. rettgeri* del programa de vigilancia de resistencia antimicrobianos del INS (2015-2016). Los perfiles de susceptibilidad se realizaron por Kirby-Bauer (acorde al CLSI.) Los genomas fueron secuenciados (Illumina HiSeq 2500), ensamblados (SPAdes) y anotados (Prokka). La genotipificación se realizó con rMLST, el árbol filogenético y el pangenoma fue calculado por la herramienta Roary.

**Resultados.** El análisis de genotipificación por rMLST agrupó a los genomas en siete tipos de secuencia ribosomal (rST). El rST-63073 (43.8%) y rST-61696 (32.1%) fueron mayoritarios. El ensayo Kirby-Bauer detectó un patrón MDR para el 100% de los aislamientos. El árbol filogenético reveló patrones similares al rMLST, confirmando la circulación de *P. rettgeri* con una alta similitud clonal. El pangenoma estaba constituido por 12539 genes, 1217 genes para el genoma central (~10%), el genoma accesorio mostró amplia presencia de elementos genéticos asociados con resistencia.

**Conclusiones.** Este es el primer reporte en Colombia de la genotipificación de aislados clínicos MDR para *P. rettgeri*. Esta información será importante para la caracterización de brotes, el seguimiento de la enfermedad y conocimiento de las cepas circulantes.

### 12. Vigilancia nacional por laboratorio de Enterobacterias resistentes a colistina portadoras del gen mcr-1, identificadas entre junio 2013 a marzo 2018

Rodríguez M, Saavedra S, Ovalle M, Bautista A, Hidalgo A, Montaña L, Duarte C.  
Instituto Nacional de Salud. kari0299@gmail.com

**Introducción.** Introducción: la identificación del gen mcr-1 en aislamientos de Enterobacterias recuperados en animales, alimentos y humanos se ha convertido en una alerta a nivel mundial debido a que colistina es considerado el antibiótico de última línea para el tratamiento de infecciones causadas por patógenos multidrogoresistentes. Objetivo: describir la circulación del gen mcr-1 en aislamientos clínicos de Enterobacterias resistentes a colistina, recuperados de la vigilancia nacional por el laboratorio del Grupo de Microbiología del Instituto Nacional de Salud (INS), entre junio de 2013 a marzo de 2018.

**Materiales y métodos.** un total de 4011 aislamientos de Enterobacterias se recibieron en dos programas de vigilancia del Grupo de Microbiología del INS, de estos 376 aislamientos presentaron resistencia a colistina a los cuales se les evaluó la presencia del gen mcr-1 por PCR.

**Resultados.** del total de aislamientos resistentes a colistina, 41 fueron positivos para el gen mcr-1, distribuido en 7 departamentos. Este gen se identificó en *Escherichia coli* (n=33), *Salmonella Typhimurium* (n=3), *Klebsiella pneumoniae* (n=3) y *Enterobacter cloacae* (n=2). Los aislamientos mcr-1 positivos presentaron diferentes perfiles de sensibilidad y en algunos se detectó la presencia de betalactamasas de espectro extendido tipo BLEE (SHV, CTX-M, TEM) y AmpC plasmídicas.

**Conclusiones.** es necesario fortalecer la vigilancia e investigación epidemiológica a nivel comunitario de estos microorganismos para evitar la diseminación en instituciones hospitalarias.

### 13. Relación de la especie bacteriana hospedadora con la estabilidad y capacidad de diseminación de plásmidos con genes de resistencia a carbapenémicos.

Moscoso M, Castro B, Abril D, Corredor Z, Márquez R, Escobar J, Moscoso M.  
Universidad El Bosque. [mmoscosor@unal.edu.co](mailto:mmoscosor@unal.edu.co)

**Introducción.** Los plásmidos de resistencia a carbapenémicos pNDM-BJ01 y p06-1619-NDM (pNDM-BJ01-like) presentan diferencias en la maquinaria asociada a su persistencia. Se pretende establecer la relación entre estabilidad y costo metabólico asociados a su transporte en diferentes especies bacterianas.

**Materiales y métodos.** En el Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana - Universidad El Bosque, se realizó un estudio descriptivo-experimental en el que se analizó la estabilidad de los plásmidos pNDM-BJ01-like sobre sus cepas nativas (*Acinetobacter baumannii* y *Providencia rettgeri*) y transconjugantes *Escherichia coli* por cuantificación relativa de ADN plasmídico en crecimiento continuó durante 30 días. El costo metabólico asociado al transporte de los plásmidos se evaluó por comparación de curvas de crecimiento de las cepas con y sin los plásmidos NDM-positivos.

**Resultados.** El plásmido pNDM-BJ01 presentó menor estabilidad en *A. baumannii* en comparación con la observada en *E. coli*. En contraste, el plásmido p06-1619-NDM presentó mayor estabilidad en *P. rettgeri* en comparación con su estabilidad en *E. coli*, posiblemente debido a la incorporación de sistemas toxina-antitoxina. El transporte de los plásmidos pNDM-BJ01-like generó un costo metabólico en *E. coli* dado por la disminución en su capacidad de crecimiento cuando albergó dichos plásmidos. En *A. baumannii* no se observó cambio de su capacidad de crecimiento con o sin plásmido.

**Conclusiones.** La estabilidad plasmídica y el costo metabólico asociados al transporte de los plásmidos pNDM-BJ01-like con mecanismos de resistencia, presentó un comportamiento que es dependiente de la especie bacteriana que los alberga. Trabajo financiado por COLCIENCIAS y la Vicerrectoría de Investigaciones - Universidad El Bosque (proyectos 130871250819 y PCI-2012-330).

### 14. Detección de fenotipos hVISA/VISA en aislamientos de *Staphylococcus aureus* resistentes a metilicina (SARM) causantes de bacteriemia en nueve países de Latinoamérica.

Cubides P, Forero E, Reyes J, Carvajal L, Millán L, Hernández A, Seas C, Munita J, Arias C, Díaz S.  
Universidad El Bosque. Instituto de Medicina Tropical Alexander Von Humboldt. Facultad de Medicina Clínica Alemana Universidad del Desarrollo. University of Texas. [pcubides@unbosque.edu.co](mailto:pcubides@unbosque.edu.co)

**Introducción.** Vancomicina es una importante opción para el manejo de infecciones por SARM, sin embargo, preocupa la emergencia de resistencia y la falla terapéutica en aislamientos susceptibles y su posible asociación con fenotipos hVISA/VISA que no son detectables por pruebas convencionales de laboratorio por lo que su prevalencia tampoco está estimada. Nuestro objetivo fue determinar la prevalencia de fenotipos hVISA/VISA en aislamientos SARM vancomicina-susceptibles en nueve países Latinoamericanos.

**Materiales y métodos.** En este estudio prospectivo se incluyeron 537 aislamientos clínicos de SARM vancomicina-susceptibles (CMI90=1ug/mL), recuperados durante la vigilancia epidemiológica 2010-2015 en Argentina (60), Brasil (126), Chile (74), Colombia (40), Ecuador (29), Guatemala (74), México (17), Perú (84) y Venezuela (33). Para la detección de SARM-hVISA/VISA se realizaron pruebas de tamizaje en agar con BHI/Vancomicina [6 ug/mL y 4 ug/mL], Muller-Hinton/Teicoplanina [5 ug/mL] y GRD (*Glucopeptide Resistance Determination*) cuando alguno de los tamizajes fue positivo.

**Resultados.** Ningún aislamiento fue positivo por el tamizaje recomendado por CLSI (BHI/Vancomicina [6ug/mL]). Sin embargo, con BHI/Vancomicina [4 ug/mL] y Muller-Hinton/Teicoplanina [5 ug/mL] se detectó que el 24,2% (n=130) y 35,9% (n=193) respectivamente fueron positivos. Luego de realizar la prueba GRD se estableció que 9,1% del total de los aislamientos fueron SARM-hVISA/VISA presuntivos. Las prevalencias de este fenotipo por país fueron: Perú 31%, Chile 16,2%, Argentina 10%, Guatemala 4,1%, Brasil 0,8% y Ecuador 3,4%. En Colombia y Venezuela no se detectó este fenotipo.

**Conclusiones.** Por primera vez se reportan prevalencias de SARM-hVISA/VISA para la región, sin embargo, se requiere confirmación por la metodología estándar de Análisis Poblacional (PAP-AUC). Financiación: Colciencias código No.130874455850. Universidad El Bosque PCI2017-9510

### 15. Perfil de susceptibilidad de bacilos Gram negativos (BGN) resistente a carbapenémicos provenientes de una planta de tratamiento de aguas residuales (PTAR) de Antioquia 2017

Gómez I, Garzón L, Rodríguez EA, Jiménez JN.  
Grupo MICROBA. Universidad de Antioquia.  
[ivand.gomez@udea.edu.co](mailto:ivand.gomez@udea.edu.co)

**Introducción.** En los últimos años se han venido describiendo BGN resistentes a carbapenémicos en diferentes PTAR alrededor del mundo y recientemente en el país se reportó la emergencia de KPC en PTAR por lo cual el objetivo de este trabajo fue caracterizar el perfil de susceptibilidad de BGN portadores de blaKPC provenientes de una PTAR.

**Materiales y métodos.** Se tomaron muestras de agua de una PTAR entre enero y julio de 2017. Las bacterias fueron aisladas del chromID®CARBA e identificadas por 16S rRNA. Los análisis moleculares incluyeron la detección por PCR de las carbapenemasas blaKPC, blaNDM y blaOXA-48. La susceptibilidad se realizó con VITEK2.

**Resultados.** Se detectaron 142 BGN portadores de blaKPC, se seleccionaron 71 aislamientos, 26 *Aeromonadaceae* y 45 *Enterobacteriaceae* para establecer el perfil de susceptibilidad. Todas las *Enterobacteriaceae* mostraron resistencia a carbapenémicos y penicilinas+inhibidores, altos porcentajes de resistencia a ceftriaxona (88,9%) y ciprofloxacina (44,4%), la resistencia a otros antibióticos fue baja.

**Conclusiones.** De manera preocupante se observa una frecuencia alta multidrogoresistencia y gran diversidad de perfiles de susceptibilidad en los BGN portadores de KPC presentes en la PTAR, lo cual evidencia el papel de PTAR como reservorios y fuentes de diseminación de resistencia antimicrobiana a fuentes hídricas. Colciencias(111571149740). CODI(2017-17568)

### 16. Emergencia de Bacilos Gram negativos portadores de KPC una planta de tratamiento de aguas residuales (PTAR) de Antioquia.

Rodríguez EA, Morales S, Arias L, Jiménez JN.  
Grupo MICROBA. Grupo de Bioprocesos Microbianos. Universidad de Antioquia. [erika.rodriguez@udea.edu.co](mailto:erika.rodriguez@udea.edu.co)

**Introducción.** Las PTAR son consideradas un importante reservorio de bacterias resistentes. Colombia es un país considerado endémico para KPC, sin embargo, poco se conoce sobre su impacto en ambientes acuáticos. El objetivo de este trabajo fue determinar la presencia de Bacilos Gram negativos (BCG) resistentes a carbapenémicos provenientes de diferentes puntos de una PTAR.

**Materiales y métodos.** Entre febrero y julio de 2017 se realizaron muestreos en 6 puntos de la PTAR: afluente (A), tanques de aireación (TA), lodos de recirculación (LR) y efluente (E). Los BGN resistentes fueron seleccionados en chromID® CARBA y posteriormente identificadas por 16S rRNA. Las carbapenemasas blaKPC, blaNDM y blaOXA-48 fueron identificadas mediante PCR.

**Resultados.** Un total de 360 BGN fueron aislados del chromID® CARBA. La carbapenemasa blaKPC fue detectada en 142 de estos aislamientos, mientras que otras carbapenemasas no se detectaron, así mismo, se observó una mayor frecuencia de KPC en el afluente (49%) y efluente (44%) seguidas de LR (33%) y TA (31%). Los BGN portadores de KPC detectados fueron *Aeromonas ssp* (41%), *Enterobacter spp* (27%), *Raoultella sp.* (8%), *Klebsiella spp* (8%), *Citrobacter freundii* (6%), *Pantoea sp.* (5%), *Kluyvera spp.* (3%), *Escherichia coli* (2%) y *Pseudomonas sp.* (1%). En general, estas bacterias se detectaron en los diferentes sitios de muestreo, pero *Aeromonas spp.* se detectó con mayor frecuencia en los LR.

**Conclusiones.** Este estudio pone en evidencia la emergencia BGN portadores de KPC en una PTAR, lo cual advierte la capacidad de diseminación de este mecanismo de resistencia a otros ambientes diferentes al hospitalario. Colciencias(111571149740). CODI 2017-17568

## INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA

### 17. Caracterización de la enfermedad neumocócica invasiva por el serotipo 3 en pacientes pediátricos de Bogotá, Colombia 2008 - 2017.

Moreno V, Camacho G., Leal A, Patiño J, Gutierrez I, Alvarez M, Beltrán S, Barrero R, Mariño C, Espinosa F, Ramos N, Montañez A.  
Universidad de la Sabana; Red Neumocolombia. Universidad Nacional de Colombia. Fundación HOMI. Fundación. Hospital Infantil Universitario de San José. Clínica Infantil Colsubsidio. Fundación Cardioinfantil-Instituto de Cardiología. Clínica Pediátrica Colsanitas. Clínica Universitaria Colombia. Hospital Universitario Clínica San Rafael. Hospital Santa Clara. Hospital el Tunal. Hospital Militar Central. Clínica el Bosque. [neumocolombia@gmail.com](mailto:neumocolombia@gmail.com)

**Introducción.** La enfermedad neumocócica invasiva (ENI) es una causa importante de morbilidad y mortalidad infantil. El comportamiento epidemiológico de la ENI ha cambiado después de la introducción de vacunas conjugadas debido al cambio en la distribución de serotipos con un incremento de la prevalencia del serotipo 3. Existen pocos estudios en la región sobre ENI por serotipo 3. Este estudio busca caracterizar los pacientes con ENI por *S. pneumoniae* serotipo 3.

**Materiales y métodos.** Estudio de series de casos de tipo ambispectivo (2008–2017), en pacientes pediátricos admitidos en 10 hospitales de Bogotá con ENI por *S. pneumoniae* serotipo 3.

**Resultados.** Se registraron 465 casos de ENI, se obtuvo serotipo en 318 (68%). La prevalencia de ENI por *S. pneumoniae* Serotipo 3 es del 10,9% (35 casos), el cuarto en frecuencia después de los serotipos 19 A, 14, y 1. El 91,4% (32) de los casos eran menores de 5 años. 80% (28) se clasificaron como neumonía, 6 presentaron derrame pleural, 11,4% (4) bacteriemia y 8,5% (3) meningitis. Se observa incremento de 3,4% (4/116) en 2008-2011 a 11,8% (11/93) en 2012-2014 y 18,3% (20/109) en 2015-2017. Se obtuvo antibiograma en 30 aislamientos no meningeos, siendo 29(96%) sensibles a penicilina. La estancia hospitalaria promedio fue 18,12 días (2-74), 51,4%(18) ingresaron a unidad de cuidado intensivo, con una estancia promedio de 10,6 días (1-30). La tasa de mortalidad fue de 11,4% (4) todos tenían neumonía 3 de ellos complicada.

**Conclusiones.** La caracterización epidemiológica de la ENI causada por *S. pneumoniae* serotipo 3 evidencia una tendencia al aumento en el tiempo, con estancias hospitalarias prolongadas e ingreso a UCI.

#### 18. Caracterización de la enfermedad neumocócica invasiva por el serotipo 19a en pacientes pediátricos de Bogotá, Colombia, periodo 2008 – 2017.

Imbachi L, Camacho G, Contreras L, Leal A, Patiño J, Moreno V, Gutierrez I, Alvarez M, Beltran S, Barrero R, Mariño C, Espinosa F, Ramos N, Montañez A.  
Universidad Nacional de Colombia. Fundación HOMI; Fundación Hospital Infantil Universitario de San José. Red Neumocolombia. Universidad de la Sabana. Clínica Infantil Colsubsidio. Fundación Cardioinfantil-Instituto de Cardiología. Clínica Pediátrica Colsanitas. Clínica Universitaria Colombia. Hospital Universitario Clínica San Rafael. Hospital Santa Clara. Hospital el Tunal. Hospital Militar Central. Clínica el Bosque. neumocolombia@gmail.com

**Introducción.** La enfermedad neumocócica invasiva (ENI) es una causa importante de morbilidad y mortalidad infantil. En Colombia se administra PCV10 desde 2012. Se ha documentado un incremento de la prevalencia del serotipo 19A después de la introducción de vacunas conjugadas. En este trabajo se realiza la caracterización de pacientes con ENI serotipo 19 A.

**Materiales y métodos.** Serie de casos, tipo ambispectivo (2008–2017), en pacientes pediátricos de 10 hospitales de Bogotá con ENI. Se caracterizaron los pacientes con aislamiento de *Streptococcus pneumoniae* serotipo 1

**Resultados.** Se registraron 465 casos de ENI, 318 (68,3%) con serotipo conocido. La prevalencia de ENI por Spn19A es 17,6% (56 casos). El 89,2% (50) son menores de 5 años. 80% (45) fueron neumonía, 10,7% (6) bacteriemia primaria, 5,3% (3) meningitis y 3,5% (2) artritis/osteomielitis. 39 (69,6%) de los pacientes tenían esquema de vacunación con 3 dosis de PCV, 35 (89,7%) tenían PCV10. Se observa un incremento en la prevalencia en el tiempo de los casos de ENI por 19 A: entre 2008-2011 fue de 4,3% (5/116), 2012-2014 fue de 10,7% (10/93) y 2015-2017 fue de 37,6% (41/109). El 19,6% de los aislamientos de neumonía fueron resistentes a la penicilina. Los días de estancia hospitalaria promedio fue de 16 días (1 - 51), 23(41%) ingresaron a la unidad de cuidado intensivo, con una estancia promedio de 9,1 días (1 - 50). 6 (10,7%) pacientes fallecieron.

**Conclusiones.** Se evidencia una prevalencia de ENI por *Streptococcus pneumoniae* 19A con tendencia al aumento en el tiempo, con resistencia a penicilina y carga importante de enfermedad.

#### 19. Characterization of invasive pneumococcal disease in children over 5 years old, 2008-2016, in 10 hospitals of Bogotá, Colombia. Red Neumocolombia.

Leal A, Imbachi L, Contreras L, Camacho G, Patiño J, Moreno V, Gutierrez I, Alvarez M, Beltran S, Mariño C, Barrero R, Espinosa F, Ramos N, Montañez A.  
Universidad Nacional de Colombia. Fundación HOMI; Fundación Hospital Infantil Universitario de San José. Red Neumocolombia. Universidad de la Sabana. Clínica Infantil Colsubsidio. Fundación Cardioinfantil-Instituto de Cardiología. Clínica Pediátrica Colsanitas. Clínica Universitaria Colombia. Hospital Militar Central. Hospital Universitario Clínica San Rafael. Hospital Santa Clara. Hospital el Tunal. Clínica el Bosque. neumocolombia@gmail.com

**Introducción.** Invasive pneumococcal disease (IPD) is an important cause of infant morbidity and mortality and the burden of the disease has been well established. In patients older than 5 years, IPD has been related to risk conditions such as impaired immune function and anatomical problems. It was made an analysis of the clinical characteristics, microbiological profile and clinical results in pediatric patients with IPD older than 5 years old.

**Materiales y métodos.** Descriptive, ambispective study (2008 - 2016) in pediatric patients with IPD treated in 10 hospitals in Bogotá. We analyzed the data of patients between 5 and 18 years.

**Resultados.** 416 cases of IPD were recorded. 103(24.5%) are patients between 5 and 18 years old. 61.2%(63) are male. The diagnosis was pneumonia 60 (58.2%), bacteremia 23 (22.3%), meningitis 17 (16.5%) and other clinical presentations 3 (2.9%). Serotype was obtained in 69.9% (72) of the cases. The most frequent was serotype 1 (33.3%), 23F(5.5%), 6B(5.5%), 14 (5.5%), 19A(5.5%) , 4.3%(3) of the isolates were resistant to penicillin. 37 patients (35.9%) had some predisposing factors, systemic lupus erythematosus syndrome (SLE) was the most frequent. Vaccination information was obtained in 30.1% (31) Of these, 29% (9) had received pneumococcal vaccine. The average hospital stay was 15 days. 35(33.9%) were admitted to the ICU. The mortality was 7.7% (8).

**Conclusiones.** *Streptococcus pneumoniae* is an important cause of invasive disease in children over 5 years old, especially if they have predisposing factors. Vaccination should be implemented, especially in patients with risk factors.

#### 20. Neumonía complicada por *S. pneumoniae* en 10 hospitales pediátricos en Bogotá, Colombia; 2008 – 2016.

Beltran S, Mariño C, Gutierrez I, Camacho G, Leal A, Patiño J, Moreno V, Alvarez M, Barrero R, Espinosa F, Ramos N, Montañez A.  
Clínica Pediátrica Colsanitas. Clínica Universitaria Colombia. Hospital Militar Central. Clínica Infantil Colsubsidio. Universidad Nacional de Colombia. Fundación HOMI. Fundación Hospital Infantil Universitario de San José. Red Neumocolombia. Universidad de la Sabana. Fundación Cardioinfantil-Instituto de Cardiología. Hospital Universitario Clínica San Rafael. Hospital Santa Clara. Hospital el Tunal. Clínica el Bosque. neumocolombia@gmail.com

**Introducción.** La neumonía complicada por *S. pneumoniae* sigue siendo un importante problema y causa de morbi-mortalidad a nivel mundial. En Colombia se administra PCV10 desde 2012 La red Neumocolombia vigila la enfermedad neumocócica invasiva en pacientes pediátricos de Bogotá desde 2012.

**Materiales y métodos.** Estudio de serie de casos ambispectivo (2008-2016) en pacientes pediátricos admitidos en 10 hospitales de Bogotá con criterios de neumonía complicada (derrame para neumónico, empiema y neumonía necrosante). Se describen características epidemiológicas y clínicas.

**Resultados.** De 282 pacientes con diagnóstico de neumonía, 81 pacientes (28,7%) cursaron con neumonía complicada; en 2008-2011 correspondió a 23/111 (20,7) de los casos, en el segundo periodo 18/75 (24%) y en 2014-2016 40/96 (41,6) casos. El porcentaje de casos de neumonía complicada aumentó en el último periodo. 57 (70,3%) pacientes requirieron UCIP, 11(13%) pacientes fallecieron, de los pacientes que fallecieron 7 (63,6%) fueron menores de 24 meses, los serotipos más frecuentes en neumonía fueron 14, 19A, 1 y 3 respectivamente.

**Conclusiones.** Durante los últimos años, al igual que en otros países se observa un aumento absoluto de casos de neumonía complicada, con un mayor porcentaje en relación al número total de casos de neumonía. Se observa mayor requerimiento de UCIP y de muerte, asociado a aumento de los serotipos 3 y 19A en comparación a los años previos.

#### 21. Análisis molecular de *Bordetella pertussis* de casos confirmados de tosferina (1999-2016).

Montilla E, Moreno J.  
Instituto Nacional de Salud. emontilla@ins.gov.co

**Introducción.** La tos ferina es una enfermedad altamente contagiosa prevenible por vacuna causada por *Bordetella pertussis*. El objetivo fue conocer los genotipos circulantes en Colombia comparado con los de las vacunas disponibles.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo-retrospectivo, se seleccionaron 80 aspirados nasofaríngeos de casos confirmados de tosferina de 2016 y 67 aislamientos de *B. pertussis* de 1999-2016 provenientes de la vigilancia nacional por laboratorio del grupo de microbiología del Instituto Nacional de Salud los cuales fueron analizados por electroforesis de campo pulsado (PFGE) y tipificación de secuencias multilocus (MLST) de genes asociados a vacuna como pertactina (*prn*), subunidad 1 de la toxina pertussis (*ptxS1*), fimbria 3 (*fim3*) y la zona promotora de la toxina pertussis (*ptxP*).

**Resultados.** El genotipo frecuente a partir de los aspirados nasofaríngeos fue *prn2-ptxP3-ptxA1-fim3-1* (78,8%). El 28,75% de los aislamientos el genotipo fue (*prn2, NT*) - *ptxP3-ptxA1-fim3-1*. Los perfiles finales más frecuentes obtenidos por la combinación de PFGE+MLST fueron: CDC010-*prn2-ptxP3-ptxA1-fim3-1* (30%), CDC002-*prn2-ptxP3-ptxA1-fim3-1* (15%), CDC013-*prn2-ptxP3-ptxA1-fim3-2* (15%), con un índice de diversidad de Simpson para PFGE+MLST: D= 0,85 (IC:0,80-0,20) , MLST: D=0,51 (IC:0,36-0,66) y PFGE: D=0,75 (0,62-0,81). El uso de las técnicas PFGE+MLST fue más discriminatoria. Los alelos reportados de las vacunas (*prn1-ptxP1-ptxA2-fim3-1*; *prn7-ptxP2-ptxA4-fim3-1*, entre otras) difieren de los alelos hallados en las muestras colombianas lo que puede afectar a la eficacia de la vacuna.

**Conclusiones.** El estudio provee evidencia de la alta dominancia del genotipo *prn2-ptxP3-ptxA1-fim3-1* que difiere a lo reportado en otros países que realizan epidemiología molecular, indicando la probabilidad de una cepa autóctona.

## 22. Caracterización clínica, microbiológica y epidemiológica de la enfermedad neumococcica invasiva en población pediátrica de 10 hospitales de Bogotá, Colombia 2008-2017.

Camacho G, Leal A, Patiño J, Moreno V, Gutierrez I, Alvarez M, Beltran S, Barrero R, Mariño C, Espinosa F, Ramos N, Montañez A. Universidad Nacional de Colombia. Fundación HOMI. Fundación Hospital Infantil Universitario de San José. Red Neumocolombia. Universidad de la Sabana. Clínica Infantil Colsubsidio. Fundación Cardioinfantil-Instituto de Cardiología. Clínica Pediátrica Colsanitas. Clínica Universitaria Colombia. Hospital Universitario Clínica San Rafael. Hospital Santa Clara. Hospital el Tunal. Hospital Militar Central. Clínica el Bosque. [neumocolombia@gmail.com](mailto:neumocolombia@gmail.com)

**Introducción.** La enfermedad neumococcica invasiva (ENI), causa alta morbilidad y mortalidad en menores de 5 años. Colombia administra PCV10 desde 2012, la red Neumocolombia vigila la ENI en pacientes pediátricos de Bogotá.

**Materiales y métodos.** Estudio de series de casos de tipo ambispectivo (2008-2017) en pacientes pediátricos admitidos en 10 hospitales de Bogotá con ENI, se obtuvo información clínica, microbiológica y epidemiológica.

**Resultados.** De 465 pacientes, 192 (41,2%) fueron < 24 meses; 160 (34,4%) 24-59 meses; 113 (24,3%) >60 meses. Neumonía 309 casos (66,4%); bacteriemia 97 (20,8%); meningitis 44(9,4%) meningitis más neumonía 6 (1,3%) y otros 9 (1,9%); 180 (38,7%) pacientes requirieron UCI y 45 murieron (9,6%), de 415 aislamientos no meningeos se obtuvo antibiograma en 339, 276 (81,4%) fueron sensibles a penicilina. Se obtuvo serotipificación en 318 aislamientos (68,3%), los serotipos más frecuentes fueron 14 en 58 casos (18,2%), 19A en 56 casos (17,6%), y 1 en 42 casos (13,2%). Se observa disminución de la prevalencia de ENI por serotipo 14 de 35,3% (41/116) en el periodo 2008-2011 a 10% (11/109) en el periodo 2015-2017. Se observa incremento de serotipo 3 3,4% (4/116) en 2008-2011 a 11,8% (11/93) en 2012-2014 y 18,3% (20/109) en 2015-2017 y de 19A entre 2008-2011 fue de 4,3% (5/116), 2012-2014 fue de 10,7% (10/93) y 2015-2017 fue de 37,6% (41/109).

**Conclusiones.** La ENI más frecuente fue neumonía en menores de dos años existe disminución de prevalencia de los serotipos 14 y una emergencia de serotipos 19A y 3. Es importante vigilar la ENI después de la implementación de la vacunación en Colombia.

## 23. Caracterización de la indecisión frente a la vacunación en una muestra de adultos entre 20 y 40 años de la ciudad de Manizales (Colombia).

Hernandez J, Pérez J, Hincapié D, Echavarría L, Aponte L, López J, Valencia M, González S, Carvajal L, López S, Chimá C, Córdoba L, Gómez M. Universidad de Manizales. [GRAM. johanhdz03@gmail.com](mailto:gram.johanhdz03@gmail.com)

**Introducción.** Ante el crecimiento de indecisión y rechazo frente a las vacunas a nivel global, se hace necesario caracterizar este fenómeno en nuestra región. Este trabajo busca describir dicho problema en una muestra de adultos de Manizales.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, de corte transversal sobre una muestra no aleatoria de adultos entre los 20 y 40 años de la ciudad de Manizales. Se aplicó entrevista personal dirigida en 2016 con instrumento SAGE Working Group 2014. Se exploró la indecisión o rechazo frente a diferentes vacunas, así como los predictores demográficos y sociales mediante análisis descriptivo de variables categóricas y numéricas seguido de un modelo de regresión logística multinomial.

**Resultados.** Se entrevistó 167 adultos de la ciudad Manizales y se encontró menos de un 5% de la muestra exhibió indecisión/rechazo para la mayoría de las vacunas del PAI. Frente a vacuna del Virus Papiloma Humano (VPH) 31 adultos exhibieron indecisión y 8 rechazo sumando 23,4% de la muestra. El modelo multinomial encontró que tener nivel de educación superior, ser soltero, escuchar información negativa de la vacuna o sobre su seguridad, no saber en qué lugar aplican vacunas, predicen más del 90% de probabilidades de estar en el grupo de indecisos (R cuadrado de McFadden=0,94; p valor <0,001 para todos los predictores).

**Conclusiones.** En la ciudad de Manizales la indecisión frente a la vacuna del VPH es mayor que a las otras vacunas y los predictores son: tener nivel de educación elevado, ser soltero, haber escuchado información negativa de las vacunas y no conocer donde se aplican.

## 24. Caracterización de neumonía por *S. pneumoniae* en población pediátrica: estudio multicéntrico en Bogotá, Colombia; 2008 – 2016.

Gutierrez I, Beltran S, Mariño C, Camacho G, Leal A, Patiño J, Moreno V, Alvarez M, Barrero R, Espinosa F, Ramos N, Montañez A. Clínica Infantil Colsubsidio. Clínica Pediátrica Colsanitas. Clínica Universitaria Colombia. Hospital Militar Central. Universidad Nacional de Colombia. Fundación HOMI. Fundación Hospital Infantil Universitario de San José. Red Neumocolombia. Universidad de la Sabana. Fundación Cardioinfantil. Instituto de Cardiología. Hospital Universitario Clínica San Rafael. Hospital Santa Clara. Hospital el Tunal. Clínica el Bosque. [neumocolombia@gmail.com](mailto:neumocolombia@gmail.com)

**Introducción.** La neumonía bacteriana adquirida en la comunidad representa un importante problema de salud. Es la primera causa de mortalidad infantil en menores de 5 años. *S. pneumoniae* es el principal patógeno bacteriano. En Colombia se administra PCV10 desde 2012.

**Materiales y métodos.** Estudio de serie de casos de 2008-2016. Se tomaron casos de neumonía neumocócica en pacientes pediátricos en 10 hospitales de Bogotá. Se obtuvo información epidemiológica, microbiológica y clínica

**Resultados.** Se incluyeron 282 pacientes; 115 (41%) menores de 2 años. En 2014-2016 los serotipos más frecuentes fueron 19A con 28 (29,1%), 3 con 16 (16,6%) y 14 con 10 (10,4%) aislamientos. En el último periodo se observa un mayor número de muertes, necesidad de UCIP y neumonía complicada en comparación al periodo inicial; la mortalidad aumento de 9 (8,1%) en el primer periodo (2008-2010) a 12 (12,5%) en el último periodo (2014-2016); el ingreso a UCIP paso de un 33 (29,7%) en el primer periodo al 45 (46,8%) en el último periodo; igualmente los casos de neumonía complicada pasaron de un 23 (20,7%) a un 40 (41,6%) en el último periodo. El serotipo 14 fue el más aislado en neumonía complicada con 13(26,5%), el serotipo que más se relacionó con ingreso a UCIP fue 19A con 15 (41,6%); la resistencia a penicilina fue mayor en los aislamientos serotipo 19A 8/36 (22%). Cerca de la mitad del serotipo 3 y 19A requirieron manejo en UCIP.

**Conclusiones.** En el último periodo se observa aumento en el número de casos de neumonía y mayor severidad en posible relación con los serotipos circulantes

## INFECTOLOGÍA DE ADULTOS

### 25. Prevalencia de *Chlamydia trachomatis* en un grupo de mujeres bogotanas positivas para la infección por virus de papiloma humano en región anal.

Rodríguez D, Vargas H, García D, Gil J, Gómez S, Pinto C, Arce P, Subred Integrada de Servicios de Salud Norte ESE. Grupo Laboratorio de Salud Pública Secretaría de Salud de Bogotá. [havargas@saludcapital.gov.co](mailto:havargas@saludcapital.gov.co)

**Introducción.** El VPH es un agente viral asociado al desarrollo de procesos neoplásicos tanto a nivel cervical como anal, demostrando su importancia en salud pública. Se han asociado nuevos agentes patógenos a la infección del VPH como *Chlamydia trachomatis* (CT) (agente bacteriano de transmisión sexual más común en el mundo). Se cree que CT posee un efecto potenciador de las proteínas involucradas en la replicación y oncogenicidad del virus, considerándose un factor importante en procesos neoplásicos. Objetivo: Estimar la prevalencia de CT en un grupo de mujeres Bogotanas positivas para VPH en región anal.

**Materiales y métodos.** En este estudio descriptivo se analizaron frotis anales positivos para VPH de 108 mujeres de 18 – 58 años del programa de promoción y prevención de cáncer cervical de Bogotá. Se excluyeron mujeres

negativas a VPH y mujeres con verrugas o patologías benignas, infecciosas o malignas a nivel anorrectal.

**Resultados.** Se encontró una prevalencia global de CT de 4,6 %, así mismo el análisis de los genotipos de VPH relacionados con infección por CT determinó que el 60% poseían una infección única con VPH16 (34%) y VPH 51 y 73 (33% para cada uno). El 40% restante que poseían una infección múltiple; fue el genotipo de VPH61 quien presentó la mayor combinación con otros genotipos como VPH 62; 56; 53; 52; 51; 39; 26 y 6.

**Conclusiones.** Primer reporte colombiano de la presencia de CT en región anal de frotis positivos para VPH. Estos resultados permitirán fortalecer la vigilancia epidemiológica y las acciones encaminadas en enfermedades transmisibles en Bogotá.

## 26. Prevalencia de *Chlamydia trachomatis* y *Neisseria gonorrhoeae* en orina de hombres/mujeres sexualmente activos de la red pública del Distrito Capital.

Gómez S, Rodríguez D, Pinto C, Beltrán S, Arce P, Vargas H.  
Grupo Laboratorio de Salud Pública Secretaría de Salud de Bogotá.  
Subred Integrada de Servicios de Salud Norte ESE.  
havargas@saludcapital.gov.co

**Introducción.** Las infecciones de transmisión sexual (ITS) tienen un gran impacto en la salud reproductiva en hombres y mujeres. *Chlamydia trachomatis* (CT) y *Neisseria gonorrhoeae* (NG) son los principales patógenos bacterianos que las causan. Sin embargo, el principal obstáculo para la detección temprana de estas ITS en población sexualmente activa asintomática es la recolección de frotis vaginales, endocervicales, uretrales y de la zona balanoprepucial. Objetivo: Estimar la prevalencia de CT y NG en orina (muestra no invasiva) de hombres/mujeres 18-54 años sexualmente activos asintomáticos de la red pública del Distrito capital.

**Materiales y métodos.** En este estudio descriptivo prospectivo se analizaron por el sistema Cobas 4800 CT/NG Test (Roche) (n=501) orinas de hombres(n=250)/mujeres (n=251) de 18-54 años. Se excluyeron sintomáticos genitourinarios y gestantes.

**Resultados.** La prevalencia de CT en hombres y mujeres fue de 8.84% (IC95%: 5.62-13.07%) y 4.38% (IC95%: 2.21-7.71%) respectivamente. Se estableció la mayor positividad CT en hombres menores de 25 años (6.4%) mientras que en mujeres el mayor porcentaje de positividad fue en menores de 30 años (3.2%). Para NG se estimó la prevalencia en hombres de 1.20% (IC95%: 0.25-3.48%) y ningún caso reportado en mujeres, los 3 casos positivos de hombres se ubicaron en los rangos de menores de 25; 40-44 y de 50-54 años respectivamente

**Conclusiones.** Este es el primer reporte del país que busca la caracterización molecular CT/NG en una población sexualmente activa asintomática dentro de un programa de fortalecimiento de la vigilancia epidemiológica en la capital del país.

## 27. Prevalencia de *Chlamydia trachomatis*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Mycoplasma genitalum*, *Mycoplasma hominis*, *Ureaplasma urealyticum*, *Ureaplasma parvum* y *Trichomonas vaginalis*, en un grupo gestantes del tercer trimestre de Bogotá.

Pinto C, Gómez S, Rodríguez D, Beltrán S, Arce P, Vargas H.  
Grupo Laboratorio de Salud Pública Secretaría de Salud de Bogotá.  
Subred Integrada de Servicios de Salud Norte ESE.  
havargas@saludcapital.gov.co

**Introducción.** Las ITS en mujeres están asociadas causas de morbilidad y mortalidad, incluido el riesgo para presentar cáncer cervical, enfermedad pélvica inflamatoria, infertilidad y muerte prematura. Las mujeres en edad fértil positivas a ciertas ITS tienen mayor posibilidad de presentar embarazo ectópico, y en gestantes mayor frecuencia de aborto espontáneo, bajo peso al nacer, parto prematuro y muerte fetal.

**Objetivo:** Estimar la prevalencia de *Chlamydia trachomatis* (CT) *Neisseria gonorrhoeae* (NG), *Mycoplasma genitalum* (MG), *Mycoplasma hominis* (MH), *Ureaplasma urealyticum* (UU), *Ureaplasma parvum* (UP) y *Trichomonas vaginalis* (TV) en un grupo de mujeres en tercer trimestre de gestación de la red pública de Bogotá.

**Materiales y métodos.** En este estudio descriptivo prospectivo fueron analizados por la técnica Anyplex TM II STI-7 detection Seegene, un total de 95 concentrados urinarios de gestantes del tercer trimestre de 18-44 años, fueron excluidas gestantes con sintomatología asociada a ITS o infecciones de tracto urinario (ITUS).

**Resultados.** La positividad global para al menos un agente analizado en este estudio fue del 89% (n=85) (IC95%: 81.4-94.8%). La prevalencia de CT, NG, MH, MG, UU, UP y TV fue del 13.30% (IC95%: 13.3-30.62%); 2,11% (IC95%:0.26-7.48%); 34,7% (IC95%: 25.2-45.2%); 5,26% (IC95%: 1.77-12.1%); 35,70% (IC95%: 26.2-46.2%) ; 80% (IC95%: 70.5-87.5%) y 5,26% (IC95%:1.7-11.8%) respectivamente. Se observó mayor prevalencia de los agentes analizados en menores de 25 años, seguido en el grupo de edades comprendidas de 30-34 años.

**Conclusiones.** Nuestros datos soportan el uso de diagnóstico molecular de ITS en concentrados de orina de gestantes asintomáticas como apoyo a la vigilancia epidemiológica y mejora en la calidad de la atención a esta población en el Distrito.

## 28. Detección genérica y tipo específica de virus de papiloma humano en región anal en mujeres del programa de promoción y prevención de cáncer de cuello uterino de Bogotá.

Obando D, Barbosa V, Rodríguez D, Gómez S, Vargas H. Pinto C, Arce P, Salamanca S.  
Grupo Laboratorio de Salud Pública Secretaría de Salud de Bogotá.  
Subred Integrada de Servicios de Salud Norte ESE. Ginesalud IPS.  
havargas@saludcapital.gov.co

**Introducción.** El VPH puede llegar a infectar diferentes zonas anatómicas que posean tejido epitelial de transición como el cérvix, orofaringe, pene y región anorrectal. La mayoría de los casos de cáncer anorrectal están asociados a la infección por este virus. Sin embargo, en Bogotá-Colombia este tema aún no ha sido estudiado a profundidad.

**Objetivo:** Identificar por estrategias moleculares el VPH genérico y tipo específica en muestras anales de mujeres del programa de promoción y prevención de cáncer de cuello uterino de Bogotá.

**Materiales y métodos.** En este estudio descriptivo se recolectaron los citocepillados anales de 253 pacientes de 18 - 88 años de mujeres que asistieron a toma de citología dentro del programa de promoción y prevención de cáncer de cuello uterino. La identificación genérica y tipo específica se realizó usando la técnica Linear Array de Roche.

**Resultados.** La prevalencia global de la infección por VPH en región anal fue del 60.08% de las muestras positivas el 36.84% presentó genotipos de alto riesgo; el 26.97% de bajo riesgo, y el 36.18% de alto y bajo riesgo simultáneamente. El grupo de edad que presentó una mayor positividad (63.82%) oscilaba entre los 25 a 44 años.

**Conclusiones.** Debido a la alta prevalencia de VPH detectada en región anorrectal en mujeres del programa de promoción y prevención de cáncer cervical en el Distrito, surge la necesidad de implementar acciones desde salud pública que permitan hacer una identificación molecular del virus, con el fin disminuir el riesgo en el desarrollo de lesiones y cáncer anal en las mujeres capitalinas.

## 29. Factores asociados al conocimiento inadecuado en prevención de dengue en la población del distrito Tumán Lambayeque - Perú, 2016.

Herrera-segura M, Villegas-chiroque M, Díaz-Vélez C.  
Universidad de San Martín de Porres. Hospital Regional Lambayeque.  
Hospital Nacional Almanzor Aguinaga Aseño.  
cristiandiazv@hotmail.com

**Introducción.** Estudios previos señalan que una proporción importante de la población tiene inadecuados sobre prevención de dengue, por ello el objetivo es identificar los factores asociados a nivel de conocimientos inadecuado en prevención de dengue.

**Materiales y métodos.** Estudio transversal analítico, realizado en distrito de Tumán con 6813 habitantes, obteniéndose 277 de muestra con programa EPIDAT 3.1, nivel de confianza 95%, precisión 5%, proporción esperada 75% (conocimientos inadecuados obtenido por prueba piloto). Incluyéndose a personas 18-65 años, residencia > 1 año. El muestreo utilizado fue conglomerado bietápico, siendo los 9 sectores y cada manzana los conglomerados. Se utilizó instrumento validado por expertos y concordancia (kappa=0.95). Constó de 13 preguntas de conocimientos sobre prácticas (prácticas referidas y evaluadas). Siendo bajo conocimiento (0-17 puntos) y alto (18-32 puntos). Para procesamiento de datos se utilizó Stata 13.0.

**Resultados.** Se obtuvo un nivel de conocimiento inadecuado en medidas preventivas de dengue en el 56% de los pobladores. Encontrándose asociación con el nivel de conocimiento inadecuado a: edad de 31 a 40 años (RP:

1.31, IC95%:1.07-1.63), proceder de sector urbano (RP: 0.62, IC95%:0.43-0.89), instrucción superior (RP: 1.31, IC95%:1.07-1.63) y ser agricultor (RP: 1.06, IC95%:1.29-1.5).

**Conclusiones.** Se encontró que existe asociación y el inadecuado nivel de conocimiento de prevención de dengue a grupo etáreo 31-40 años, procedencia de sector urbano, instrucción superior y ocupación agricultor. Es necesario garantizar que las medidas educativas lleguen a estos grupos poblacionales.

### 30. Impacto del panel de meningitis/encefalitis (ME) FilmArray® (FA) en Pereira/Colombia.

Ordóñez K, Alzate J, Suárez O, Orozco D, Barón L, Bonilla I, Valladares L, Hasbun R.  
Hospital Universitario San Jorge de Pereira. Universidad Tecnológica de Pereira. University of Texas Health Science Center at Houston.  
karenmelissao@gmail.com

**Introducción.** La neuroinfección presenta una alta carga de morbilidad y mortalidad. Aproximadamente 50% de estas infecciones son idiopáticas. El impacto de la introducción del panel Biofire® FAME en Colombia es desconocido.

**Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo de pacientes adultos con sospecha de neuroinfección en un hospital de tercer nivel. La cohorte fue dividida en dos periodos, antes y después de la implementación del panel Biofire® FAME en mayo de 2016. Se comparó la etiología, decisiones terapéuticas y desenlaces entre los grupos. Los datos fueron analizados con el programa Stata® versión 14.

**Resultados.** 76 pacientes fueron incluidos. 72.4% fueron hombres, la mediana de edad fue 40.9 años. La comorbilidad más frecuente fue infección por VIH (47.4%); 54% ingresaron a unidad de cuidados intensivos y 29% murieron. De los 76 pacientes, 43 correspondieron al periodo después del panel. La confirmación de neuroinfección fue mayor con el uso del panel (13/33;39% vs 27/43;63%).

**Conclusiones.** La introducción del panel Biofire® FAME en un hospital con alta prevalencia de VIH mostró incremento en la identificación del agente etiológico y redujo la necesidad de terapia empírica.

### 31. Incidencia de infección por *Clostridium difficile* entre 2011-2017 en una institución de alta complejidad en Cali.

Oñate J, Rivera A, Pallares C.  
Centro Médico Imbanaco. icako@hotmail.com

**Introducción.** *C.difficile* es la primera causa de infección intrahospitalaria en Estados Unidos. En Colombia existen pocos estudios, pero se ha descrito como causa de diarrea entre 16-40% de pacientes hospitalizados. El objetivo de este estudio fue describir la incidencia de *C. difficile* en un centro hospitalario de alta complejidad durante 2011-2017.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo en pacientes con diarrea y prueba Xpert *C. difficile* (Cepheid, Sunnyvale, CA, EE. UU.) con el sistema GeneXpert® positiva durante 2011-2017. Se recolectó información sociodemográfica y clínica de la historia clínica y de los registros de laboratorio clínico, calculando densidad de incidencia por año y estableciendo proporciones de las variables.

**Resultados.** Durante 2011-2017 se recolectaron 49 casos, para una densidad de incidencia promedio de 2,12 casos x 10.000 días estancia por año. 14% eran de comunidad. La edad promedio fue 45 años, 47% mujeres y 53% hombres; 28% con malignidad hematológica; el promedio de días con diarrea fue 6; 87% con historia de uso previo de antibióticos (34% con dos y 20% con tres antibióticos distintos) siendo cefepime el más usado (30,1%); 51% requirieron UCI y la mortalidad global fue 16%.

**Conclusiones.** *C.difficile* es un microorganismo emergente. Se requiere indagar la epidemiología local para conocer su impacto en Colombia, realizar el diagnóstico temprano e implementar estrategias para evitar su diseminación. La aparición de los cuadros clínicos más severos está relacionada con inmunosupresión y uso de antibióticos, con una mortalidad importante.

### 32. Prevalencia y factores asociados a la colonización por *Streptococcus agalactiae* en gestantes atendidas en una institución de bajo nivel de complejidad de Manizales, Colombia 2016.

Barrios F, Machado J, Giraldo J.  
Universidad CES. Universidad Tecnológica de Pereira. Universidad Autónoma de Manizales. fabarrios@utp.edu.co

**Introducción.** Objetivo: Establecer la prevalencia de la infección por *Streptococcus agalactiae* en gestantes de 35 a 37 semanas; y las condiciones sociodemográficas y clínicas asociadas a la colonización por este germen en la población a estudio.

**Materiales y métodos.** Estudio de corte transversal de junio a diciembre de 2016, efectuado en ASBASALUD institución de bajo nivel de complejidad de Manizales, Colombia. Se incluyeron mujeres con edad gestacional entre 35 y 37,6 semanas. Previo consentimiento informado, se obtuvieron muestras a 134 participantes para cultivo específico de *Streptococcus agalactiae* mediante hisopados de introito vaginal y ampolla rectal, en medio chromID Strepto B agar. Los criterios de exclusión fueron: usuarias con hemorroides o ruptura prematura de membranas al momento del examen y aquellas que hubiesen usado antibióticos durante las 2 semanas previas a la toma de la muestra. Se identificaron variables sociodemográficas y obstétricas y se realizó análisis estadístico univariado y bivariado. Se estableció un modelo de regresión logística de ajuste.

**Resultados.** Participaron 134 gestantes, con edad promedio de 22,8± 5 años. Un total de 13 (9,7%) pacientes resultaron portadoras del germen. El 17,2% de las primigestas resultaron colonizadas versus un 2,9% de aquellas que tenían más de un embarazo previo, (OR: 7,07; IC95%:1,499-33,209; p=0,013).

**Conclusiones.** La prevalencia encontrada de colonización vagino-rectal por *Streptococcus agalactiae* es alta comparada con otros estudios nacionales e internacionales; dándose principalmente en mujeres jóvenes en su primera gestación y no se asocia con otras variables socio económicas y obstétricas; lo que podría cuestionar el tamizaje de rutina para multigestantes en la población estudiada.

## MEDICINA TROPICAL (INCLUYE ZONOSIS, MEDICINA DEL VIAJERO)

### 33. Confirmación serológica, detección molecular y aislamiento de *Toxoplasma gondii* en cuyes (*Cavia porcellus*) de la región sur de Colombia.

López-orozco N, Quiroz-bucheli A, Toro-Acevedo C, Dubey J, Cañón W. Sepúlveda-arias J.  
Universidad Tecnológica de Pereira. Universidad de Caldas. United States Department of Agriculture. natilo1283@gmail.com

**Introducción.** Existen pocos reportes en el país con relación a la prevalencia de *Toxoplasma gondii* en animales de consumo humano, a pesar de que estos son una fuente importante de transmisión de la infección. En este estudio se determinó la prevalencia de la infección por *T. gondii* tanto en sangre como en tejidos de cuyes (*Cavia porcellus*) criados en sistema tradicional en el sur del país.

**Materiales y métodos.** Se colectaron muestras de sangre y tejidos de 112 individuos en los departamentos de Nariño y Putumayo en el periodo abril-agosto de 2015 y octubre de 2017. El serodiagnóstico fue realizado mediante el Test de Aglutinación Directa Modificada (MAT) y la detección molecular mediante PCR convencional y PCR tiempo real. El aislamiento del parásito se realizó mediante bioensayo en ratón y cultivo celular.

**Resultados.** Se analizaron los sueros de 71 animales mediante MAT y se encontró una seropositividad a *T. gondii* del 30%, con títulos igual o superiores a 1:200. Muestras de músculo, corazón y cerebro de 76 cuyes fueron analizados por PCR convencional, obteniendo resultados positivos en 44 tejidos (44/228; 19,3%), correspondientes a 24 individuos (31,6%). En PCR tiempo real, se obtuvieron 35 tejidos positivos (35/228; 15,4%), correspondiente a 19 individuos (25%). El aislamiento de *T. gondii* fue posible en 18 animales (50,0%).

**Conclusiones.** Esta es la primera confirmación de la circulación de *T. gondii* en cuyes (*C. porcellus*) en la región sur del país, evidenciando su importancia en la potencial transmisión al hombre y otros animales domésticos y silvestres

### 34. Guillain-Barré Syndrome Associated with Zika Virus Infection in Honduras, 2016

Zambrano L, Fuentes-barahona I, Zuniga C, Da J, Rodriguez-morales A.  
National Autonomous University. National Autonomous University of Honduras. Hospital Escuela Universitario; Tegucigalpa. University of Health Science of Alagoas (UNCISAL). Universidad Tecnológica de P. ajrodriguezmd@hotmail.com

**Introducción.** Guillain-Barré syndrome (GBS) has been reported to be associated with Zika virus (ZIKV) infection in still relatively few studies in Latin America. This study aimed to describe the clinical profiles and the frequency of GBS associated with ZIKV during the ZIKV outbreak in Honduras in 2016.



**Materiales y métodos.** Observational study, where we recorded data from GBS meeting levels 1 or 2 of diagnostic certainty for the Brighton Collaboration, with proof of recent ZIKV infection and screening for other etiologies of GBS. Cases of Zika were clinically and laboratory confirmed (RT-PCR).

**Resultados.** We studied 107 cases of GBS. Of them, 6 (5.6%) were due to ZIKV infection, 1 (0.9%) ZIKV/DENV coinfection, 0.9% were positive for DENV IgM (negative by RT-PCR), 0.9% for CHIKV IgM (negative by RT-PCR) and 0.9% positive for RT-PCR for CHIKV. Mean age of patients was 34.9 years old, 58.9% male. Electrophysiological tests were consistent with the primary demyelinating form of the disease. Among those with ZIKV-GBS, mean age of patients was 35.4 years old, 67% male. Lag between symptoms and diagnosis was in a mean of 4.38 days (ranging 2-9 days), mean time at ICU was 14.5 days. Treatment comprised intravenous immunoglobulin (IVIg) in all the patients. Two patients required intubation and assisted ventilation. No fatal cases were reported.

**Conclusiones.** ZIKV infection is usually benign, although from our group we have reported fatal cases (Lancet Infect Dis). But in countries at risk of ZIKV epidemics, adequate intensive care bed capacity is required for management of severe GBS cases.

### 35. Esparganosis por *Spirometra proliferum*, potencial zoonosis emergente en reservorios silvestres de la selva paranaense, Misiones, Argentina.

Vizcaychipi K, Ledesma B, Cespedes G, Miyagi A, Argüelles C, Casas N, Dematteo K,

Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas; ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán"; Ministerio de Salud d. Rinas, M. Ministerio de Ecología y Recursos Naturales Renovables; Misiones. UOCCB - ANLIS "Dr. Carlos G Malbrán". GIGA-IBS (UNAM-CONICET) Nodo Posadas; Misiones. Coordinación de Zoonosis. Dirección Nacional de Epidemiología y Análisis de la Situación de Salud. Washington University in St. Louis and Wild-Care Institute-Saint Louis Zoo. kvizcaychipi@gmail.com

**Introducción.** Las especies del género *Spirometra* son cestodos con ciclos de vidas complejos y están involucradas en la esparganosis humana, enfermedad desatendida transmitida por alimentos de carácter emergente. Aunque algunas especies fueron reportadas en Sudamérica, la biología, taxonomía y epidemiología de estos parásitos son poco conocidas. Objetivo. Conocer la frecuencia de *Spirometra spp.* como foco potencial de zoonosis en reservorios silvestres de la selva paranaense.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo. Las muestras fecales de carnívoros silvestres (jagueté, puma, ocelote, oncolla y zorro pitoco) se obtuvieron de trabajos integrales realizados entre 2009 – 2016, dentro y fuera de áreas protegidas en la Selva Paranaense. Se emplearon perros detectores, análisis genéticos de heces para identificación de especie, individuo, sexo y tecnología SIG. Para la identificación parasitaria se realizaron estudios parasitológicos y moleculares utilizando el 11,7 % de las muestras.

**Resultados.** El uso de la genética permitió la confirmación exacta de 931 felinos y 37 cánidos. La prevalencia de *Spirometra spp.* fue del 50,4 %, registrándose también otros parásitos zoonóticos. Las formas adultas de *Spirometra spp* fueron confirmadas molecularmente como *S. proliferum*.

**Conclusiones.** La confirmación de *Spirometra spp.* y *S. proliferum* sitúa a esta zona de Selva Paranaense como un escenario potencialmente zoonótico de riesgo para poblaciones humanas en coexistencia. Este trabajo permitió obtener información exacta sobre las especies e individuos de carnívoros y taxones parasitarios, a partir de muestras de heces de hábitat selvático. Constituyendo un valioso aporte de información y herramienta para programas de control y vigilancia de enfermedades zoonóticas y preservación de fauna silvestre.

### 36. *Rickettsia cepa colombianensi* en garrapatas de reptiles de Córdoba.

Miranda J, Violet L, Contreras V, Monsalve S, Rodas J, Mattar S. Universidad de Córdoba. Corporación Universitaria Lasallista. Universidad de Antioquia. jorgemire@hotmail.com

**Introducción.** Las garrapatas pueden transmitir enfermedades zoonóticas de origen silvestre. Objetivo. Detectar *Rickettsia sp.* en garrapatas recolectadas de reptiles silvestres en Córdoba

**Materiales y métodos.** Entre el 2011 y 2014 en Montería, Cereté y Loricá, se recolectaron garrapatas de *Boa constrictor* (n=8), *Iguana iguana* (n=5), *Kinosternon scorpionoides* (n=2), *Bothrops asper* (n=1), *Liophis melanotus* (n=1), *Epicrates cerchria* (n=1), *Thamnodonastes pallidus* (n=1), *Imantodes cenchoa* (n=1) y *Trachemys callirostris* (n=1). Las garrapatas se clasificaron taxonómica-

mente y posteriormente se les realizó la extracción de ADN con QIAamp DNA Mini-Kit (QIAGEN, Valencia, CA). La detección de *Rickettsia sp.* se realizó por PCR tiempo real para el gen citrato sintetasa gltA y posteriormente por PCR convencional para gltA (401pb), y 16S rRNA (426pb). Los amplificados fueron purificados y secuenciados.

**Resultados.** Se recolectaron 805 *Amblyomma dissimile* de 21 reptiles; según el estadio 499 (61,98%) fueron ninfas, 173 (21,50%) machos, 96 (11,92%) hembras y 37 (4,60%) larvas. De los 805 ectoparásitos, se analizaron 180 garrapatas (34 pools). El ADN de *Rickettsia* fue detectado en 30 (88%) pools. Las muestras secuenciadas de gltA (n=9) mostraron secuencias 100% similares con *Rickettsia sp. cepa colombianensi* (GenBank: KF 905456) y 99% similares con *R. tamurae*. Las muestras secuenciadas para el gen 16s rRNA (n=2) mostraron una similitud del 100% con *R. cepa colombianensi* (GenBank: KF691750) y 99% con *R. rhipicephali* (GenBank: CP003342).

**Conclusiones.** *Rickettsia sp. cepa colombianensi* tiene >90% de infección en *A. dissimile*. Existe un riesgo potencial de transmisión de *Rickettsia* a los humanos que poseen de mascotas o trafican con reptiles de fauna silvestre.

### 37. Rickettsias del grupo de las fiebres manchadas y del grupo de tifo en el departamento de Caldas, Colombia

Hidalgo M, Martínez H, Betancourt P, Zapata-serna Y, Pérez J. Pontificia Universidad Javeriana. Universidad Católica de Manizales. Universidad de Caldas. hidalgo.m@javeriana.edu.co

**Introducción.** Las Rickettsias son bacterias intracelulares obligadas transmitidas principalmente garrapatas, pulgas y piojos. En Caldas se han reportado casos de tifo murino en algunos municipios de la región norte; se tienen datos de seroprevalencia contra *R. typhi* y *R. felis*, adicionalmente hay casos de síndrome febril asociados a rickettsias del grupo de las fiebres manchadas, a pesar de esto se desconoce la circulación de rickettsias del grupo de las fiebres manchadas y de *R. typhi* en todo el departamento. Objetivo: Establecer la frecuencia de rickettsiosis en pacientes con enfermedad febril aguda en Caldas

**Materiales y métodos.** Durante el 2017, se obtuvieron muestras de suero en fase aguda y en convalecencia a pacientes con enfermedad febril aguda. Las muestras obtenidas fueron procesadas por inmunofluorescencia con el kit Rickettsia IFA IgG (Focus) para la detección de anticuerpos frente a *R. rickettsii* y *R. typhi*. Se consideraron positivas aquellas muestras que presentaron un incremento de cuatro títulos entre la fase aguda y la de convalecencia.

**Resultados.** de 35 pacientes captados; dos muestras (5,7%) fueron positivas para rickettsias del grupo de tifo murino y dos (5,7%) positivas para rickettsias del grupo de las fiebres manchadas. Seis pacientes (17,1%) presentaron títulos de IgG superiores a 1:512 para rickettsias del grupo de tifo, y cinco (14,2%) presentaron estos mismos títulos para el grupo de las fiebres manchadas. Todos reportaron tenencia de animales domésticos, no se observó diferencia si procedían de zona rural o urbana

**Conclusiones.** Se confirma la presencia de enfermedad rickettsial en el departamento. Colciencias112765740609

### 38. Seroprevalencia e infecciones asintomáticas por dengue en niños y adultos sanos de diferentes zonas endémicas de Colombia.

Castro L, Coronel C, Calderón M, Porras A, Villamil W, Olano V, Velandia M, Castellanos J. Universidad el Bosque. Hospital Universitario de Sincelajo. Clínica Santa María. lorenacastro22@gmail.com

**Introducción.** El virus del dengue (DENV) se encuentra en el 66% del territorio nacional y ante la introducción de nuevas vacunas, se requiere una evaluación real de las infecciones y reinfecciones por este virus en el país. Este trabajo se propuso determinar la prevalencia de anticuerpos específicos contra DENV en diferentes regiones de Colombia

**Materiales y métodos.** Estudio de corte transversal descriptivo. Se visitaron entre 2013 y 2015 los municipios: Anapoima y Apulo (Cundinamarca), Buenaventura (Valle), Quibdó (Chocó), Sincelajo (Sucre), Tierralta (Córdoba), Tumaco (Nariño). Después de obtener los consentimientos informados, se tomó una muestra de sangre de 1318 individuos. El suero se procesó para detectar por ELISA los anticuerpos IgM e IgG específicas para DENV. Algunas muestras se procesaron para detección de RNA viral

**Resultados.** La prevalencia de anticuerpos IgG para niños (4-11 años) fue de 85.0% (IC:81.0-88.4), mientras que para el grupo de 12-25 años fue de 88.3% (IC:84.3-91.5), para el grupo de 26-45 fue de 91.4% (IC:88.0-94.0) y para el grupo >46 fue de 94.4% (IC:91.5-96.5) (p<0.05). Se encontró una

media de prevalencia de anticuerpos IgM de 14.8% y sorprendentemente se identificaron 111 individuos positivos para virus por RT-PCR, aunque ninguno de ellos con signos o síntomas de la enfermedad. Los serotipos detectados fueron DENV1 (37.8%) y DENV2 (43.2%) y coinfecciones DENV1/DENV2 (6.3%).

**Conclusiones.** Se confirmó la altísima seroprevalencia para dengue en zonas endémicas y la circulación activa en individuos asintomáticos, demostrándose el complejo panorama de esta enfermedad y el impacto que ello tiene para el uso de vacunas de dengue.

### 39. Determinación de la frecuencia de anticuerpos frente a *Rickettsias* del grupo de las fiebres manchadas en equinos en el departamento de Caldas.

Serna C, Yepes A, Zapata Y, Aricapa H, Pérez J, Hidalgo M.  
*Universidad de Caldas. Pontificia Universidad Javeriana.*  
 cristian.1711323063@ucaldas.edu.co

**Introducción.** Las rickettsiosis son enfermedades zoonóticas reemergentes transmitidas por artrópodos, responsables del síndrome febril agudo tanto en residentes como viajeros en zonas tropicales, en Colombia no son de notificación obligatoria. El norte del departamento de Caldas se ha caracterizado por presentar casos de enfermedad rickettsial asociadas con rickettsias del grupo tifo y de las fiebres manchadas. Los equinos pueden ser infectados con diferentes tipos de rickettsias por su exposición a garrapatas vectoras de estos microorganismos. El objetivo de esta investigación fue determinar la frecuencia de anticuerpos frente a rickettsias del grupo de las fiebres manchadas en equinos procedentes de los diferentes municipios de Caldas.

**Materiales y métodos.** entre los años 2015 a 2017, se obtuvieron muestras de sangre de equinos localizados en 25 municipios del departamento de Caldas; en las muestras obtenidas se determinó la presencia de IgG contra rickettsias del grupo de las fiebres manchadas (GFM), mediante la técnica de inmunofluorescencia indirecta (IFI)

**Resultados.** de 751 muestras analizadas, 202 (26.9%) fueron positivas para *Rickettsia amblyommi* y 106 (14.1%) fueron positivas para *R. rickettsii*. Los municipios con mayor seropositividad para *R. amblyommi* fueron Villamaría, San José y Aguadas; mientras que para *R. rickettsii* fueron Palestina, Villamaría, San José, Marulanda y Marquetalia. Solamente en dos municipios no se encontraron animales positivos (Norcasia y Riosucio)

**Conclusiones.** Los resultados obtenidos demuestran la presencia de rickettsias del grupo de las fiebres manchadas en Caldas, lo cual puede ser indicio del riesgo de presentación de fiebre manchada de las montañas rocosas en este departamento del país. Financiación: Colciencias, proyecto No. 112765740609

### 40. Estudio de Seroprevalencia de *Rickettsias* del grupo de las fiebres manchadas (GFM) en población rural humana de zonas priorizadas del departamento del Cauca (Colombia).

Martínez H, Betancourt P, Gil J, Olaya A, Benavides E, Villalba A, Hidalgo M.  
*Pontificia Universidad Javeriana. Universidad Libre; Seccional Cali.*  
 Universidad de la Salle. h-martinez@javeriana.edu.co

**Introducción.** La rickettsiosis es una entidad clínica de tipo zoonótico, actualmente una enfermedad desatendida de gran importancia para la salud humana y animal debido a la morbilidad y mortalidad asociada. En el presente trabajo se propuso evaluar la seroprevalencia de *Rickettsias* del (GFM) en población rural humana de zonas priorizadas del departamento del Cauca.

**Materiales y métodos.** Estudio de corte transversal, realizado en personas mayores de 18 años de zonas rurales priorizadas de 4 municipios del departamento de Cauca durante el segundo semestre del año 2017. Se recolectaron muestras de sangre de humanos, se detectó por Inmunofluorescencia indirecta anticuerpos IgG utilizando láminas antigenadas con cepa *Rickettsia rickettsii* Sheila Smith y se recolectó información clínica y demográfica para evaluar factores asociados.

**Resultados.** En cuatro municipios del departamento del Cauca, se priorizaron ocho zonas rurales, por la presencia previa de garrapatas y las características demográficas, en las cuales se incluyeron 506 personas para detección de anticuerpos IgG. Los resultados preliminares de la detección en la dilución 1:64, nos refleja una seroprevalencia del 80%.

**Conclusiones.** La rickettsiosis es una enfermedad olvidada, desatendida, pero no inexistente y estos resultados sumados a otros en el país, establecen una circulación activa de esta zoonosis, que tiene un gran impacto en salud humana y animal, por tal razón es importante el estudio de estas entidades ya que de esta manera se aporta información necesaria para la toma de decisiones relacionadas con su control y prevención. COLCIENCIAS (120374455209)

## VIROLOGIA

### 41. Individuos con infección sintomática presentan una mayor frecuencia de células T específicas contra las proteínas NS3, NS4B y NS5 de virus dengue

Torres K, Delgado F, Castellanos J, Romero M, Roth C,  
*Universidad El Bosque, Instituto Pasteur-Francia.*  
 karinatorrescaballero@gmail.com

**Introducción.** La infección con virus dengue puede ocasionar un amplio rango de manifestaciones clínicas en los humanos, donde el 70% cursan asintomáticos. Se ha evidenciado que la respuesta mediada por células T influye de manera contundente en la protección contra la infección. En este trabajo se pretende establecer si existen diferencias en la respuesta de células T específicas contra DENV entre individuos con evidencia de sintomatología clínica aparente o no.

**Materiales y métodos.** Para esto, se cuantificó la frecuencia de células T productoras de IFN- $\gamma$  y específicas en muestras de 49 donantes por ELISpot contra péptidos (regiones altamente conservadas entre los 4 serotipos y restringidos a los alelos HLA clase I más comunes en Colombia de un grupo de epítopes incluidos en un candidato a vacuna de DNA contra virus dengue del Instituto Pasteur (París, Francia)) de las proteínas virales NS3, NS4b y NS5 en células mononucleares de sangre periférica de individuos sanos.

**Resultados.** 35 de los 49 donantes fueron identificados como seropositivos y 8 de ellos reportaron haber tenido síntomas característicos de la enfermedad. Las frecuencias de células T específicas contra los péptidos NS5(522-531),NS3(203-211), NS3(245-254) y NS4b(342-350) en este grupo resultaron significativamente más altas.

**Conclusiones.** Aunque no es clara la correlación que existe entre una mayor respuesta de células T y el desarrollo de síntomas o formas graves de la enfermedad es necesario explorar la polifuncionalidad de esta respuesta celular para considerar su aporte en la protección o no contra la enfermedad.

### 42. Variabilidad de la secuencia IRES en aislados Colombianos de Pegivirus Humano tipo-1

Villarreal A, Cortes F, Arroyave J, Ospina M, ITM,  
*Universidad de Antioquia. andy.kas15@gmail.com*

**Introducción.** El Pegivirus Humano tipo-1 (HPgV-1) pertenece a la familia Flaviviridae. En el extremo 5' (5UTR) del genoma está el sitio interno de entrada Ribosomal (IRES), indispensable en la traducción de la poliproteína viral. El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de las mutaciones según la estructura IRES en tres genotipos del HPgV-1 identificados en Colombia.

**Materiales y métodos.** Se incluyeron 41 secuencias de la región SUTR del HPgV-1 disponibles, correspondientes a los genotipos 1, 2 y 3. De estas secuencia, 17 fueron aisladas de población amerindia, y 24 de donantes de sangre con marcadores de infección para Virus de la Hepatitis (HBV o HCV) o HIV. El prototipo U36380 fue usado como referente de la estructura IRES, mientras que 15 secuencias de referencia fueron utilizadas para la generación de consensos. Se delimitó el segmento a estudio y se alineó usando Bioedit v7.0.5. SPSS Windows v25.0/2018 se utilizó para análisis estadístico.

**Resultados.** Se encontraron mutaciones de tipo inserción, mayormente en secuencias del genotipo 2 y 3 de donantes coinfectados por HIV. Dos deleciones no previamente reportadas fueron identificadas. Las mutaciones se concentraron en dominios 3 y 4 del IRES.

**Conclusiones.** Primer análisis en secuencias colombianas del HPgV-1 que correlaciona la variabilidad en SUTR con la localización en la estructura IRES. Se encontraron diferencias por genotipo y población analizada. El significado biológico deberá ser investigado en modelos in vitro. Dirección de Investigaciones Grant ITM P14225.

### 43. Co-circulación de dos linajes del virus del distemper canino (cdv) en Colombia.

Duque-Valencia J, Díaz F, Ruíz-Saenz J,  
*Grupo de Investigación en Ciencias Animales - GRICA; Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia; Universidad Cooperativa de Colombia, Grupo Inmunovirología. Universidad de Antioquia.*  
 julian.ruiz@campusucc.edu.co

**Introducción.** El CDV produce enfermedad multisistémica en perros domésticos y animales silvestres, incluso infecta a células humanas en condiciones in vitro. La clasificación filogenética con el gen de la Hemaglutinina

reporta 16 linajes con un patrón de distribución geográfico. En Medellín circula el linaje Suramérica 3, el cual es endémico. El objetivo del presente trabajo fue Caracterizar el CDV de cepas circulantes en Colombia por medio de secuenciación de genoma completo y de diferentes regiones génicas de Importancia.

**Materiales y métodos.** Se recolectaron 27 muestras de perros positivos a CDV, se realizó extracción de RNA. Se realizó RT-PCR del gen H y genoma completo. Las secuencias se analizaron utilizando los programas MEGA-7, Mr Bayes, ClustalW, NetNGlyc1.0, Palm4.0, Sim-Plot3.5.1. y se compararon con secuencias del GenBank y de otras regiones del país.

**Resultados.** Análisis filogenéticos de los genes F, H y genoma completo por los métodos de *Neighbor Joining*, Maximum Likelihood y análisis bayesiano evidencian la circulación en Medellín de dos linajes diferentes: Suramérica 3 y un nuevo linaje no descrito en el país el cual se encuentra evolutivamente relacionado con cepas reportadas en Ecuador y en fauna silvestre en los Estados Unidos el cual denominamos Suramérica 4.

**Conclusiones.** El CDV en Colombia posee una de las mayores diversidades genéticas reportadas en el mundo y amplía la posibilidad de que pueda convertirse en un problema tanto de salud animal para poblaciones domésticas y silvestres, potencialmente pudiendo llegar a ser una zoonosis. COLCIENCIAS-123171249669. MINAMBIENTE Contrato 132/2016-RGE177

#### 44. T cell epitope mapping of Zika virus polyprotein in human blood samples

Delgado F, Torres K, Castellanos J, Romero C, Simon-Lorière E, Sakuntabhai A, Roth C,  
Universidad El Bosque, Instituto Pasteur. fegidel@gmail.com

**Introduction.** Zika virus (ZIKV) is a mosquito-borne virus of the Flaviviridae family notably related to dengue virus (DENV). To date, whereas a large number of T-cell epitopes have been identified for DENV, the antigenic regions of ZIKV recognized by human T cells are just beginning to be identified. Likewise, little has been shown about the T-cell epitopes that are specific or shared between both of these viruses.

**Materials and methods.** Using PBMC from blood donors living in an endemic area in Colombia (with either previous history of DENV/ZIKV or ZIKV infection), we have identified ZIKV epitopes by screening T-cell responses against 15-mer overlapping peptides spanning the entire ZIKV proteome by IFN-gamma-enzyme-linked immunospot (ELISPOT) analysis.

**Results.** Our results show that the non-structural proteins NS1, NS3 and NS5 contain most of the immunodominant peptides that induce a strong T-cell response. T cells from donors that share at least one HLA allele recognized a limited number of peptides in these antigenic regions. Interestingly, in donors with a history of DENV infection, specific peptides were also identified as DENV CD8+ T-cell epitopes. More strikingly, the strongest T-cell responses observed in these donors correspond to sequences with a high level of amino acid identity with the four serotypes of DENV, strongly suggesting the activation of cross-reactive T-cells in this context.

**Conclusions.** In conclusion, this study provides new insights into T-cell responses to ZIKV and identify in immune individuals, T-cell epitopes that are unique to ZIKV or shared with DENV that could be used for future ZIKV and DENV vaccine candidates.

#### 45. Potente inhibidor de la actividad metil-transferasa del Virus Dengue identificado a través de Docking molecular

Trujillo A, Ochoa R, Martínez-Gutiérrez M, Robledo S, Osorio J,  
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET,  
Universidad de Antioquia, Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia, Department of Pathobiological Sciences. University of Wisconsin.  
marlen.martinezg@campusucc.edu.co

**Introducción.** Herramientas bioinformáticas se han utilizado para encontrar posibles inhibidores específicos contra el DENV. Por ello, el objetivo de este trabajo fue evaluar el mecanismo antiviral de compuestos identificados por Docking, sobre la infección por DENV en un modelo in vitro e in vivo.

**Materiales y métodos.** Se realizaron ensayos de Docking para identificar ligandos teóricos para el dominio metiltransferasa de la proteína NS5 y se seleccionaron tres de las moléculas con mayor afinidad. La citotoxicidad de los compuestos se evaluó en células VERO y U937 utilizando el ensayo MTT. La actividad antiviral se evaluó en los cuatro serotipos DENV. El compuesto con mejores resultados in vitro se evaluó in vivo en el modelo animal de ratón A129.

**Resultados.** De las 60485 moléculas analizadas se sintetizaron 3 (DOCK1, DOCK2 y DOCK3) una de las cuales puede unirse al sitio catalítico de la actividad metiltransferasa de NS5. De los tres compuestos uno mostró bajos niveles de citotoxicidad y una actividad antiviral significativa a diferentes MOIs (porcentajes de inhibición entre 50 y 82 dependiendo de la MOI). Por otro lado, la inhibición es dependiente de la línea celular evaluada y del serotipo viral, siendo mayor en las células VERO infectadas con el serotipo 2. In vivo se observó disminución de la viremia con algunos cambios clínicos e histopatológicos significativos entre el tratamiento y el control.

**Conclusiones.** Los resultados de nuestro estudio demuestran que la combinación de un estudio virtual y la validación en el laboratorio es un enfoque viable para el descubrimiento de nuevos agentes antivirales.

#### 46. Actividad antiviral de Flavivir contra Virus Dengue, Zika y Chikungunya in vitro e in vivo

Trujillo A, Weger-Lucarelli J, Martínez-Gutiérrez M, Robledo S, Osorio J,  
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET,  
Universidad de Antioquia, Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia, Department of Pathobiological Sciences, University of Wisconsin.  
marlen.martinezg@campusucc.edu.co

**Introducción.** Las enfermedades producidas por los virus del Dengue (DENV), Chikungunya (CHIKV) y Zika (ZIKV), son producto de la picadura de un mosquito hembra del género Aedes que se encuentre infectado con el virus. Las enfermedades producidas por estos virus han cobrado gran importancia en las Américas en los últimos años. El objetivo de este estudio fue evaluar la actividad antiviral de Flavivir (FLV) sobre la replicación de DENV, CHIKV y ZIKV en un modelo in vitro e in vivo.

**Materiales y métodos.** La citotoxicidad del compuesto se evaluó en células A549, BHK-21, MRC-5 y VERO utilizando el ensayo MTT. La actividad antiviral se evaluó antes de la inoculación (pre-tratamiento), durante la inoculación (trans-tratamiento) y después de la inoculación (post-tratamiento). En el modelo in vivo el compuesto se administró en ratones C57BL/6 (CHIKV) y AG129 (DENV) y 12 SJL (ZIKV)

**Resultados.** In vitro, se observó una inhibición de la infección dosis dependiente en cada modelo viral. In vivo, el tratamiento redujo la viremia y la inflamación de la pata en ratones C57BL/6 infectados con CHIKV. Adicionalmente se redujo la producción de algunas citoquinas pro-inflamatorias. La viremia también se redujo en ratones infectados con ZIKV y tratados con FLV. Finalmente no se observaron diferencias significativas en la viremia en los ratones infectados con DENV.

**Conclusiones.** FLV es un potente antiviral para DENV, CHIKV y ZIKV en diferentes líneas celulares observándose un mayor efecto en células no deficientes de interferón. El tratamiento antiviral fue efectivo para CHIKV y ZIKV pero no para DENV.

#### 47. Evaluación de un test serológico de zika en un área endémica de flavivirus en el Caribe colombiano.

Arrieta G, Villero Y, Bosh I, Mattar S,  
Corporación Universitaria del Caribe-CECAR, Universidad de Córdoba,  
MIT; Lee Gerhke Laboratory; Boston; USA. yeneirvillero@hotmail.com

**Introducción.** En países endémicos de enfermedades transmitidas por vectores, una prueba serológica confiable para el diagnóstico de arbovirus, son decisivas para impulsar los programas de salud pública. Objetivo. Evaluar la sensibilidad y la especificidad de una prueba comercialmente disponible para la detección rápida de anticuerpos IgM e IgG contra ZIKV.

**Materiales y métodos.** Metodología: Se analizó la prueba rápida Zika Virus IgG/IgM Antibody Rapid Test, (Numero B815C, Biocan®, Canadá). Para establecer la especificidad se evaluaron 30 sueros de pacientes en fase aguda de dengue, leptospirosis, malaria, hantavirus y Chikungunya, todos recolectados en Colombia entre 2012 y 2014, cuando no circulaba de Zika en Colombia. Para establecer la sensibilidad, se analizaron pacientes con Zika qRT-PCR positivo (n = 11) y pacientes qRT-PCR negativos pero con sospecha clínica de Zika (n = 10). Además, para detectar la presencia de IgG/IgM en diferentes momentos después de la infección, se evaluaron sueros de pacientes en fase convalescente (3 semanas - 7 meses).

**Resultados.** Resultados: La sensibilidad de la prueba en pacientes con qRT-PCR positiva fue de 63.8% (n = 7/11) y en pacientes con alta sospecha clínica de Zika pero qRT-PCR negativa fue del 80% (n = 8/10). La sensibilidad de IgM en pacientes en fase convalescente fue del 83% (n = 10/12). La espe-

cificidad fue del 20.6% (7/34). El valor predictivo positivo y el valor predictivo negativo fueron 35.7% y 20.6% respectivamente.

**Conclusiones.** la prueba de IgG/IgM de ZIKV tiene sensibilidad adecuada para muestras agudas y convalescentes, pero una baja especificidad. Financiado por Colciencias, Código 111271250545.

#### 48. Análisis del genoma de Chikungunya demuestra diferentes rutas de introducción del virus en Colombia.

Villero Y, Puerta A, Arrieta G, Hoyos R, Muskus C, Mattar S, Universidad de Córdoba, Universidad de Antioquia, Corporación Universitaria del Caribe-CECAR, Universidad del Sinú  
yeneirsvillero@hotmail.com

**Introducción.** Chikungunya virus (CHIKV) es un problema de salud pública por su alta morbilidad. Objetivo. Determinar las relaciones filogenéticas y posibles rutas de introducción del CHIKV aislado en Colombia.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de tipo retrospectivo a partir de muestras recolectadas en el año 2014, durante el brote de CHIKV en Bolívar, Sucre, Córdoba, Risaralda, Cauca y Huila. Las muestras de suero fueron cultivadas en células C6/36 y Vero. El genoma completo de los CHIKVs fue secuenciado con Hi-seq 2500 (ilumina®), y se ensamblaron empleando el software Iterative Virus Assembler. Los análisis filogenéticos se realizaron con 173 cepas de origen mundial a través del software BEAST versión 1.8.4.

**Resultados.** Las secuencias colombianas se agruparon en el genotipo asiático, pero en 3 subclados con cepas de orígenes geográficos distintos: la cepa panameña fue cercana a las del Caribe colombiano y Huila; la cepa de Nicaragua fue detectada en Risaralda y Cauca; y la cepa de St. Barts se desconoce en qué parte de Colombia fue detectada, ya que en Gen-Bank no aparecen los sitios donde se presentaron los casos clínicos. Las cepas tienen mutaciones específicas que las diferencian de otras cepas asiáticas: la mutación Nsp2-V153A fué única para las cepas de Panamá, Caribe Colombiano y Huila; en contraste, las mutaciones Nsp2-Y543, Nsp2-G720A y Nsp3-L458P solo estuvieron presentes en las cepas de Nicaragua, Risaralda y Cauca.

**Conclusiones.** El CHIKV en Colombia provino de tres sitios geográficos diferentes, lo que ocasionó que el brote tuviera una variedad de cepas. Estudio financiado por Colciencias, Código 111271250545.

### EPIDEMIOLOGIA HOSPITALARIA, INFECCIONES INTRAHOSPITALARIAS Y CONTROL DE INFECCIÓN

#### 49. Factores de riesgo asociados a infección por Bacilos Gram Negativos productores de metalobetalactamasas en el Hospital Militar Central, años 2013 a 2017.

Bravo J, Pescador L, Gonzalez M, Perez J, Alfonso H, Pinzon L, Caceres L, Morera C Suárez J, Mantilla B, Gomez J, Gomez C,  
Hospital Militar Central - GREINMIL. jbravojeda@gmail.com

**Introducción.** El advenimiento de patógenos con perfil de resistencia a betalactámicos mediante expresión de metalobetalactamasas (MBL) constituye uno de los principales problemas de salud pública. La literatura mundial registra algunos factores de riesgo identificados para estos microorganismos. En el presente trabajo se describen los factores de riesgo identificados en el Hospital Militar Central.

**Materiales y métodos.** Estudio de casos y controles realizado en pacientes adultos, institucionalizados en Hospital Militar Central durante años 2013 a 2017.

**Resultados.** Se incluyeron 22 casos y 60 controles en el análisis. *P. aeruginosa* fue el microorganismo más aislado; VIM se documentó en 59,06%. Comparado con los controles, los casos de MBL tuvieron una media de días de Ventilación Mecánica Invasiva mayor (6,9vs2,74 p<0,05), días de NPT mayor (8,31vs0,84 p<0,05), días de carbapenémicos mayor (6,5vs4,61 p0,04), días de aminoglucosido mayor (1,04vs0,2 p0,02) y días de cefepime menor (0,81vs1,06 p0,03). El aislamiento de *K. pneumoniae* tuvo una probabilidad más alta de mortalidad comparado con aislamiento de otros BGN (OR 11,83; 95% CI 1,40-99,6). El aislamiento de germe MBL aumenta el riesgo de mortalidad en más de 5 veces con respecto a los pacientes sin dicho aislamiento (OR 6,22; 95% CI 1,05 36,8).

**Conclusiones.** La identificación de factores de riesgo en pacientes con infección por Bacilos Gram Negativos productores de MBL, permitirá su rápido diagnóstico, caracterización epidemiológica y tratamiento específico. Agradecimientos: Laboratorio Biomerieux - Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM).

#### 50. Abordaje de un brote de *Acinetobacter baumannii* multidrogo - resistente en una institución de salud de Colombia, julio 2017 a enero de 2018.

Pinto-Díaz C, Rivera S, Pardo M, Victoria M, Karina M,  
Instituto Nacional de Salud, Equipo de Vigilancia de Infecciones Asociadas a la Atención en Salud (IAAS). Facultad de Medicina Universidad de los Andes. Dirección de Redes en Salud Pública.  
carlosa.pinto@urosario.edu.co

**Introducción.** Este estudio describe un brote causado por *Acinetobacter baumannii* multidrogo - resistente, que involucró quirófanos de una institución de salud en Colombia, durante julio 2017 a enero 2018.

**Materiales y métodos.** Se definió caso a paciente intervenido quirúrgicamente con signos y síntomas de infección local o sistémica y cultivo positivo para *A. baumannii* resistente a carbapenémicos. Se revisaron datos clínicos y de laboratorio de los casos y se construyó la ruta sanitaria de atención. La información fue registrada en un formulario estandarizado. Mediante análisis univariado en IBM® SPSS® Statistics versión 24.0, se calcularon frecuencias absolutas y relativas para variables cualitativas. La identificación microbiológica se realizó por Vitek 2.0. Perfil de sensibilidad por Kirby Bauer y clonalidad por Diversilab.

**Resultados.** Se identificaron 12 casos de infecciones asociadas a procedimientos médico - quirúrgicos. La curva epidémica mostró dos brotes con un intervalo de dos periodos epidemiológicos y una fuente común. El 83% de casos fueron masculino y el 66% eran mayores de 39 años. La mortalidad asociada fue de 42% y se identificó relación entre la atención sanitaria en quirófanos y el desarrollo del brote. Los aislamientos fueron multiresistentes con OXA 23 y OXA 51, y clonales con un 98.4% de similitud.

**Conclusiones.** La correcta caracterización de casos y su ruta sanitaria de atención, logró establecer los posibles factores de riesgo y orientar medidas de control, que ayudaron a contener efectivamente el brote por *Acinetobacter baumannii* multidrogo - resistente en la institución de salud.

#### 51. Investigación de brote de *Ralstonia mannitolilytica* en una unidad de hemodiálisis en Colombia 2017- 2018.

Rivera S, Zabaleta G, Ovalle M, Pardo M, Diaz P, Mosquera Y, Campos M, Rodriguez M, Diaz J, Padilla A, Duarte C, Moreno J, Prieto F,  
Instituto Nacional de Salud, Secretaría Departamental de Salud del Valle, Secretaria de Salud de Bogotá. sandra986@gmail.com

**Introducción.** *Ralstonia mannitolilytica* es un bacilo Gram negativo oportunista relacionado con soluciones contaminadas. El objetivo fue investigar un brote de *Ralstonia spp* de cuatro sedes de una unidad de diálisis para detectar fuente y establecer medidas de control.

**Materiales y métodos.** Estudio transversal en pacientes de cuatro sedes de una unidad de diálisis de tres ciudades, entre diciembre de 2017 y febrero de 2018. La definición de caso fue paciente con fiebre o escalofrío y hemocultivo positivo para *Ralstonia spp*. Se recolectó información clínica, epidemiológica y de los medicamentos administrados antes del cultivo positivo. Se supervisaron medidas de control de infecciones. Se seleccionaron 34 aislamientos para su confirmación con espectrofotometría de masas (Maldi-TOF). La susceptibilidad antimicrobiana fue analizada con E-test y genotipificación por electroforesis en gel de campo pulsado.

**Resultados.** Se detectaron 138 casos. La curva epidémica mostró fuente común intermitente. El 96% tenía catéter central (tasa de ataque 22%). Se identificaron debilidades en higiene de manos, preparación de medicamentos y calidad del agua en las máquinas de diálisis. Los casos fueron expuestos a jeringas precargadas con heparina. Fueron recuperados aislamientos de *R. mannitolilytica* en 31 pacientes y 3 lotes de heparina, clonales, con similitud genética de 97,68%. Los aislamientos eran resistentes a carbapenémicos y aztreonam.

**Conclusiones.** Se confirmó brote por *R. mannitolilytica* cuya fuente de infección se asoció a la administración de heparina sódica contaminada prevenida. Con la suspensión de su uso, fue controlado el brote.

#### 52. Impacto de estrategias combinadas, en el control de un brote por *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos, en una institución Universitaria nivel III Cali, Colombia 2018.

Ossa S, Alvarez J, Rios K, Coll B, Martínez E,  
Hospital Universitario del Valle Evaristo Garcia E.S.E.  
sandrillianaossa@hotmail.com

**Introducción.** La resistencia a carbapenémicos por *K. pneumoniae* ha incrementando las tasas de morbimortalidad hospitalaria en Colombia y el mundo. De igual forma, acrecienta la estancia hospitalaria y propicia el uso de antimicrobianos de amplio espectro que elevan los costos y favorecen resistencias bacterianas. Por lo que es fundamental, la vigilancia y monitoreo continuo a nivel intrahospitalario.

**Materiales y métodos.** Estudio de corte transversal descriptivo de un brote en UCI. Objetivo: Describir control del brote de *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos, por medio intervenciones que incluyeron identificación de casos, aislamientos, cohorte y educación, en institución Universitaria nivel III Cali 2018. Definición caso: paciente colonizado e infectado con *K. pneumoniae* con cultivo y Test de Hodge positivo sospechoso de carbapenemasas.

**Resultados.** Identificación de 14 casos (8 infectados y 6 colonizados) en 3 UCIs con capacidad total de 38 pacientes, tasa de ataque 15.5%(14/90) y Tasa de letalidad 57,1%(8/14), que iniciaron el 02/01/18 hasta el 19/04/18, para un total de 107 días, sin nuevos aislamientos relacionados al brote. Se extremaron medidas de control (higiene de manos, limpieza y desinfección), aislamiento de contacto y cohorte, terapia antibiótica dirigida, tipificación de cepas, dotación de insumos, búsqueda activa de pacientes colonizados, cultivos en superficies, intervenciones educativas sobre prácticas seguras. Logrando erradicar el brote con ausencia de nuevos aislamientos en 82 días.

**Conclusiones.** La intervención multifactorial es efectiva en el control de brotes por *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos en UCI.

### 53. Implementación de una estrategia de limpieza y desinfección del ambiente y equipos y dispositivos biomédicos en una institución hospitalaria de Colombia.

Pallares C, Villegas M, Venté E, Díaz M, Quiñonez Y, Morales V, Franco A, Centro Médico Imbanaco. [icako@hotmail.com](mailto:icako@hotmail.com)

**Introducción.** Limpieza y desinfección son fundamentales en prevención y control de infecciones. Sólo recientemente su importancia como fuente de colonización y transmisión cruzada entre pacientes ha sido reconocida y estudiada. El objetivo de este estudio fue implementar una estrategia de limpieza y desinfección del ambiente en el Centro Médico Imbanaco de Cali.

**Materiales y métodos.** Se hizo evaluación y actualización de protocolos de limpieza y desinfección; se construyeron procedimientos operativos estándar con responsables por ítem; se implementó código de colores para utilización de insumos y listas de chequeo para control de los procesos. Se adicionaron productos con detergente y desinfectante en spray y wipes. Se monitorizó con luminometría la carga orgánica mensual.

**Resultados.** Durante el período de evaluación la adherencia promedio al cumplimiento de los protocolos de limpieza y desinfección del ambiente hospitalario y equipos/dispositivos biomédicos fue 95% y 86%. La adherencia al diligenciamiento correcto de listas de chequeo fue 94%. La medición de la carga orgánica con luminometría disminuyó 47% (p=0,006) para ambiente hospitalario y 40% (p=0,02) para equipos biomédicos. El consumo anual de agua para limpieza y desinfección disminuyó 97% y para detergentes 70%.

**Conclusiones.** Estrategias como la implementada demuestran que la protocolización, puesta en marcha y seguimiento de una política de limpieza y desinfección de ambiente y equipos/dispositivos biomédicos disminuyen la carga orgánica de objetos inanimados y son una medida efectiva para cuidar el medio ambiente y reducir costos.

### 54. Factores de riesgo para adquisición de colonización por enterobacterias resistentes a carbapenémicos (CRE) en pacientes del servicio de hematología y cuidados intensivos (UCI) de un hospital universitario en Colombia

Gamba L, Valderrama S, Cortes G, Torres D, Pavajeau N, Linares C, Gualtero S, Gonzalez P, Lopez J, Hernandez C, Bustamante A, Hospital Universitario San Ignacio; Pontificia Universidad Javeriana. [sandra.valderrama@gmail.com](mailto:sandra.valderrama@gmail.com)

**Introducción.** Identificar los factores relacionados a la adquisición de colonización por enterobacterias resistentes a carbapenémicos en pacientes adultos de los servicios de hematología y UCI de un hospital.

**Materiales y métodos.** Estudio de casos y controles de pacientes adultos de 2016 a 2018 hospitalizados en (UCI) o hematología, a quienes se les realizó hisopados rectales con pruebas fenotípicas en búsqueda de CRE al ingreso y semanalmente hasta egreso. Los casos fueron pacientes con colonización adquirida después de 72h de ingreso y los controles pacientes sin colonización del mismo servicio y mes de hospitalización de los casos.

**Resultados.** Se incluyeron 74 casos y 222 controles. Los factores de riesgo relacionados con adquisición de colonización por CRE en el análisis multivariado fueron: edad OR 1.03 (IC 95%: 1.01 – 1.05), uso de meropenem OR 4.55 (IC 95%: 2.17 – 9.52), uso de cefuroxime OR 6.7 (IC 95%: 1.04 – 43), uso de linezolid OR 4.23 (IC 95%: 1.51 – 12.21), uso de sonda vesical OR 2.98 (IC 95%: 1.50 – 5.93), leucemia aguda OR 5.77 (IC 95%: 2.31 – 14.42), densidad de colonización semanal OR 46.8 (IC 95%: 3.91 – 560). De los casos, el 4% desarrollaron infección

**Conclusiones.** En pacientes en UCI y hematológicos la restricción del uso de antimicrobianos de amplio espectro y la intensificación de las medidas de control de infecciones durante los periodos de mayor densidad de colonización pueden ser medidas efectivas para disminuir la adquisición de colonización por ERC. La leucemia se identificó como un factor independiente.

### 55. Características microbiológicas de las infecciones en pacientes con cáncer del eje cafetero de Colombia, 2014-2016.

Martinez J, Gutiérrez E, Valencia D, Henao J, Sánchez J, Universidad Tecnológica de Pereira. [sanchezduquejorge@gmail.com](mailto:sanchezduquejorge@gmail.com)

**Introducción.** El desarrollo de nuevas terapias para pacientes oncológicos ha generado un aumento en la esperanza de vida, pero de la misma manera, esto ha llevado a un mayor riesgo de infección. El objetivo fue describir las características microbiológicas de las infecciones en pacientes de un centro oncológico durante 2014-2016.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo observacional. Se incluyeron datos microbiológicos y sociodemográficos de pacientes diagnosticados con neoplasias sólidas y hematológicas en Oncólogos de Occidente, S.A. en Pereira, Armenia y Manizales durante tres años. Los resultados se informaron utilizando medidas de tendencia central. Los perfiles de resistencia bacteriana se definieron de acuerdo con la guía CLSI. Los focos de cultivo fueron sangre, orina, biopsias de tejidos, piel y tejidos blandos, membranas mucosas y heces. Los análisis estadísticos fueron realizados en software estadístico STATA ®.

**Resultados.** Se incluyeron 1216 pacientes, la edad media fue 58.79±17.83 años, el 51.97% fueron mujeres. Se realizaron 7837 cultivos con una positividad de 27.94%. Los microorganismos más frecuentemente aislados fueron *E. coli*, *K. pneumoniae*, *P. aeruginosa* y *S. aureus*. Las bacterias Gram-negativas tuvieron resistencias del 74-79% a ampicilina y de 30-62% a cefalosporinas de primera generación. Los mecanismos más comunes de resistencia a los antimicrobianos fueron β-Lactamasa de espectro extendido (45.45%) y β-lactamasas de tipo AmpC (37.71%) en gramnegativos, producción de β-lactamasa en *Staphylococcus spp.* (37.71%) y *Staphylococcus aureus* resistente a la metilicina (47.2%) en Gram-positivos.

**Conclusiones.** La resistencia a antimicrobianos es un importante problema de salud pública en población oncológica.

### 56. Descripción de Luminometría para Supervisión de procesos de limpieza, desinfección y reprocesamiento, en una institución ginecológica de alta complejidad.

García G, Lozano M, Gomez C, Forero C, Clínica de la Mujer. [carlosgomez1074@icloud.com](mailto:carlosgomez1074@icloud.com)

**Introducción.** La presencia de ATP en una superficie es indicador de contaminación. El luminómetro es un dispositivo para detectar ATP en superficies al reaccionar con una enzima luminiscente. Dando así una medida cuantitativa de la limpieza de la superficie y se registra en valores de Unidades Relativas de Luz. No existe claridad sobre los puntos de corte para su interpretación en la clínica. Las casas comerciales recomiendan punto de corte < 30 RLU extrapolados de la industria alimenticia

**Materiales y métodos.** Estudio Descriptivo entre 2017 al 2018 en la supervisión de limpieza, desinfección y reprocesamiento, se utilizó la tecnología System SURE Plus© (monitoria para ATP) los resultados se agruparon en tres categorías: áreas críticas, áreas semicríticas o dispositivos de reprocesamiento, donde se obtuvieron los percentiles 25, 50 y 75%, mínimos y máximos, respectivamente en unidades de medición RLU, dichas mediciones fueron realizadas mensualmente

**Resultados.** Se realizaron 112 mediciones obteniéndose los percentiles en cada caso para áreas críticas p25% (11), p50% (35) y p75% (184) expresados en URLs, en áreas semicríticas p25% (14,5), p50% (40) y p75% (78,25) y en dispositivos de reprocesamiento p25% (1), p50% (6) y p 75% (36).

**Conclusiones.** Los datos de luminometría para seguimiento difieren de forma importante de las recomendaciones del fabricante, pero son nuestra

línea de base para implementar procesos de mejoramiento y podrían ser extrapolables para la comparación con procesos similares en otras instituciones de igual complejidad. Se requiere un sistema de vigilancia local que permita utilizar de forma más objetiva esta herramienta de decisión.

## MICOLOGIA

### 57. Revelando mecanismos de resistencia a compuesto antifúngicos en "Fusarium-like".

Guevara-Suarez M, Castillo A, Cañas S, Restrepo S, Guarro J, Celis A, Universidad de los Andes, Universidad Harvard, Universitat Rovira i Virgili. [mi.guevara34@uniandes.edu.co](mailto:mi.guevara34@uniandes.edu.co)

**Introducción.** Algunas especies con morfología similar al género *Fusarium* "Fusarium-like" se han descrito como hongos patógenos de humanos, animales y plantas. *Fusarium oxysporum* y *Neocosmospora solani* (anteriormente *F. solani*) son algunas de las especies con relevancia clínica al estar asociadas en infecciones tales como: onicomicosis, queratitis fúngica, infecciones invasivas y diseminadas. Estas infecciones tienen un manejo terapéutico difícil con un fallo terapéutico alto, especialmente en pacientes con infección diseminada. Con el fin de comprender la respuesta de las especies patógenas de "Fusarium-like" a los agentes antifúngicos comúnmente utilizados.

**Materiales y métodos.** Se realizó la secuenciación del transcriptoma, usando técnicas de alto rendimiento (RNAseq), para dos cepas: *F. oxysporum* y *N. solani*, frente a anfotericina B y posaconazol.

**Resultados.** En general, encontramos que varios genes relacionados con mecanismos comunes de resistencia se regulaban de manera diferencial al tratamiento con los antifúngicos, tales como: bombas de eflujo, respuesta al estrés oxidativo, vías de síntesis del ergosterol y modificaciones de la pared de la membrana. Observamos diferencias significativas entre las respuestas de ambas especies a los antifúngicos evaluados. En particular, encontramos que varios genes miembros de Mayor Facilitator Superfamily (MFS) de las bombas de eflujo están regulados positivamente en *F. oxysporum* cuando se exponen a AMB. Además, observamos una expresión negativa de los genes en la ruta de la biosíntesis del ergosterol, con la excepción del gen ERG5 que se encontró regulado en todos los tratamientos.

**Conclusiones.** Este es el primer estudio en revelar posibles genes asociados con resistencia de especies "Fusarium-like" frente a compuestos antifúngicos.

### 58. Vigilancia de candidemia en Colombia entre 2008 a 2010

Cortes J, Gomez C, Reyes P, Ariza B, Montañez A, Carreño A, Universidad Nacional de Colombia, Clínica de la Mujer, Clínica Universitaria Colombia, Hospital Universitario San Ignacio. [jacortes@unal.edu.co](mailto:jacortes@unal.edu.co)

**Introducción.** La candidemia es un problema importante en pacientes hospitalizados. El objetivo del estudio es describir los datos de la vigilancia de candidemia realizadas en Colombia entre 2008 y 2010.

**Materiales y métodos.** Estudio de vigilancia basado en el laboratorio, en 4 hospitales colombianos. La identificación se hizo localmente y se confirmó en un centro de referencia, con susceptibilidad por microdilución. Los pacientes se siguieron hasta 30 días. Se identificaron factores de riesgo, características clínicas al momento de la candidemia, el tratamiento administrado y el desenlace clínico de los pacientes.

**Resultados.** Se identificaron 109 pacientes, 67% hombres, 28% niños, mediana de 30 años. La mediana de tiempo de hospitalización era de 19 días (RIQ 9-30), Todos habían recibido un antibiótico previamente, 88% tenían un catéter central 64% cirugía previa, 60% nutrición parenteral, 32% cirugía abdominal previa, 21% cáncer. Los principales aislamientos identificados correspondieron a *C. albicans* o *C. parapsilopsis* (38% cada uno), *C. tropicalis* (17%) y *C. glabrata* (5%). La susceptibilidad a fluconazol, voriconazol, anidulafungina, anfotericina fue elevada, excepto para *C. glabrata*. La mortalidad global fue 37%: 22% para tratamiento temprano, 38% para tratamiento tardío y 52% para los no tratados.

**Conclusiones.** Se encontró un cambio en la epidemiología de especies, con una susceptibilidad sostenida frente a los antimicóticos. Se encontró una alta mortalidad que podría estar en relación a retardos en el inicio del tratamiento antimicótico. Se requieren esfuerzos para mejorar el diagnóstico y tratamiento oportuno.

### 59. Application of real time PCR assays for the diagnosis of histoplasmosis using three molecular targets in human FFPE tissues and whole blood samples

López L, Muñoz C, Tobón A, Cáceres D, Loparev V, Clay O, Chiller T, Litvintseva A, Gade L, Gonzalez A, Gomez B, CIB, CDC, Universidad de Antioquia, Universidad del Rosario. [beatrizlgomez@hotmail.com](mailto:beatrizlgomez@hotmail.com)

**Introducción.** Histoplasmosis is a fungal infection that causes significant morbidity and mortality in persons living with HIV/AIDS, especially in countries with limited resources. Currently used diagnostic tests rely on culture and serology, lack sensitivity and often require weeks to obtain results causing significant diagnosis delays; molecular assays are not commercially available.

**Materiales y métodos.** We aimed to apply quantitative real-time PCR (qPCR) targeting three protein-coding genes of *Histoplasma capsulatum* (100-kDa, H and M antigens) for detection of *H. capsulatum* infection in formalin-fixed paraffin-embedded (FFPE) and whole blood (WB) samples from patients with proven histoplasmosis.

**Resultados.** For FFPE samples, the sensitivity of 100-kDa, H and M qPCR assays were 93.9%, 91% and 57%, respectively; however, the same qPCR assays showed only 23%, 19% and 11.5% of sensitivity for 100-kDa, H y M qPCR assays when used with the WB samples. The specificity of qPCR was determined by testing samples from patients with other clinical infections and healthy controls and was 93%-100% depending upon the assay and the specimen type.

**Conclusiones.** We applied three qPCR assays for detecting *H. capsulatum* DNA in human samples, and demonstrated that the molecular protocols based on amplification of 100-kDa and H antigen can be successfully used for diagnosing this mycosis when using FFPE samples; however, we do not recommend WB for routine diagnosis of histoplasmosis by qPCR in patients with progressive disseminated histoplasmosis.

### 60. Pediatric bloodstream infections by *Candida auris* in Colombia: clinical characteristics and outcomes of 34 cases

Berrio I, Cáceres D, Coronell W, Salcedo S, Mora L, Marín A, Varón C, Escandón P, Rivera S, Chiller T, Vallabhaneni S, Hospital General de Medellín; grupo MME; corporación para investigaciones Biológicas, Centers for Disease Control and Prevention; Atlanta; GA, Infectious diseases pediatrician; Universidad de Cartagena, Clínica General del Norte; Barranquilla, Fundación UCI Doña Pilar; Cartagena, Instituto Nacional de Salud (INS). [indiraberriom@hotmail.com](mailto:indiraberriom@hotmail.com)

**Introducción.** The emerging multidrug-resistant yeast *C. auris* can cause invasive infections associated with high mortality. This report describes cases of pediatric *C. auris* bloodstream infections (BSI) that occurred during January 2015–September 2016 at two hospitals in Colombia.

**Materiales y métodos.** After the Colombian National Institute of Health released a clinical alert about *C. auris* in September 2016, we conducted a retrospective review of microbiology records for possible *C. auris* cases in two acute care hospitals in Barranquilla and Cartagena.

**Resultados.** We identified 34 children with *C. auris* BSI. Twenty-two (65%) patients were male, 21% were 1 year. Principal underlying conditions included preterm birth (26%) and altered nutritional status (59%). Eighty-two percent had a central venous catheter, 82% respiratory support, 56% received total parenteral nutrition, 15% had a surgical procedure, and 9% received hemodialysis. All patient received antibiotics in the 14 days before *C. auris* BSI, and 97% received antifungal treatment for BSI. Median inpatient stay before onset of *C. auris* BSI was 22 days (interquartile range: 17–30 days), and in-hospital mortality was 41%.

**Conclusiones.** Similar to other *Candida* BSI, *C. auris* affects children with a variety of medical conditions including prematurity, malignancy, and those with CVCs, and receiving TPN. Mortality was high, with nearly half of patients dying before discharge. *C. auris* can be transmitted in healthcare settings, and for reason, pediatric wards should be vigilant for *C. auris* outbreaks and take necessary infection control measures to stop the spread of the organism.

### 61. Caracterización de la sensibilidad a los antifúngicos de especies de *Candida* aisladas de adultos mayores inmunocompetentes en cuidados intensivos (Caldas, Colombia)

Pérez J, Hernández J, Rojas A, Correa R, Cañón W, Florián M, Universidad de Caldas, Universidad de Manizales, Universidad Católica de Manizales, Hospital Departamental Santa Sofía. [johanhdz03@gmail.com](mailto:johanhdz03@gmail.com)

**Introducción.** A continuación, se expone el primer estudio descriptivo de sensibilidad a los antifúngicos de aislamientos del género *Candida* en pacientes críticamente enfermos de Caldas.

**Materiales y métodos.** Ensayo in vitro, derivado de un estudio unicéntrico, descriptivo. Se analizaron aislamientos de *Candida* de adultos mayores al ingreso de cuidados intensivos (Hospital Departamental Santa Sofía, 2012). Mediante método de microdilución del CLSI (M27-A3, con puntos de corte M27-S4) se analizó la sensibilidad a anfotericina, anidulafungina y fluconazol. A los aislamientos no-silvestres de *C. albicans* (CMI > 0,5 µg/ml de fluconazol) se analizó la secuencia del ERG11 (Sanger) y la expresión génica de CDR1 y MDR1 y ERG11 (RT-qPCR).

**Resultados.** Se analizaron 436 aislamientos de cinco sitios no-estériles de 200 pacientes: 194 *C. albicans*, 65 *C. glabrata*, 64 *C. tropicalis*, 31 *C. krusei*, 27 *C. parapsilosis*, y 55 de otros géneros. No se encontraron aislamientos no-susceptibles a la anfotericina. Respecto a la anidulafungina, solo se encontraron seis aislamientos de *C. glabrata* resistentes. Frente al fluconazol, *C. tropicalis* aportó ocho aislamientos resistentes, mientras el 96,3% de *C. albicans* fueron clasificadas susceptibles (silvestre). El grupo de siete aislamientos no-silvestres de *C. albicans* evidenció diferencias en la expresión del gen MDR1 sin diferencias en la expresión de ERG11 y CDR1. Dos aislamientos resistentes (con CMI 4 y 8 µg/ml) presentaron las sustituciones D116E y K128T en el hot-spot de mutaciones I. Un aislamiento resistente (con CMI ≥ 64 µg/ml) exhibió elevada sobre-expresión de MDR1, acompañando sustitución G464S previamente reportada [Biomédica 2017;37(Supl.3): p124-125].

**Conclusiones.** En Caldas se debe vigilar a futuro la sensibilidad de *C. tropicalis* a los azoles y de *C. glabrata* a las equinocandinas.

#### 62. Comparación de pruebas de susceptibilidad antifúngica: microdilución colorimétrica y epsilometría con la técnica microdilución en caldo (CLSI M38-A) para determinar el perfil de susceptibilidad antifúngica en *Aspergillus spp.*

Peñuela A, Ariza B, Linares M, Ojalora N, Donato A,  
Hospital Universitario San Ignacio, Pontificia Universidad Javeriana.  
alpenuelab@husi.org.co

**Introducción.** El objetivo de este estudio es comparar las pruebas comerciales de susceptibilidad antifúngica como panel de microdilución colorimétrica y epsilometría con la técnica de referencia microdilución en caldo (CLSI M38-A) para determinar el perfil de susceptibilidad antifúngica en aislamientos clínicos de *Aspergillus spp.* en un hospital de cuarto nivel de complejidad.

**Materiales y métodos.** Tipo de estudio: experimental in vitro descriptivo. Metodologías estudiadas: E-Test® de Biomerieux y Sensititre Yeast One® (SYO) de TREK Diagnostic System con la metodología de referencia microdilución en caldo de acuerdo al documento CLSI M38-A. Tamaño de muestra: 35 aislamientos clínicos del complejo *Aspergillus spp.* conservados en el Laboratorio Clínico del Hospital Universitario San Ignacio (2012-2015). Análisis estadístico: se calculó el acuerdo global y los porcentajes de error grave, error mayor y error menor por cada técnica comercial comparada con la metodología de referencia para cuatro antifúngicos.

**Resultados.** Para aislamientos del género *Aspergillus spp.* el acuerdo global con microdilución en caldo para voriconazol fue de 100% (SYO) y 91,5% (E-test); para itraconazol 100% (SYO) y 97% (E-test); anfotericina B 91,5% (SYO) y 77% (E-test); y caspofungina 0% (SYO) y 91,5% (E-test).

**Conclusiones.** E-test® tiene alta similitud con la técnica de referencia para los cuatro antifúngicos evaluados. Por el contrario, Sensititre Yeast One® tiene alta similitud con la técnica de referencia para anfotericina B, itraconazol y voriconazol, pero no se consideraría una alternativa para determinar el perfil de susceptibilidad antifúngica con equinocandinas en *Aspergillus spp.*

#### 63. Evaluación de la citotoxicidad y actividad antifúngica de anfotericina B encapsulada en sistemas micelares.

Villamil J, Pérez L, Parra Giraldo CM,  
Universidad Nacional de Colombia. Pontificia Universidad Javeriana.  
jeanvillamil2@gmail.com

**Introducción.** Anfotericina B es un antifúngico de amplio espectro, que se emplea en el tratamiento de las enfermedades fúngicas invasivas, su uso está limitado por su alta nefrotoxicidad. Por tal razón, se han desarrollado formulaciones a base de desoxicolato de sodio (Fungizone®) sistemas de liberación controlada liposomales (AmBisome®, Abelcet®, Amphotec®) que presentan menor toxicidad, sin embargo, su alto costo y el requerimiento de dosis más

altas para lograr resultados terapéuticos equivalentes limitan su uso. Se evaluó la citotoxicidad y actividad antifúngica de sistemas micelares basados en colesterol para encapsular anfotericina B.

**Materiales y métodos.** Se sintetizaron micelas poliméricas compuestas por PEG-PCL-CH y PEG-CH que fueron cargadas posteriormente con Anfotericina B. La evaluación antifúngica se realizó por microdilución en placa frente a *C. albicans* SC5314, se evaluaron concentraciones desde 30mg/L hasta 0,055mg/L para determinar la concentración mínima inhibitoria (MIC). Para la evaluación de la citotoxicidad se emplearon fibroblastos L929, los cuales fueron expuestos a concentraciones desde 30mg/L hasta 0,055mg/L de cada micela, la citotoxicidad se evaluó con MTT.

**Resultados.** Las formulaciones micelares de PEG-PCL-CH aumentan la viabilidad celular entre un 20 – 30% con respecto a la formulación comercial Fungizone®, la formulación PEG-CH logra aumentar la viabilidad celular, pero en un porcentaje menor que PEG-PCL-CH. En cuanto a la concentración mínima inhibitoria para PEG-PCL-CH fue de 0,2mg/L muy cercana a la de Fungizone®, para PEG-CH es de 0,9 mg/L.

**Conclusiones.** Los resultados demuestran que los sistemas micelares que contengan colesterol en su estructura son vehículos promisorios para encapsular Anfotericina B y así disminuir su toxicidad.

#### 64. Identificación de algunos genes implicados en el metabolismo del zinc en *Histoplasma capsulatum*.

Torres S, Tamayo D, Gómez O, Mcewen J, Hernández O,  
Escuela de Microbiología; Universidad de Antioquia. Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Instituto de Biología; Universidad de Antioquia. Facultad de Medicina; Universidad de Antioquia.  
sutorresmo@gmail.com

**Introducción.** El zinc es un elemento químico esencial para las células, el cual actúa como cofactor en gran variedad de proteínas, a las cuales confiere, estabilidad en los procesos catalíticos e interacciones con otras proteínas, ácidos nucleicos y lípidos. El metabolismo del zinc ha sido fuertemente estudiado en *Saccharomyces cerevisiae*, lo cual ha permitido describir los genes responsables de regular la adquisición y consumo de este elemento en variedad de los hongos. En el hongo *Histoplasma capsulatum*, recientemente fue descrita la importancia del gen HcZRT2, en la adquisición de zinc, en el crecimiento del hongo y en el desarrollo de la histoplasmosis.

**Materiales y métodos.** Con el fin de ampliar el conocimiento sobre el metabolismo del zinc en *H. capsulatum*, usamos herramientas bioinformáticas para comparar las secuencias de genes previamente reportadas en otros hongos, con los genomas anotados de *H. capsulatum*. Adicionalmente evaluamos por qPCR la expresión de algunos de estos genes en condiciones de crecimiento óptimas y en presencia de EDTA como agente quelante del zinc.

**Resultados.** Identificamos algunos genes implicados en la absorción y homeostasis del zinc en este hongo y observamos que en presencia de EDTA como agente quelante de este elemento, estos genes son regulados positivamente.

**Conclusiones.** En este trabajo revelamos por primera vez, algunos genes asociados a la adquisición y homeostasis del zinc en *H. capsulatum*, los cuales proporcionan datos importantes para futuras investigaciones enfocadas en estudiar a profundidad la función de los genes identificados, su posible rol en el dimorfismo y la virulencia de este hongo patógeno.

#### PRESENTACIONES EN POSTER INFECCION POR VIH

#### 65. Identificación de virus respiratorios en pacientes VIH positivos con neumonía e impacto de estos sobre la función pulmonar a 6 meses: un estudio de cohorte

Rodríguez I, Vanessa Z, Cabrera R, Marín D, Lopez L, Rodiño J, Aguilar Y, Keynan Y, Velez L,  
Universidad de Antioquia, Universidad Pontificia Bolivariana, University of Manitoba. ivan.rodriguezmd@gmail.com

**Introducción.** La infección por VIH per se puede deteriorar la función pulmonar (FP). No es clara la frecuencia de virus respiratorios (VR) en pacientes VIH positivos ni su impacto sobre la FP en el tiempo. El objetivo fue determinar la presencia de VR en muestras de LBA y esputo inducido en pacientes VIH positivos con y sin neumonía (VIH+/neumonía+ y VIH+/neumonía-), y neumonía sin VIH (VIH-/neumonía+), y correlacionar estos con la FP.

**Materiales y métodos.** Estudio de cohorte en adultos hospitalizados entre noviembre 2015 y 2017 en Medellín, seguidos a seis meses. Mediante estudios microbiológicos, moleculares y espirométricos se establecieron la frecuencia de VR y los efectos sobre la FP.

**Resultados.** En 65 pacientes incluidos hasta ahora (VIH+/neumonía+=27, VIH+/neumonía-=31 y VIH-/neumonía+=7) se identificaron VR en 51.9%, 45.1% y 57.1%, respectivamente. El 89% de VR se asoció con otro patógeno. Rhinovirus fue el más frecuente (24/65, 37%). Al ingreso, 30.4% de los VIH+/neumonía+, 16.6% de los VIH+/neumonía-, y 50% de los VIH-/neumonía+ tenían limitación al flujo aéreo. El VEF1 fue más bajo en los grupos con neumonía, pero mejoró a 1 y 6 meses independientemente de los VR. El VEF1 en los VIH+/neumonía- permaneció estable.

**Conclusiones.** Los VR son frecuentes en pacientes VIH+, a menudo coexistiendo con otros patógenos. La FP, comprometida al ingreso en los pacientes con neumonía, mejora significativamente en los primeros meses después de la infección. La presencia de VR no parece afectar consistentemente la FP. Se requieren estudios adicionales con mayor número de pacientes y seguimientos más prolongados para confirmar estos hallazgos.

#### 66. Cambios en la Dinámica Familiar en Personas Diagnosticadas con VIH de Cartago, Valle del Cauca: Un estudio cualitativo.

Abelarde J, Serna F, González C, Rodríguez-Morales A, Programa de Psicología; Facultad de Ciencias Humanas; Universidad Antonio Nariño; Sede Cartago, Grupo de Investigación Salud Pública e Infección; Facultad de Ciencias de la Salud; Universidad Tecnológica de Pereira. [arodriguezm@utp.edu.co](mailto:arodriguezm@utp.edu.co)

**Introducción.** A pesar del tiempo de estudio de la infección por VIH/SIDA, aún existe un número limitado de investigaciones cualitativas, especialmente relacionadas a aspectos sociales y a la dinámica familiar, especialmente en Colombia.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio cualitativo con entrevistas abiertas a profundidad, en 4 sujetos con VIH de 20-35 años de edad de Cartago, Valle, con el objetivo de conocer la transformación presente en el sistema familiar, tras el diagnóstico de VIH de alguno de sus miembros.

**Resultados.** El rol de proveedores económicos de ellos no son sus padres biológicos, sino familiares cercanos y amigos, con quienes conviven (ACE1-3) "Mi abuela", (AL1-3) "Mi pareja y mi suegra", (AL1-8) "No sé quién es mi papá". El VIH les conllevó a sentirse deprimidos (AL1-17) "Allá no me vio ningún psicólogo. El primer día me dio muy duro. Soy fuerte, superé el duelo." Se desarrollaron alianzas (VM1-28) "Desde que me diagnosticaron mi familia, viven cuidándome, son demasiado sobreprotectores." Las familias y amigos brindaron consejo y apoyo, entre otros valores (ACE1-47) "Tratar de que no me salga de la familia. No dar información. Estar bien." Las coaliciones implican uniones con terceros para beneficiarse mutuamente (ACE1-24) "Pues ya, supo de lo mío, fue la oportunidad de confianza, de mi hermana."

**Conclusiones.** El diagnóstico de VIH cambió en forma considerable y en diferentes aspectos la dinámica familiar, las funciones que desempeña la familia, no son padres biológicos quienes proveen económicamente, quienes apoyan y con quienes hacen coaliciones/alianzas, que permitan el empoderamiento de su enfermedad y tener una mayor adherencia terapéutica.

#### 67. Prevalencia de la disfunción tiroidea, correlación clínica e inmunológica en una cohorte de pacientes VIH.

Maldonado E, Castañeda X, Universidad del Rosario. [doctoraeliana21@hotmail.com](mailto:doctoraeliana21@hotmail.com)

**Introducción.** Datos publicados sobre prevalencia de disfunción tiroidea en pacientes VIH muestran información heterogénea. El objetivo del presente estudio es describir la prevalencia de la disfunción tiroidea en pacientes VIH seropositivos.

**Materiales y métodos.** Estudio analítico de una cohorte retrospectiva de individuos VIH seropositivos del programa de un hospital de tercer nivel, donde se evaluó el resultado de TSH tomado desde enero de 2011 a diciembre de 2015.

**Resultados.** Se incluyeron 1027 pacientes seropositivos, la edad media fue de  $48.2 \pm 12.6$  años, la mayoría del sexo masculino (84.5%). La media del conteo de linfocitos CD4 al momento del diagnóstico fue de  $298 \pm 293.1$  cel/mm<sup>3</sup> y en el último control del año 2015 de  $430 \pm 218.4$  cel/mm<sup>3</sup>, según la clasificación del estadio clínico (CDC Atlanta) 35.7% eran C3. La prevalencia de la disfunción tiroidea fue de 24.5%, con la siguiente distribución: hipotiroidismo

mo clínico 16.2%, hipotiroidismo subclínico 7.9% e hipertiroidismo 0.2%. En la distribución por sexos el hipotiroidismo se presentó en 30.1% del total de las mujeres y 23.2% del total de los hombres. En el análisis multivariado a mayor edad de los pacientes y el estadio clínico C3 se asoció de manera positiva con la presencia de hipotiroidismo.

**Conclusiones.** Se documentó asociación de hipotiroidismo con edad y estadio clínico C3. No hubo relación de disfunción tiroidea con estado inmunológico. Se encontró mayor prevalencia de hipotiroidismo en pacientes VIH versus la población general, con predominio de hipotiroidismo clínico.

#### 68. Descripción de enfermedades mentales en los pacientes con VIH de un hospital de tercer nivel en Bogotá.

De La Hoz A, Salazar L, Ruiz R, Valderrama S, Pontificia Universidad Javeriana - Hospital Universitario San Ignacio. [salazar-luis@javeriana.edu.co](mailto:salazar-luis@javeriana.edu.co)

**Introducción.** En el año 2015 se reportaron 61,174 personas portadoras de VIH en Colombia en el boletín del Fondo Colombiano de Enfermedades de Alto Costo. Esta infección se relaciona con el desarrollo de enfermedades mentales. Este estudio busca estimar la prevalencia de enfermedad mental en una cohorte de pacientes con VIH en la ciudad de Bogotá y describir las características inmunoviroológicas y de adherencia a la terapia antiretroviral (TAR) en el momento del diagnóstico de la enfermedad mental.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo, retrospectivo, en pacientes mayores de 18 años del Hospital Universitario San Ignacio, con infección por VIH diagnosticado según las guías nacionales vigentes para el periodo del estudio. El periodo de seguimiento de estos pacientes fue desde enero de 2004 hasta diciembre de 2015.

**Resultados.** Se registraron 1109 pacientes con VIH en el programa de atención integral de un hospital de tercer nivel en la ciudad de Bogotá, de los cuales el 21% presentaron enfermedades mentales. Las más frecuentes fueron los trastornos del espectro depresivo (8.1%), el trastorno de adaptación (7.2%) y los trastornos neurocognitivos (6.8%).

**Conclusiones.** La frecuencia de enfermedades mentales en esta población con VIH es superior a la prevalencia en población colombiana, por tal motivo es importante la tamización de estas enfermedades al ingreso y durante el seguimiento de los pacientes.

#### 69. Caracterización de los trastornos del sistema nervioso central en una muestra de pacientes hospitalizados con infección por VIH en el Hospital Universitario de Santander.

López J, Rodríguez K, Vega A, Figueroa C, Botero D, López P, Universidad Industrial de Santander, Hospital Universitario los Comuneros. [jairolopezaldana@gmail.com](mailto:jairolopezaldana@gmail.com)

**Introducción.** Los trastornos del SNC en pacientes con infección VIH son causa importante de morbimortalidad; entre 40% a 70% desarrollan trastornos neurológicos durante el curso su enfermedad y hasta el 20% debutan con síntomas neurológicos. Las principales etiologías son infecciones oportunistas en los países en desarrollo, sin embargo, estos datos están muy influenciados por la epidemiología local, en Colombia y Santander los datos son limitados. Este estudio se busca describir las características de la enfermedad del SNC en pacientes con infección por VIH, y caracterizar variables que influyen en el diagnóstico certero y oportuno

**Materiales y métodos.** Estudio de Cohorte tipo descriptivo, observacional y retrospectivo. La población son una muestra de 32 pacientes VIH que ingresaron al HUS en el periodo Enero 2013- Enero 2015 con alteración en el examen neurológico

**Resultados.** En el universo obtenido se registró un rango de edad entre 41 - 50 años (53,8%) y el 66% fueron hombres. La cefalea fue el principal síntoma en un 75%, seguido por alteración del sensorio 40% y un 20% con focalización neurológica, otros con convulsiones y fiebre. El 42,8% tenían alteraciones en algún estudio imagenológico del SNC. Se reportó un 40% Toxoplasmosis cerebral, 20,1% tuberculosis meningea y un 15,4% Cryptococosis meningea. El estudio reportó una mortalidad de un 37%. Por otro lado un 20% de los pacientes evaluados tenían tuberculosis pulmonar.

**Conclusiones.** La mayoría de los pacientes del estudio se encontraban en un estado avanzado de enfermedad; el principal síntoma cefalea y alteración del estado de conciencia. Diagnóstico definitivo encontrado principal toxoplasmosis cerebral, seguido tuberculosis y Cryptococosis meninges.



**70. Situación epidemiológica de VIH-SIDA y factores asociados a diagnóstico inicial en fase sida en centros asistenciales de EsSalud Lambayeque, 1995-2016.**

Díaz-Vélez C, Zúñiga J, Apolaya-Segura M, Hospital Nacional Almanzor Aguinaga Asenji, Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo, Universidad de San Martín de Porres. cristiandiazv@hotmail.com

**Introducción.** Describir la situación epidemiológica de VIH-SIDA e identificar los factores asociados a diagnóstico inicial en fase SIDA en centros asistenciales de EsSalud Lambayeque, 1995-2016.

**Materiales y métodos.** estudio descriptivo y transversal, usándose base de datos de 1995 a 2016 del software WinEpi del subsistema de vigilancia de VIH-SIDA de la Red Asistencial de Lambayeque de EsSalud. Se analizó información con estadística descriptivo con Stata 14.

**Resultados.** Desde el 2010 hay aumento de casos de VIH-SIDA, predominando los casos en fase SIDA, llegando a 72% en el 2015-2016, siendo la edad promedio de 40.68±13.77 años, mientras que los casos VIH la edad fue 36.57±13.51 años. Predomino hombres (76,2%), instrucción secundaria (41.8%) y universitaria (34%), grupo etario de 18 a 65 años el más frecuente, 72.5% procede de Lambayeque y 75% por transmisión heterosexual. Los casos confirmados por Wester Bloot, (56.2%) y 65.7% tenía CD4 < 200. Las enfermedades oportunistas como estrongiloidosis (81.7%), diarrea crónica (14.6%), síndrome de consumo (12.4%) y TBC (8.1%) las más frecuentes. Se halló casos con diagnóstico inicial de SIDA (48,9%), realizándose análisis exploratorio de posibles factores asociados, encontrando que no tener instrucción aumenta en 59% las chances de ser identificado como caso SIDA.

**Conclusiones.** Los pacientes con VIH-SIDA son mayormente hombres de 18-65 años, heterosexuales, con educación básica, y CD4.

**71. Establecer causas de inaherencia en paciente HIV en un programa de atención en Colombia.**

Delgado E, Hospital Militar Central. ericnany@hotmail.com

**Introducción.** Los medicamentos antirretrovirales rompen con el mito del VIH/SIDA como sinónimo de muerte. La adherencia al Tratamiento Antirretroviral (TAR) continúa siendo un factor determinante del éxito del tratamiento. Determinar las causas de inaherencia en los pacientes con diagnóstico de Virus de Inmunodeficiencia Adquirida, que se encuentran en programa de HIV, y reciben terapia antirretroviral.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo transversal retrospectivo basado en el análisis de 89 historias clínicas de los pacientes con diagnóstico de Virus de Inmunodeficiencia Adquirida, que se encuentran en programa de HIV, y reciben terapia antirretroviral en una IPS de la ciudad de Girardot de noviembre de 2014 a noviembre 2015.

**Resultados.** Se evidenció 32 pacientes inadherentes al TAR, las causas de inaherencia fueron el 25% por problemas administrativos derivados de la atención IPS EPS. El 9.38% debido a que se siente agotado de la toma de medicamentos, el 15.63% por consumo de licor, uso de drogas psicoactivas el 12.63%, el 9.38% lo suspende de manera voluntaria y el 9.38% porque considera que el tratamiento le causa daño, el 18.75% refiere problemas económicos que impiden su desplazamiento a las consultas.

**Conclusiones.** Los programas de HIV deben de identificar de manera temprana de manera individual y grupal las posibles causas de inaherencia en la terapia, y realizar un trabajo conjunto IPS EPS.

**72. Variables relacionadas con el índice CD4:CD8 en una Población de personas infectadas por el VIH, en Antioquia, Colombia.**

Alzate J, Villegas E, Botero J, Rugeles M, Unidad de Investigación Clínica; Corporación para Investigaciones Biológicas, Grupo Inmunovirología. Unidad de Investigación Clínica; Corporación para Investigaciones Biológicas, Grupo de Parasitología; Facultad de Medicina; Universidad de Antioquia. Grupo Inmunovirología; Facultad de Medicina; Universidad de Antioquia. jalzate@cib.org.co

**Introducción.** Los pacientes VIH-1+, con un índice CD4:CD8 menor a 1 presentan mayor riesgo de morbilidad y mortalidad por eventos no asociados a SIDA. Nuestro objetivo fue explorar, en población colombiana, variables asociadas al índice bajo, para proponer mejores estrategias de seguimiento.

**Materiales y métodos.** Estudio observacional Cross-Sectional, en pacientes VIH-1+ atendidos en la Corporación para Investigaciones Biológicas. En 227 pacientes se evaluaron diferencias en edad, recuento de LTCD4+, carga viral, número y tipo de esquemas. Se dividieron los pacientes en grupo A con índice CD4:CD8 mayor o igual a 1 y B, menor a 1.

**Resultados.** El estudio incluyó 71% hombres y 29% mujeres. El 23,2% pertenecían al grupo A y 73,8% al B. La media de edad fue 42,8 años en A y 45,8 años en B (p=0,176). El 100% de individuos en grupo A recibían tratamiento, 97,7% en B. La media de LTCD4+ fue 772,4 en A y 448,1 en B (p=0,00001). En A, 90,2% tenían carga viral indetectable, vs 68,8% en B (p=0,002). 41,2% en A tuvieron un solo esquema, vs 44,5% en B (p=0,794). No se observó asociación con respecto al tercer medicamento utilizado.

**Conclusiones.** La mayoría de pacientes presentaron un índice CD4:CD8 menor a 1, a pesar de presentar LTCD4+ aceptables. Fue más frecuente encontrar índice menor a 1 en pacientes sin adecuado control virológico. Es importante vigilar la evolución de este índice y su relación con el control virológico para la prevención de complicaciones no asociadas a SIDA. Se requieren más estudios para determinar variables asociadas a su normalización.

**RESISTENCIA BACTERIANA**

**73. Presencia de carbapenemasas en Enterobacterias BLEEs positivas con susceptibilidad a carbapenémicos**

Ariza B, Cabrera E, Cortes G, Trespalacios A, Escobar M, Estupiñán D, Hospital San Ignacio, Universidad Javeriana. deariza@hustl.org.co

**Introducción.** Se conoce de las limitaciones que los métodos fenotípicos pueden tener con respecto al análisis *in vitro* de los antibióticos. El mecanismo de resistencia plasmídico por carbapenemasas, puede estar presentando falsos negativos en bacterias con mecanismo igualmente plasmídico de resistencia a cefalosporinas y susceptibilidad a carbapenémicos, conocido como BLEEs.

**Materiales y métodos.** 210 aislamientos entre *E. coli* y *Klebsiella spp.*, que presentaban BLEEs pero sensibilidad a carbapenémicos, se les realizaron Test de Hodge, Test de Sinergismo con Ácido Borónico y EDTA y Test de Inactivación de Carbapenémico. A los resultados positivos para alguno de los test confirmatorios fenotípicos anteriores, se les realizó PCR utilizando equipo GeneXpert Carba (Cepheid®).

**Resultados.** Se identificaron seis casos positivos para Test de Hodge e Inactivación con Carbapenémico y un caso positivo para Test de Ácido Borónico. Todos los aislamientos mostraron Test de EDTA negativo. Los 6 casos positivos presentaron gen blaKPC.

**Conclusiones.** Enterobacterias productoras de carbapenemasas pueden mostrar rangos amplios de Concentración Mínima Inhibitoria (MIC), algunas veces dentro del rango de susceptibilidad en las pruebas de microdilución para carbapenémicos. Posiblemente por presencia de otros mecanismos de resistencia que condicionan este fenotipo, tales como impermeabilidad de AmpC o BLEEs, pérdida de porinas e incluso varios de estos mecanismos al tiempo; o posiblemente por presencia de polimorfismos en los genes de resistencia que no se expresan de manera *in vitro*. Es importante entonces evaluar la necesidad de realizar pruebas confirmatorias a carbapenemasas a aquellos aislamientos BLEEs.

**74. Genetic Characteristics of Healthcare-Associated Methicillin-Resistant Staphylococcus aureus (HA-MRSA) Belonging to Clonal Complex 5 (CC5) in Colombia, Venezuela and Peru.**

Martinez J, Leon G, Reyes J, Universidad el bosque. julyvictoriarmartinez@hotmail.com

**Introducción.** MRSA are responsible for a high proportion of healthcare-associated infections. HA-MRSA is multidrug resistant, and infections occur most frequently among inpatients. We performed genetic characterization of HA-MRSA-CC5 isolates recovered from infections in 3 countries.

**Materiales y métodos.** A total of 12 *S. aureus* isolates belonging to clonal complex 5 were prospectively recovered from Colombia, Peru and Venezuela. Species identification of *S. aureus* and presence of *mecA* were performed by PCR. We determined MICs to common anti-MRSA antibiotics and performed screening for VISA phenotype. Molecular characterization included detection of lukSF-PV and SCCmec typing. PFGE and MLST were performed in selected MRSA isolates with susceptibility patterns typical of the Chilean (ST5-MRSA-I). 12 isolates were sequenced through ILLUMINA platform.

**Resultados.** A total of 12 *S. aureus* isolates belonging to clonal complex 5 were Whole Genome sequenced. The majority of them had a variety of resistance genes to high spectrum antibiotics such as: mecA, blaZ, norA, aph III, ant6-la, ermA, spc, aadD y acc (6) aph (2) , also the most frequent plasmid was "rep20" which is one of the main plasmids in this clonal complex. None of the isolates exhibit PVL (lukS-lukF). Two types of sequence typing were found: ST-5 and ST -105 , however two isolates sequence type were unknown

**Conclusiones.** MRSA isolates from clonal complex 5 have a variety of resistance and virulence genes which make them highly pathogenic microorganisms. In the other hand , Whole Genome Sequencing allowed a complete characterization of these isolates, it becomes a useful tool in the future

**75. Características operativas de la prueba HB&L BLEEs/AmpC para la detección de microorganismos productores de Betalactamasas de espectro extendido (BLEEs) y/o betalactamasas AmpC a partir de Hisopado rectal**

Ariza B, Molano A, Trespalacios A, Valderrama S,  
Hospital San Ignacio, Universidad Javeriana. deariza@husi.org.co

**Introducción.** Dentro de los Programas de contención de la resistencia bacteriana, se encuentra la búsqueda activa de microorganismos colonizantes con marcadores de resistencia, dentro de estos las bacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido; y es función de los laboratorios buscar permanentemente herramientas de tamizaje de estos marcadores que sean confiables, oportunos y prácticos.

**Materiales y métodos.** Se analizaron 200 hisopado rectales para búsqueda de BLEEs. Para la determinación de las características operativas de la prueba HB&L BLEEs/AmpC se usó como estándar la técnica de microdilución en caldo, se calculó sensibilidad, especificidad, VPP y VP. Adicionalmente se determinó la concordancia entre el método HB&L BLEEs/AmpC y método en agar cromogénico.

**Resultados.** En cuanto a HB&L BLEEs/AmpC vs. microdilución en caldo se encontró una sensibilidad de 92.35% y especificidad de 84.34%, con VPP de 71.8% y VP de 95.89%. El método HB&L BLEE tiene una concordancia moderada con respecto agar cromogénico BLEEs.

**Conclusiones.** El método HBL/BLEEs provee una posibilidad como tamizaje, siempre y cuando se controlen los falsos positivos presentados, la mayoría con recuentos de colonias inferiores al límite de detección del método, lo que nos presenta la posibilidad de problemas inherentes al principio de lectura por turbidez de la muestra o fallas en el montaje directamente atribuibles al operador. Los pocos falsos negativos se debieron a baja carga bacteriana

**76. Doble Inserción cromosomal del transposón Tn4401b-blaKPC-2 en el clon de Pseudomonas aeruginosa ST235.**

Abril D, Márquez-Ortiz R, Castro-Cardozo B, Moncayo-Ortiz J, Olarte N, Corredor Z, Valderrama A, Reyes N, Tovar C, Sánchez H, Castellanos J, Guaca-González Y, Llanos-Urbe C, Vanegas N, Escobar-Pérez J, Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana; Universidad El Bosque, Grupo de Investigación en Enfermedades Infecciosas- GRIENI, Universidad Tecnológica de Pereira, Hospital El Tunal E.S.E., Grupo de Genética y Biología Molecular; Universidad de Cartagena, Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales y Resistencia Bacteriana; Universidad del Sinú, Hospital Universitario Departamental de Nariño, Grupo de Patogénesis Infecciosa; Universidad Nacional de Colombia, ESE-Hospital Universitario San Jorge, The I3 institute; Faculty of Science University of Technology; Sydney. deisyapril@gmail.com

**Introducción.** Colombia es un país endémico para la circulación la carbapenemasa KPC-2 en *Pseudomonas aeruginosa*. El objetivo de este estudio fue caracterizar las plataformas de movilización de blaKPC-2 y de otros genes de resistencia en el clon de *P. aeruginosa* ST235.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional descriptivo en cuatro aislamientos de *P. aeruginosa* KPC-2 positivos, recolectados entre noviembre de 2014 a abril de 2015, de pacientes en UCI de una institución de tercer nivel colombiana. Se evaluó la relación filogenética por PFGE y MLST y se seleccionó un aislamiento representativo para secuenciación genómica por la tecnología PacBio-RSII. Las lecturas se ensamblaron de novo con HGAP3 y se identificó *in silico* los genes de resistencia y sus plataformas genéticas móviles. Adicionalmente se comparó el genoma core y accesorio con 45 genomas de cepas ST235 previamente reportadas en otros países.

**Resultados.** Los aislamientos fueron multiresistentes (MER-IPM-DOR-CAZ-PTZ-CIP-AK-GEN) con una MIC a meropenem de 1024µg/ml, pulsotipos estrechamente relacionados (>95% de similaridad) y los cuatro correspondieron al ST235. La secuenciación del aislamiento 24Pae112 permitió obtener un único contig cromosomal de 7'097.241pb, lo cual sugiere que no posee plásmidos. El gen blaKPC-2 se identificó dos veces en el genoma y cada copia fue movilizadora por un Tn4401b. Estas dos copias del transposón fueron encontradas en una nueva isla genómica (PAGI-17).

**Conclusiones.** Este es el primer reporte de una doble inserción cromosomal del Tn4401b, lo cual permite evidenciar la capacidad de movilización de este transposón en *P. aeruginosa*. COLCIENCIAS Cód.130865741107-607-2014 y la Vicerrectoría de Investigaciones de la Universidad El Bosque.

**77. Prevalencia de Staphylococcus aureus meticilino resistente en muestras de leche de VACAS en el Valle del Cauca.**

Gómez J, Lucumí A, Tovar R, Perilla S, Bergonzoli, G.  
Universidad Libre, Universidad del Valle. UNISARC.  
juancarlosg2011@live.com

**Introducción.** El *Staphylococcus aureus* meticilino resistente (SARM), es causante del aumento de infecciones durante las últimas décadas en seres humanos y animales a nivel mundial. El objetivo de este estudio fue determinar la prevalencia del SARM en muestras de leche provenientes de vacas de hatos ubicados en el Valle del Cauca, Colombia durante el año 2015 y 2016.

**Materiales y métodos.** El estudio es de tipo observacional, descriptivo transversal durante un periodo de tiempo, polietápico, incluyó vacas de diferentes razas bajo el sistema de producción especializada de leche, ordeñadas en forma manual y mecánica y hatos con registros completos de animales y afiliados a una empresa recolectora de leche. Las muestras recolectadas de 87 vacas infectadas por el patógeno *Staphylococcus aureus* se sometieron a prueba de sensibilidad tanto a oxacilina (6 µl/ml) como a cefoxitina (30 µl/ml). Para establecer a nivel molecular la resistencia, se amplificó el gen mecA.

**Resultados.** La prevalencia de la resistencia únicamente al antibiótico oxacilina fue de 50.60% (47.09% - 60.59%). La prevalencia de las vacas con SARM fue de 14,6%(47,09-60,59). El centro del Valle del Cauca fue la zona más afectada con SARM con 17,91%(14,59-27,88). Mediante la prueba genotípica de PCR no se encontró presencia del gen mecA.

**Conclusiones.** Nuestros resultados demuestran el aumento de la resistencia del *S. aureus* a las penicilinas en vacas de leche, debido a prácticas de higiene poco rigurosas y uso indebido de antibióticos en nuestro país. La financiación fue realizada por la Universidad Libre.

**78. Diseminación de integrones clase 1 en aislamientos clínicos de Salmonella enterica serovar Typhimurium resistentes a antibióticos en Colombia.**

Florez N, Villarreal J, Díaz P, Montaña A, Wiesner M,  
Instituto Nacional De Salud, Universidad Antonio Nariño.  
j.villarreal@uan.edu.co

**Introducción.** Colombia no cuenta con reportes recientes de la presencia de integrones en aislamientos clínicos de Typhimurium resistentes a antibióticos; el presente estudio busca identificar la presencia y clase de integrones en este serovar.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de corte transversal, con componente experimental. Se seleccionaron 171 aislamientos de *Salmonella* Typhimurium con los principales perfiles de resistencia a antibióticos, recuperados de la vigilancia nacional por laboratorio de Enfermedad Diarreica Aguda liderada por el Grupo de Microbiología del Instituto Nacional de Salud entre 1997-2016. Se determinó por PCR y secuenciación la presencia y estructura de integrones clase 1 y 2, y por PFGE la relación entre estos aislamientos.

**Resultados.** El 72% (n=123) de los aislamientos fueron positivos para el Int1, incluidos en todos los perfiles de resistencia, de los cuales 23 son incompletos y 100 fueron integrones completos con 37 patrones únicos de PFGE. De estos, 88% presentaron un integrón de 2700 pb conformado por dhfr7, aac y blaOXA-2, 4% mostraron entre 2 a 4 integrones con rango de 600 a 5000 pb, 1% mostró un integrón de 5000 pb, 6% mostró integrón sin región variable. En 28% (n=48) de los aislamientos negativos para Int1, 4 amplificaron una región variable de 2700 pb. No se identificó Int2 en los aislamientos seleccionados.

**Conclusiones.** Se observó un integrón clase 1 predominante de 2700 pb, distribuido en la mayoría de los perfiles de resistencia, en todos los departamentos de Colombia de 1997-2016, sugiriendo diseminación horizontal del integrón.

**79. Susceptibilidad antimicrobiana de bacterias patógenas aisladas en heces de monos aulladores (*Alouatta seniculus*) de Córdoba y Sucre.**

Durango J, Mattar S, Arrieta G,  
Universidad de Córdoba. arrieta@yaho.es

**Introducción.** La resistencia bacteriana es un problema de salud pública a nivel mundial. Objetivo. identificar y establecer la susceptibilidad antimicrobiana de bacterias patógenas aisladas en heces de monos aulladores de Córdoba y Sucre.

**Materiales y métodos.** Las muestras fueron sembradas en medios de cultivo para aislar Gram negativos y Gram positivo. Las bacterias se identificaron con pruebas bioquímicas: urea, SIM, TSI, LIA (line immunoassay) y citrato. La sensibilidad a los antimicrobianos se evaluó con el método de Bauer y Kirby, teniendo en cuenta las normas del Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI).

**Resultados.** Se obtuvieron 70 cepas de bacterias; las más frecuentes fueron: *Escherichia coli* (n=28), *Klebsiella* (n=17), *Shigella* (n=12), *Proteus* (n=8) y *Enterobacter* (n=5). Las bacterias Gram negativas fueron resistentes a Trimetoprim/ sulfametoxazol (17%), Doxicicline (12%), Nitrofurantoína (10%) y cloranfenicol (8%).

**Conclusiones.** La resistencia a uno o a varios antibióticos en las bacterias aisladas de primates no humanos, es un factor de riesgo para su salud. A su vez, estos animales son reservorios de bacterias y de genes de resistencia, potencialmente importantes en la diseminación de estos factores de resistencia.

**MICOBACTERIAS**

**80. Frecuencia y factores asociados a la transmisión de Tuberculosis pulmonar en un centro penitenciario de Cali-Colombia 2013-2014**

Mueguez S, Nuñez C, Luna L, Pacheco R,  
Universidad Libre, Universidad del Valle, Secretaría de Salud Pública Municipal de Cali. robinson.pacheco.73@gmail.com

**Introducción.** Las cárceles colombianas representan las áreas de mayor riesgo para la transmisión de tuberculosis pulmonar (TBP), hacinamiento, desnutrición, comorbilidades, depresión y alcoholismo son los principales factores de riesgo en Personas Privadas de la Libertad (PPL). Objetivo: Se determinó la frecuencia y los factores de riesgo para la transmisión de TBP en un centro carcelario de Cali, Colombia, 2013-2014.

**Materiales y métodos.** Estudio observacional, analítico de casos y controles. De los mismos patios de los casos se buscó un control sin tuberculosis y con al menos seis meses de ingreso sin desarrollar la enfermedad.

**Resultados.** Durante el periodo de estudio se encontró un índice de hacinamiento de 248,8%, se identificaron 3900 sintomáticos respiratorios, y se diagnosticaron 98 casos de Tuberculosis pulmonar, para una incidencia anual de 457 (2013) y 1238 (2014) casos/100.000 PPL, y la prevalencia acumulada fue 1,68%. La media de edad fue de 29 años (DE 8,4), la etnia predominante mestiza 54% (107), el estado civil soltero 57% (106), nivel educativo secundaria 63% (104), estrato socioeconómico 2, 44% (87) y ocupación oficios varios 62,8% (123). Las variables que explicaron de manera independiente el desarrollo de TBP fueron desnutrición (OR=17,53 IC 4,06- 145,24 p= 0,000) y confección con VIH (OR=8,93 IC 1,09- 4,06642 P= 0,01).

**Conclusiones.** El riesgo de TBP en cárcel supera hasta 50 veces con respecto a la población general colombiana. Las condiciones ambientales y sociales de los centros carcelarios perpetúan la transición de la TBP, demandando intervenciones efectivas de prevención y control.

**81. Factores asociados a tuberculosis pulmonar resistente entre los años 2013 a 2017 en Hospital Universitario Departamental de Nariño – Pasto – Colombia**

Solarte M, Jaramillo L, Ortega R, Bernal L, Cerón M, Estrada M, Zambrano L, Vallejo A, Solarte-Portilla M,  
Hospital Universitario Departamental de Nariño. Clínica Fátima Pasto masolarte9@gmail.com

**Introducción.** La tuberculosis es un problema mundial debido a la alta prevalencia de la enfermedad, la aparición de cepas resistentes a medicamentos y la asociación con la pandemia del VIH. Programas TB se enfrentan a desafíos en la reducción de MDR-TB. El tratamiento es difícil debido a los efectos

secundarios, costosos y a menudo sin éxito. (Rossau R, 1997). El objetivo fue determinar factores asociados a resistencia de medicamentos anti-TB identificando la MDR-TB en pacientes diagnosticados en un hospital de tercer nivel de complejidad.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo de corte transversal. Se revisaron 74 historias clínicas de pacientes con tuberculosis pulmonar, para el estudio se seleccionaron los casos de farmacoresistencia, diagnosticados mediante PCR RT y cultivos, en pacientes atendidos en el Hospital Universitario Departamental de Nariño entre 2013 a 2017. Para el análisis se utilizó un modelo multivariado en SPSS, con chi cuadrado.

**Resultados.** De los 74, 10 fueron diagnosticados con M. tuberculosis farmacoresistente, el 70% procedente de Nariño, 20% del Putumayo y 10% del Valle. El 90% Masculinos. La resistencia se detectó por PCR RT 10% y cultivo 90%, los resultados fueron: Mono resistencia 30%, multiresistencia 60%, ultraresistencia 10%, poliresistencia 0% Conresistencia primaria 70% y resistencia secundaria 30%. La mortalidad fue de 50%; curados 20% y 30% en tratamiento. No se encontró asociación entre las variables demográficas, de nexo epidemiológico, y clínico (p>0,05). **Conclusiones.** No se encontró factores que expliquen que la resistencia primaria sea mayor que la secundaria La asociación entre variables no es estadísticamente significativa.

**82. Frequency of *Mycobacterium leprae* infection in children household contacts of leprosy patients.**

Cardona-Castro N, Mora H, Beltrán J,  
Instituto Colombiano de Medicina Tropical - Facultad de Medicina Universidad CES. ncardona@ces.edu.co

**Introducción.** Children with leprosy are the population that will suffer for more years the consequences of the disease; stigma, poverty, deformities, damage of the body and spirit, because people with leprosy loss hope and well-being. We determined the frequency of infection by *M. leprae* in children household contacts (CHHC) of leprosy patients, in six municipalities of Colombia.

**Materiales y métodos.** Cross sectional study, sample for convenience of children under 18 years of age HHC of leprosy patients. Physical examination, clinical record, Nested-PCR from nasal swab, and ELISA test in serum samples were tested for antibodies detection against NDO-LID1, Protein A (NDO-LID1), and PGL-I.

**Resultados.** We studied 31 family groups (80 children and 31 leprosy patients) from Barranquilla (32.5%), Contratación (16.2%), Cartagena (18.8%), Carmen de Darién (15%), Puerto Boyacá (10%), Turbo (7.5%). 44.6% (n=29) CHHC were positive for any test: Nested-PCR 7.7%, ELISA IgM (NDO-LID1): 32.3% (n=21); Protein A (NDO-LID1): 27.7% (n=18); IgG (NDO-LID1): 9.2% (n=6); IgM (PGL-1):7.7% (n=5). Positive tests were associate with municipality of residence and armadillo consumption.

**Conclusiones.** CHHC are a high risk population to suffer leprosy. Screening tests as clinical and serologic tests are useful tools to determine infection and first clinical signs of disease. The positivity of the PCR (7.7%) means that they are carriers and potential transmitters. Antibody IgM anti (NDO-LID1) with 32.3% detected more infected CHHC. Public health programs should include the serologic and molecular tests to improve early detection and leprosy elimination.

**83. Epidemiología de la Tuberculosis Infantil en una Cohorte de Niños de Buenaventura Colombia 2009-2013**

Candelo J, Rojas N, Forero L, Pacheco R,  
Universidad Libre, Secretaría Departamental de Salud del Valle del Cauca. robinson.pacheco.73@gmail.com

**Introducción.** El diagnóstico de la Tuberculosis pulmonar en niños es un reto en todos los programas de tuberculosis. Las adversas condiciones sociales y económicas de Buenaventura Colombia la convierten en una zona compleja para el manejo de la enfermedad, especialmente en la población infantil: Describimos las características demográficas y clínicas, y los desenlaces en la población infantil con tuberculosis pulmonar en Buenaventura (2009-2013).

**Materiales y métodos.** Realizamos un estudio observacional descriptivo de una cohorte histórica de niños, inscritos en el programa de control de tuberculosis de Buenaventura.

**Resultados.** Se analizó información de 163 registros, sin diferencia por sexo; el grupo etario más frecuente fue de 1- 5 años (51%), el 55% pertenecía al régimen de salud subsidiado. El diagnóstico clínico predominó (55%), mientras que el diagnóstico por laboratorio fue significativo en mayores de 7 años. El 92% ingresaron al programa como casos nuevos, el 40% egresó con trata-

miento terminado. La adherencia al cumplimiento del tratamiento fue inferior al 50% en ambas fases del tratamiento. La incidencia de Tuberculosis pulmonar infantil durante el periodo del estudio osciló entre 2 y 4 x 100.000 habitantes. Se presentó una baja correlación de información entre el programa de Tuberculosis del Municipio y el Sistema Nacional de Vigilancia de Colombia.

**Conclusiones.** Las dificultades sociales y políticas en zonas deprimidas de Buenaventura, impactan negativamente en las estrategias de control de la Tuberculosis pulmonar infantil, las cuales se fundamentan en el diagnóstico y tratamiento oportuno, seguimiento efectivo de casos, estudio de contactos y notificación eficiente, oportuna y veraz.

#### 84. Evaluación de puntos calientes para TB en Norte de Santander mediante la combinación de análisis espacial y genotipificación

Bohada D, Rodríguez R, Bustos M, Cortes S, España Y, Arenas N, Pineda M, Guerrero M,  
Universidad de Pamplona, Laboratorio Salud Publica Departamental.  
dpbohada@hotmail.com

**Introducción.** La tuberculosis en Norte de Santander ocasiona anualmente alrededor de 400 casos nuevos, constituyéndose en un problema de Salud Pública de primera magnitud. El principal objetivo del presente trabajo fue implementar una estrategia de identificación genotípica y localización temporal-espacial para el análisis de los casos de tuberculosis en el departamento de Norte Santander.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio prospectivo de junio de 2015 a diciembre de 2017 para identificar, genotipificar y caracterizar los casos nuevos de tuberculosis en pacientes del departamento de Norte de Santander reportados por el Hospital Universitario Erasmo Meoz de la ciudad de Cúcuta. Las herramientas utilizadas fueron ArcGIS para la geo-referenciación y spoligotyping para la genotipificación.

**Resultados.** Se incluyeron 215 casos, provenientes de 15 municipios que presentaron cinco genotipos, tres reportados previamente en la base de datos SPOLDB4 (LAM9 SIT 42; H1 SIT 610; T1 SIT 1053) y dos patrones huérfanos nunca antes reportados que posiblemente son autóctonos/nuevos. El 75,5% eran hombres y provenían de Venezuela (9,30%), de otros departamentos (1,9%), de cárceles (10,25%), comunidad indígena (2,25%), habitante de calle (6,25%), farmacodependientes (8,16%), portadores de HIV (6,25%), y resistentes a rifampicina (2,25%).

**Conclusiones.** Geográficamente identificamos por primera vez los puntos calientes de presentación de casos de tuberculosis, en combinación con información relevante sobre la diversidad de las cepas que circulan y causan la enfermedad en el departamento del Norte de Santander. Se espera contribuir al diseño de estrategias locales que impidan la propagación de cepas del complejo *Mycobacterium tuberculosis* en el departamento, evitando posibles muertes por el contagio.

#### 85. Conocimientos sobre la tuberculosis en usuarios del transporte masivo en Cali-Colombia, 2017.

Figuroa J, Hoyos D, Rodas A, Luna L, Salamanca L, Valencia S, Forero L, Davalos D, Díaz C, Ferro B, Pacheco R,  
Universidad Icesi, Secretaría Departamental de Salud del Valle del Cauca, Secretaría de Salud Pública Municipal de Cali, Universidad del Valle, Universidad Santiago de Cali, Universidad Libre.  
robison.pacheco.73@gmail.com

**Introducción.** Los escenarios de transporte masivo son ideales para la comunicación y educación en salud. Poco se conoce sobre los conocimientos, actitudes y prácticas sobre tuberculosis (TB) en usuarios del Masivo Integrado de Occidente (MIO) de Cali, segunda ciudad colombiana con la mayor carga de enfermedad. Se buscó determinar el grado de conocimientos sobre TB entre estos usuarios.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de corte transversal, mediante encuesta estructurada con 19 preguntas a usuarios en 12 estaciones principales del MIO, entre 8:00am-12m en un día laboral de marzo de 2017.

**Resultados.** De 193 encuestados, 51% fueron hombres. El 58% dijo conocer poco y 24,9% dijo no conocer nada sobre TB. La tos fue el síntoma más referido (74,6%). Los modos de transmisión reportados fueron: por aire (61,7%) compartir cubiertos (31,6%), dormir con enfermo (18,1%), transmisión sexual (16,1%) y herencia (15%). El 70,5% cree que tiene cura y el 58,5% evitaría contacto con infectados. La TB fue asociada con fumar (51,8%), mala alimentación (46,6%), consumo de drogas (31,1%) y desorden sexual (18,7%). El 43% no acude al médico cuando presenta tos o síntomas respiratorios.

**Conclusiones.** La mayoría de usuarios reconocen la TB como una enfermedad prevenible y curable. Sin embargo, es necesario educar sobre aspectos en los cuales se detectaron concepciones equivocadas acerca de los modos de transmisión, actitudes hacia las personas enfermas y prácticas de cuidado.

#### 86. Frecuencia de aislamiento de micobacterias no tuberculosas de pacientes en estudio para tuberculosis pulmonar en Cali y el Valle del Cauca, 2014-2017.

Delgado L, Escobar D, Forero L, Hoyos D, Ortiz F, Luna L, Pacheco R, Ferro B,  
Universidad Icesi, Secretaría Departamental de Salud del Valle del Cauca, Laboratorio de Salud Pública Departamental del Valle del Cauca, Secretaria de Salud Pública Municipal de Cali. beferro@gmail.com

**Introducción.** La enfermedad pulmonar por micobacterias no tuberculosas (MNT) comparte signos clínicos con la tuberculosis (TB), causando retos para su diagnóstico. Se conoce poco sobre la importancia epidemiológica de MNT y su etiología en enfermedad pulmonar en Colombia. El objetivo de este estudio fue describir la frecuencia de identificación y las características microbiológicas de MNT en pacientes en estudio para tuberculosis TB pulmonar en Cali y el Valle del Cauca durante 2014-2017.

**Materiales y métodos.** A través de un estudio retrospectivo de corte transversal se analizó la información de pacientes con diagnóstico presuntivo de TB pulmonar de los programas de control de TB locales.

**Resultados.** De 5857 registros analizados, 72 correspondieron a MNT (1,2%); *Mycobacterium fortuitum* (29,2%), *M. avium-intracellulare* (11,1%) y *M. abscessus* (8,3%) fueron las especies más frecuentes, en el 9,7% de los pacientes se identificó la misma MNT en al menos dos ocasiones. La mediana de edad fue 58,5 años (RI: 48-71) y el 61,1% fueron hombres; el 15% de quienes estuvo disponible el dato reporto infección por VIH. Cali aportó 62 casos (86,1%); el 86,11% de los reportes se realizó en los años 2014 y 2017. Genotype *Mycobacterium* CM (Hain-Lifescience) fue el principal método diagnóstico.

**Conclusiones.** Las MNT de crecimiento rápido predominan en el Valle del Cauca, a diferencia de otras áreas geográficas y son frecuentes en pacientes con síntomas compatibles con TB pulmonar. La falta de sospecha clínica y disponibilidad de métodos diagnósticos para MNT, puede subestimar su frecuencia.

#### 87. La inequidad social: determinante de infección por *Mycobacterium leprae* en niños.

Serrano H, Mora H, Beltrán J, Cardona N,  
Universidad CES. hectorserranocoll@gmail.com

**Introducción.** La lepra es una enfermedad granulomatosa crónica causada por *Mycobacterium leprae* y aún es considerada un problema de salud pública. La aparición de esta infección en niños es un indicador de transmisión activa y también puede considerarse un indicador de pobreza e inequidad social.

**Materiales y métodos.** Determinar la relación entre los títulos de proteína A, IgG, IgM anti NDO-LID con la presencia de un subsidio de tratamiento para lepra, el estrato social y su ubicación geográfica en niños convivientes de estos pacientes. Tipo de estudio analítico transversal, realizado en niños de Contratación (Santander), Cartagena, Barranquilla, áreas geográficas de Urabá y Choco.

**Resultados.** En este estudio se evaluaron 82 niños convivientes. Seropositividad niños con subsidio en su núcleo familiar vs sin subsidio Proteína A (37,5 % vs 4,76%, P= 0,0001, OR=12) , IgG (42,5% vs 11,9%, P= 0,002, OR= 5,5, IgM (12,5% vs 2,4%, P= 0,079, OR=5,8). Seropositividad niños estrato 1 vs niños estrato  $\geq 2$ , Proteína A (35,7 % vs 5%, P= 0,001, OR=10,5) , IgG (42,8% vs 10%, P= 0,001, OR= 6,75), IgM (11,9% vs 2,5%, P= 0,102, OR=5,3). Seropositividad niños de áreas geográficas de Urabá –Choco vs área urbana de Barranquilla, Cartagena, Contratación, Proteína A (64,7% vs 11,7%, P= 0,001, OR: 13,7) , IgG (82,4% vs 17,6%, P=0,0001, OR= 2,8) , IgM (17,6% vs 0%, P= 0,7, OR= 0,82).

**Conclusiones.** Un núcleo familiar que no cuenta con un subsidio, un estrato económico bajo y el residir en áreas geográficas ligadas a pobreza está asociado a un mayor seropositividad y riesgo de infección en niños.

#### 88. Análisis Espacial de la intensidad de la trasmisión de la tuberculosis en Cali Colombia 2011-2013.

Buritica P, Cordoba C, Alzate A, Luna L, Valderrama A, Pacheco R,  
Universidad Libre, Secretaria de Salud Publica Municipal de Cali. robison.pacheco.73@gmail.com

**Introducción.** Según el informe mundial de TB 2017, la incidencia mundial de la enfermedad está disminuyendo, pero no lo suficiente para cumplir los objetivos de impacto epidemiológicos establecidos para el 2050. Se requiere otras estrategias de análisis para identificar la distribución geográfica de las poblaciones con mayor riesgo y así, abordar con intervenciones costo efectivas de prevención y control en las grandes ciudades consideradas de alta transmisión y con recursos limitados. **Objetivo:** Identificar la distribución temporo-espacial de la transmisión de tuberculosis y los factores relacionados a los conglomerados mediante el uso de GIS.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio ecológico exploratorio para determinar la distribución de la transmisión de la tuberculosis en Cali-Colombia 2009-2013. Se analizó información de 5172 registros de casos confirmados del programa municipal de control de TB.

**Resultados.** Mediante la estrategia de interpolación, puntos calientes y promedio del vecino más cercano, se identificaron cinco conglomerados significativos ( $p \leq 0.05$ ) en el tiempo en zonas caracterizadas por la presencia de factores estructurales y próximos que hacen de estos sitios con mayor riesgo de transmisión y enfermar de TB. Uno de los conglomerados se presentó en población considerada no vulnerable.

## INFECTOLOGIA ADULTOS

### 89. Análisis de costos de la interconsulta no formal por infectología.

Gomez C, Bravo J, Ballesteros A,  
Clínica de la Mujer, Hospital Militar Central, Universidad Nacional de Colombia. carlosgomez1074@icloud.com

**Introducción.** La consulta informal definida como la opinión de un médico que no ha valorado presencialmente al paciente es una práctica frecuente, pero se desconocen los costos derivados de dicha atención a nivel local. El objetivo fue cuantificar los costos que podrían derivarse de la interconsulta no formal en la práctica del día a día.

**Materiales y métodos.** Estudio observacional prospectivo de tipo corte transversal durante noviembre de 2016 a enero de 2018, los pacientes fueron objeto de valoración informal (vía telefónica, mensaje de texto, o revista médica), en Bogotá -Colombia. Se utilizó base de datos Excel (Microsoft office versión 2013) para su posterior análisis en paquete estadístico SPSS Versión 21.

**Resultados.** Se obtuvieron 204 registros en un periodo de 15 meses por un Infectólogo que labora en 3 instituciones. Cada Interconsulta no formal fue un evento y se asignó un valor posterior a estratificación por complejidad- tiempo (según ACP) en (I) U\$12 (15min), (II) U\$ 22(30 min) y (III) U\$ 42(1 hora). Los eventos de atención presenciales y no presenciales fueron 2774. 73 % pacientes hospitalizados. El motivo de consulta más frecuente fue decisiones sobre terapia antimicrobiana (78,9%) seguido por diagnóstico (14,2%). El costo directo de esta actividad es de U\$ 8156/año equivalente a una jornada adicional mensual de 6 horas.

**Conclusiones.** La consulta informal al infectólogo es un evento frecuente, su papel podría ser importante como parte de la estrategia de uso racional de antibióticos y control de infección intrahospitalaria, sin embargo no se reconoce como una actividad relevante.

### 90. When clinically suspecting Cryptococcal meningitis — Headaches, hypoglycorrhachia and diagnosis of HIV increase the pre-test probability.

Castellanos P, Franco C, Henao A,  
Universidad de Colorado. paulitalcs@icloud.com

**Introducción.** Cryptococcal meningitis carries a high mortality and disabling. Diagnosis of this condition remains challenging in low-prevalent or low-resource settings. Preclinical and clinical factors may increase the pretest probability and aid clinicians in its diagnosis. The aim of the study was to study predictive variables for the presence of Cryptococcal meningitis

**Materiales y métodos.** A retrospective case-control study matching by collection date' age' and gender at a 1:2 ratio (60 cases and 120 controls) was performed in case patients diagnosed with Cryptococcal meningitis infection at the University of Colorado Hospital between 2000 and 2018 (n=180). A bivariate and a forward' stepwise multivariable logistic regression model was performed to identify predictors of Cryptococcal meningitis

**Resultados.** We considered P-values < 0.005 as significant. In an adjusted multivariable model; Cryptococcal meningitis infection was significantly associated with prior headaches (OR: 12.3' 95% CI: 2.5-61.3;  $p=0.002$ ) hypoglycorrhachia (OR: 24.2' 95% CI: 3.8-154.9;  $p=0.001$ ) and diagnosis of HIV (OR: 32.3' 95% CI: 4.0-260.2;  $p=0.001$ ). Additional associations were found for male gender' transplant recipient status and CSF pleocytosis. **Conclusiones.** We uncovered useful clinical predictors for the presence of Cryptococcal meningitis. The presence of any of these clinical factors should increase the suspicion of Cryptococcal meningitis prompting specific diagnostic workup and consideration for empiric treatment.

### 91. Candidemia en una institución de cuarto nivel en Bogotá: momento en pensar en especies no *albicans*.

Herrera A, Castañeda X,  
Fundación Cardioinfantil. anac.herrera@urosario.edu.co

**Introducción.** La candidemia es la infección fúngica intrahospitalaria más frecuente alrededor del mundo. Dentro de las especies principales, la *C. albicans* ha sido la más común; sin embargo, han surgido especies no *albicans* (ENA) asociadas con factores específicos y peores desenlaces clínicos, así como mortalidad más elevada.

**Materiales y métodos.** Estudio analítico retrospectivo de corte transversal de pacientes adultos con candidemia entre 2012 a 2017. Se compararon los grupos de candidemia por *C. albicans* y no *albicans*.

**Resultados.** Se confirmaron 79 episodios de candidemia. La mayoría fueron hombres (60,7%), con edad promedio de 58 años  $\pm$  21. Predominaron las ENA (63,3% vs 36,7%  $P < 0,001$  IC 95% 0,001-0,003), *C. glabrata* (20,3%), *C. tropicalis* (15,2%), *C. parapsilosis* (10,1%) y *C. krusei* (8,9%). La mortalidad fue más alta en ENA (48 vs 61%). El 59,9% de los pacientes tuvieron bacteriemia concomitante. *C. albicans* fue sensible a fluconazol en un 96,5%. La sensibilidad de las ENA fue de 80% a fluconazol, 12% resistentes. La nutrición parental total (NPT) se asoció con candidemia por *C. albicans* (OR 2,19 IC 95% 1,1-4,3,  $P = 0,023$ ) y la presencia de comorbilidad pulmonar (CP) con candidemia por ENA (OR 5,6 IC 95% 1,6-20  $P = 0,007$ ).

**Conclusiones.** En la FCI predominan las ENA en candidemia con una mortalidad más elevada sobre *C. albicans*. La NPT favorece la *C. albicans* mientras que la CP se asocia con ENA.

### 92. Síntomas atípicos y mortalidad asociada a la enfermedad meningocócica por serogrupo B en Cartagena Colombia 2012-2016.

Coronell-Rodríguez W, Arteta-Acosta C,  
Universidad de Cartagena, Corporación Universitaria Rafael Núñez. cindyarteta.acosta@gmail.com

**Introducción.** enfermedad meningocócica se presenta en forma endémica o epidémica, como meningitis o meningococemia, siendo de evolución rápida y alta mortalidad principalmente en niños. Síntomas atípicos han sido descritos por serogrupo W. Determinar las características clínicas y epidemiológicas de EMI por serogrupo B y factores asociados a mortalidad en Cartagena, 2012-2016.

**Materiales y métodos.** estudio transversal entre 2012-2016 en pacientes diagnosticados con EM. Se calculó medidas de tendencia central y dispersión y análisis bivariado comparando pacientes fallecidos con sobrevivientes.

**Resultados.** Total de 41 casos: 1 sospechoso, 7 probables y 33 confirmados (serogrupo B), 73.2% eran hombres, edad promedio 17.9  $\pm$  19.16 años. La mortalidad fue del 39% (16/41), 68.7% (11/16) fueron en las primeras 24 horas. 51.21% presentaron síntomas atípicos: vómitos 48.7%, mialgias en las extremidades inferiores 36.5%, dolor abdominal 19.5% y diarrea 17.0%, lesiones necróticas 12.1%, cianosis 31.7%, tos 12.1% y rinorrea 14.6%. Síntomas típicos: fiebre 90.2%, somnolencia 70.7%, rash purpúrico 60.9%, cefalea 53.6%, convulsiones 14.6%, fotofobia 4.8%, agitación psicomotora 21.9%, rigidez del cuello 29.2% y déficit de la marcha 17.0%. Al comparar fallecidos con sobrevivientes, hubo diferencias significativas en dolor abdominal OR 6.0 [1.18-40.27], rigidez nuca OR 0.08 [0.009-0.74], meningococemia OR 8.90, [1.66-47.75] y miocarditis OR 3.08 [1.93-490], leucocitosis OR 0.22 [0.05-0.88] y PCR OR 0.24 [0.06-0.94]. Más prevalente fue B: 10.15: nt (60.0%). Grupo A, complejo clonal ST-41/44 en 64.3%

**Conclusiones.** Manifestaciones gastrointestinales atípicas además de ser descritas por el serogrupo W, también pueden ser una forma de presentación del serogrupo B, relacionada con una mayor mortalidad.

#### 94. Frecuencia y desenlaces clínicos de la infección por influenza en pacientes con IRAG en hospitales de Bogotá en el 2012.

Rosero Y, Sánchez L, Remolina Y, Ulloa M, Gómez S, Vargas H, Saavedra A, Sánchez E, Cortes J, Universidad Nacional de Colombia. Secretaría Distrital de Salud. ylorosero@unal.edu.co

**Introducción.** La infección por virus de la influenza es una de las principales causas de Infección Respiratoria Aguda Grave (IRAG). Objetivo: Evaluar la frecuencia de la infección por virus de la influenza en pacientes con IRAG en hospitales bogotanos en 2012 y establecer el desenlace clínico en comparación con aquellos que no tenían este virus.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de cohorte retrospectiva de pacientes con IRAG en 7 hospitales centinelas de la ciudad de Bogotá durante el año 2012. La presencia del virus de la influenza se identificó por medio de microarreglos en muestras de aspirado o hisopado nasofaríngeo tomadas al ingreso a urgencias. Se describieron características demográficas, clínicas, comorbilidades y desenlaces.

**Resultados.** Se identificaron 91 pacientes con IRAG con una media de edad de 50 años, 28,6% de ellos con influenza, de los cuales 67,8% mujeres. De aquellos con influenza, 14% estaban en gestación, con EPOC o Inmunosupresión, 10,7% cada uno. De aquellos con influenza, 50% requirió manejo en UCI y 11,5% fallecieron ( $p > 0,05$  para la comparación con los que no tenían influenza). Se identificó Influenza A en 71,4% de los casos (H1N1 en 35%). Finalmente se encontró que el tipo de coinfección más frecuente fue con bovavirus (35,7%), seguida de adenovirus con 10,7% de los casos.

**Conclusiones.** En pacientes con IRAG en hospitales bogotanos se identificó virus de influenza en 28,6% de los pacientes con una alta frecuencia de desenlaces adversos.

#### MEDICINA TROPICAL (INCLUYE ZONOSIS, MEDICINA DEL VIAJERO)

#### 95. Markov model in the study of clinical progression of Chikungunya.

Rodriguez-Morales A, Vargas-Zapata S, Mendoza-Covaleda D, Forero M, Cardona-Ospina J, Universidad Tecnológica de Pereira, School of Medicine; Faculty of Health Sciences; Universidad de Manizales, School of Medicine; Faculty of Health Sciences; Tunja; Boyacá. arodriguez@utp.edu.co

**Introducción.** Understanding the natural history and clinical pathogenesis of chikungunya (CHIKV) consequences requires both the availability of longitudinal datasets that capture key transitions and endpoints as well as analytic methods that take into account the dynamic nature of the process, involving the possibility of progression and regression among states of precursors to different phases under the influence of identifiable prognostic factors.

**Materiales y métodos.** Then, the objective of this study was to model the natural history of CHIK using a multi-state Markov model to the progression from healthy to exposition, then to acute, subacute, chronic phases, atypical and severe cases as well as fatal outcomes; and to estimate the effects of selected time-variation on transition probabilities.

**Resultados.** Based on 35 core studies, a Markov chain model was defined for 9 possible states with following transitions and probabilities: (1) healthy to (2) exposed (0.01-56%), (2) exposed to healthy (not infected) (~0%), (3) infected asymptomatic (3.0-30.0%), (4) infected symptomatic acute phase (12 weeks) (31.1-49.3%); from acute not complicated to (7) atypical disease (0.3-5%) and from here to (8) severe disease (1-36%). From atypical disease to (9) death (5-11.0%) and finally from severe disease to death (0.01-69.0%).

**Conclusiones.** Markov chains have many applications as statistical models of real-world processes. Using Markov models, natural history of CHIKV consequences progression provide an opportunity to evaluate and identify optimal clinical screening scenarios.

#### 96. Vigilancia Comunitaria Participativa para enfermedades transmitidas por *Aedes aegypti* en Armenia, Colombia.

Jiménez M, Vivas F, Gutiérrez L, Ramírez J, Tomasi S, Carrasquilla G, Fundación Santa Fe de Bogotá, Secretaría de Salud de Armenia. monica.jimenez@fsfb.org.co

**Introducción.** En Colombia, la Vigilancia en Salud Pública (VSP) es un sistema para registrar, consolidar y analizar datos de eventos de interés en salud pública y se realiza en el nivel local, regional y nacional. La Vigilancia en Sa-

lud Pública Comunitaria (VSPC) permite articulación entre VSP y participación social y comunitaria. Las secretarías de salud municipales definen la VSPC y coordinan las redes de vigilancia con base comunitaria.

**Materiales y métodos.** La Secretaría de Salud de Armenia (SSA) y la Fundación Santa Fe de Bogotá (FSFB) trabajan articuladamente en la implementación de VSPC. Avanzan en la conformación de Comités de Vigilancia en Salud Pública Comunitarios (COVECOM) para identificación de riesgo de ETV en los barrios La Fachada y la Miranda para luego extenderlo a todo el municipio. Se ha incorporado el uso de tecnologías disponibles (celulares), a través de aplicaciones móviles, uso de redes sociales para mejorar la detección temprana de casos y el reporte a tomadores de decisiones.

**Resultados.** Se han instalado, capacitado y puesta en marcha de 7 COVECOM integrados por 191 personas: estudiantes, madres comunitarias, líderes, docentes y líderes terminal de transportes, que a la fecha han realizado 80 notificaciones de posibles criaderos potenciales y notificación de 9 casos sospechosos de dengue, zika o chikungunya por ODK Collect.

**Conclusiones.** La puesta en marcha del COVECOM es dinámico y evoluciona paso a paso, requiere permanentes encuentros para reforzar conceptos e información clave para su desarrollo y sostenibilidad. Requiere apoyo, acompañamiento y retroalimentación por la SSA como entidad rectora.

#### 97. Prácticas realizadas para prevenir las enfermedades transmitidas por mascotas, Chiclayo, Perú.

Román H, Chanta E, Mendoza L, Palacios O, Díaz-Vélez C, Universidad de San Martín de Porres. Hospital Nacional Almanzor Aguinaga Asenjo. cristiandiazv@hotmail.com

**Introducción.** Conocer prácticas para prevenir enfermedades transmitidas por mascotas en población distrito Chiclayo.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo transversal realizado en 2 urbanizaciones del distrito de Chiclayo. La muestra obtenida con nivel de confianza del 95%, precisión de 5% y proporción de 70% (obtenido por prueba piloto) se obtuvo 204 casas recolectada por muestreo por conglomerado monoetapico. Se usó cuestionario de 32 preguntas validada por expertos por metodología delphi.

**Resultados.** 52,45% de casas tienen mascota, siendo perros (71,57%) o gatos (17,65%). El 43,14% llevaron 2 veces/año al veterinario, son alimentadas con varios tipos de alimentos (35,78%) o ingieren desperdicios en calle (37,75%). El 27,45% baña 1 vez/mes y nunca 5,88%. Limpian 1 vez/día área donde habita (21,08%), 61,27% refiere que mascota realiza heces en parque, y de ellos 75,49% no lo recoge. El 30,39% se lava a veces las manos después de contacto con mascota. El 54,90% han recibido tratamiento para eliminar parásitos, 36,27% vacuno contra rabia, parvovirus y triple. El 12,25% no conoce que mascotas transmiten enfermedades, el 28,43 refiere dormir con mascota y 50% alimenta directamente en hocio. El 50% no permite que lama alguna parte de su cuerpo y 36,76% permite que lamerle las manos y 27,94% ha sido lastimada por su mascota.

**Conclusiones.** Las familias realizan prácticas no adecuadas para prevenir las enfermedades transmitidas por mascotas como dejar que ingieran desperdicios en la calle, no lavarse las manos después de contacto, no conocer que transmiten enfermedades, dormir con mascota, permitir lamida o ha sido lastimado por mascota.

#### 98. Evaluación del potencial zoonótico de *Malassezia pachydermatis*.

Galvis J, Borda F, Gutiérrez A, Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales. jucagama@gmail.com

**Introducción.** *Malassezia pachydermatis* es una levadura comensal y también patógena de la piel de caninos, por lo que se considera una especie zoonótica, pero existen reportes de infecciones en humanos que pueden ser graves en individuos con factores de riesgo. Dado que no hace parte de la microbiota humana y la inexistencia de datos que apoyen su potencial zoonótico, el objetivo del estudio fue evaluar la capacidad de transmisión de *M. pachydermatis* de caninos a humanos.

**Materiales y métodos.** Estudio experimental realizado y aprobado por el comité de ética de la institución de julio 2015 a diciembre 2016. A los aislamientos de origen canino con otitis externa y de sus propietarios sanos compatibles con *Malassezia spp.* se les realizó caracterización fenotípica y molecular mediante amplificación de las regiones génicas 5.8S ADN-rITS2 y 26S ADN por PCR, secuenciación de ácidos nucleicos y análisis filogenéticos.

**Resultados.** Se cultivaron 96 muestras de las cuales 32 (33,33%) fueron sugestivas de *Malassezia spp.*, 29 (30,2%) de origen canino y 3 (3,1%) de origen humano. Mediante identificación fenotípica 29 (30,2%) aislamientos fueron compatibles con *M. pachydermatis* y 3 (3,1%) con *Malassezia spp.* La caracterización molecular confirmó que el total de aislamientos correspondían a *M. pachydermatis* y los árboles filogenéticos mostraron la cercanía de los aislamientos humanos y caninos.

**Conclusiones.** Se encontró *M. pachydermatis* en humanos propietarios de caninos con patologías asociadas, lo cual sugiere su capacidad de adaptación a nuevos hospederos y aporta al conocimiento de la ecología de este hongo de importancia en medicina humana y veterinaria.

#### 99. Vigilancia de la enfermedad por virus chikungunya en Colombia.

Chaparro P, Salas D, Gomez S,  
Instituto Nacional de Salud. pchapparro@ins.gov.co

**Introducción.** La fiebre chikungunya ha sido un problema emergente de salud pública en Colombia. El virus encontró áreas donde confluían vector e individuos susceptibles, que facilitaron la rápida expansión de la enfermedad. El objetivo fue determinar aspectos epidemiológicos de la fiebre chikungunya en Colombia.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de los casos notificados al sistema de vigilancia en salud pública de Colombia, entre 2014 y 2016. Se estimaron proporciones e incidencias. Además, se analizó la distribución geográfica.

**Resultados.** Entre 2014 y 2016, se notificaron 487.333 casos y 97 muertes. De los casos notificados, el 7,0% fueron hospitalizados y el 1,02% fueron confirmados por laboratorio. La curva epidémica mostró múltiples ondas, la observada a finales de 2014 y principio de 2015 exhibió crecimiento exponencial de casos. Mujeres e individuos entre 20 y 29 años fueron los más afectados. Las proporciones más altas de casos se registraron en Valle del Cauca (24,8%), Tolima (9,4%), Huila (6,6%) y Norte de Santander (6,4%). Las incidencias más altas se presentaron en Casanare, Cundinamarca, Tolima y Huila (> 1.500 casos por 100.000 habitantes).

**Conclusiones.** En 2014 el virus ingreso al país y a finales de ese año y principios del siguiente ocasionó epidemia. Para su control se establecieron medidas basadas en la vigilancia en salud pública, la que debe ser fortalecida para que la toma de decisiones relacionadas con prevención y control, sean oportunas y contribuyan con la reducción de la transmisión.

#### 100. pCHIK-CIR: An ethnographic vision of the social impact of disease.

González-Colonia C, Agudelo-Mejía K, Prieto-Andica V, Rivera-Zapata J, Usma-Valencia A, Lagos-Grisales G, Rodríguez-Morales A,  
Universidad Tecnológica de Pereira. arodriguezmt@utp.edu.co

**Introducción.** Chikungunya virus (CHIKV), an alphavirus, is the causative agent of the CHIKV fever, an Aedes-borne disease that can lead to long-term sequelae in around half of patients, the post-CHIKV-chronic inflammatory rheumatism (pCHIK-CIR). This consequence can have also relevant social impacts, but few qualitative studies have explored this issue.

**Materiales y métodos.** Qualitative research methods consisted of 26 open and in-depth interviews in patients serologically diagnosed with CHIKV infection (IgM) during acute phase.

**Resultados.** It is evident that pCHIK-CIR affects routine performance and work of patients, in terms of efficacy as well continuity of daytime activities. Pain descriptions help to a better understanding of healthcare workers about the nature of social limitations of the patients. Patients with pCHIK-CIR, facing sharp physical limitations, tend to significantly modify their habits/life styles and creating "autotherapy" modalities.

**Conclusiones.** Patients need to establish sudden changes to try to solve the pain-related problems, affecting their life style, working activities and their relationships with other people. Treatment effective affordability lead them to search for unconventional alternatives, to learn to live with pain. The social impact of pCHIK-CIR manifests from different dimensions in the following context: since reduction of work capability, as well as efficiency in the continuity of common activities, of low or high impact.

#### 101. Perfil epidemiológico y manifestaciones clínicas de la pediculosis capitis en preescolares de un área de bajos ingresos de Popayán, Colombia.

López D, Medina A, Mosquera S, Vásquez L, Salguero C.  
Universidad del Cauca; Corporación Del Laboratorio al Campo (DLC).  
davlopez@unicauca.edu.co

**Introducción.** El ectoparásito con distribución mundial, *Pediculus humanus capitis* (piojo de la cabeza), causa la pediculosis capitis. Aunque los factores de riesgo son conocidos, estudios acerca de su descripción clínica son poco frecuentes. Aquí, se muestra la prevalencia, incidencia, manifestaciones clínicas y factores de riesgo asociados a la pediculosis capitis.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de corte transversal basado en una muestra de 356 niños entre 1 y 5 años de un área de bajos ingresos de Popayán, Colombia. Se hizo dos observaciones: al principio y al final del año escolar (2017). Criterios de elegibilidad: firma de consentimiento informado por tutor a cargo y asistir durante los días de observación. Se examinó el cabello, cuero cabelludo, nódulos linfáticos y regiones frontal, parietal, temporal, occipital, nugal y retroauricular. Se removió mecánicamente los insectos con el cabello húmedo y peines liendreras. Se recolectó y almacenó liendres, ninfas y piojos adultos para estudios futuros.

**Resultados.** 373 y 356 participantes al inicio y al fin del estudio, respectivamente. Prevalencia e incidencia de pediculosis capitis: 5,1% y 20,2%, correspondientemente. Las variables epidemiológicas asociadas (OR) fueron antecedente de infestación, cabello largo, sexo femenino, eliminar con champú (95% CI: 15-20). Las variables clínicas en orden descendente de frecuencia fueron presencia de adenopatías, inflamación del cuero cabelludo, adenopatías nucas (25-35%); liendres y piojos localizadas en la región occipital, prurito del cuero cabelludo y prurito retroauricular (20-35%).

**Conclusiones.** Las manifestaciones clínicas más frecuentes son importantes al realizar el examen ectoparasitológico de la cabeza y priorizar la búsqueda de los insectos en las regiones anatómicas.

#### 102. Sleep Quality and Fatigue in patients with pCHIK-CIR in Colombia.

Rodríguez-Morales A, Ochoa-Orozco S, Sánchez-Castaño D, Corzo-Romero J, Erazo-Landázuri J, López-Caicedo D, Montoya-Bernal J, Franco-Duque T, Gonzalez-Ospina J, Mario M, Ramírez-Arango C, Suárez-Tabares M, Gutiérrez-Segura J, Londoño J, Bedoya-Rendón H, Cárdenas-Pérez J, Cardona-Ospina J, González-Colonia C, Rodríguez-Morales A, Lagos-Grisales G,  
Universidad Tecnológica de Pereira. arodriguezmt@utp.edu.co

**Introducción.** Long-term consequences of chikungunya (CHIK) and its chronic inflammatory rheumatism (pCHIK-CIR) are not fully understood yet and include and increasing number of non-rheumatological effects, among them, sleep disturbances and fatigue.

**Materiales y métodos.** Cohort study (N=62) of cases serologically diagnosed in La Virginia-Risaralda, Colombia, followed-up by 2-years, demographic and clinical characteristics were collected at baseline. Pittsburgh Sleep Quality Index (PSQI) (licensed) and Fatigue Severity Scale (FSS), validated for Spanish and Colombia (Cronbach  $\alpha$ =0.78 and 0.88), applied to patients with pCHIK-CIR (+) and without (-). Score comparisons (Wilcoxon signed-rank test) and prevalence proportion ( $\chi^2$ ) significances were calculated using Stata IC14.0®.

**Resultados.** We compared 43 patients with persistent rheumatological symptoms (pCHIK-CIR+) and 19 without it (pCHIK-CIR-), all them followed-up for 2 years. Mean age was 44.1 y-old, 69% female. At the PSQI we found significant differences in the wake-up time (item-3), pCHIK-CIR+ do early (median 5:00am versus 6:00am in those pCHIK-CIR-) ( $z=2.699$ ;  $p=0.0069$ ), sleep less time (item-4) (mean 6.46 hours vs 7.79) ( $z=2.51$ ;  $p=0.0121$ ), they have more somnolence from

**Conclusiones.** This is the first study in screen these aspects with validated questionnaires, raising the relevance of such assessments in patients with acute but also chronic chikungunya consequences. Findings have significant implications in areas affected by chikungunya epidemics, as well later endemic areas with chronicity.

#### 103. Social representations of Zika Virus Disease patients, Pereira, Colombia, 2016-2017.

Aguirre-Ruiz M, Caballero-Martinez L, Obando-Solarte L, García-Torres A, Ossa C, Rodríguez A,  
Universidad Tecnológica de Pereira. arodriguezmt@utp.edu.co

**Introducción.** Despite Zika epidemics in Latin America (2015-2016), affecting significantly from morbidity and disability associated to the congenital Zika syndrome and Guillain-Barre syndrome, most of the research has been quantitative. So far, no qualitative studies have been published, especially related to an integrative social vision of health education and prevention.

**Materiales y métodos.** A descriptive qualitative study for the appraisal of social representations was done. This was based on the theory of Serge

Moscovici. The method was Grounded Theory. Interviewed population corresponded to 3 adult patients PCR+.

**Resultados.** The main core derived from the analysis was the "lack of information", particularly derived from the need of more health education, continuous, periodically, and perform by expert health care workers (HCW) trained in Zika and VBD. Despite that, they perceived Zika as dangerous disease and harmful pathogen especially for the pregnant women. However, they have no clarity between the different arboviral diseases from Zika, such as the case of dengue and chikungunya. Although, some preventive practices that they referred at the households, such as avoid collections of water and have information about vector transmission, there is a misinformation about specific practices for prevention of Zika and other VBD, such as boiling water, use of self-prescribed antibiotics, among others. Finally, they referred that information about diagnosis and confirmation was not properly provided by the HCW to them.

**Conclusiones.** Current findings have significant implications, given the lack of preventive information, as well specifically on Zika and other VBD, particularly provided by HCW.

## VIROLOGIA

### 105. Infección natural por virus de dengue y chikungunya en *Aedes aegypti* L. (Diptera: Culicidae) colectados en municipios de Cundinamarca, Colombia por encima de 1800 msnm.

Velandia-Romero M, Mantilla J, Coronel-Ruiz C, Porras A, Jaramillo J, Cabezas L, Calderón-Peláez M, Castellanos J, Olano V, Grupo Virología- Universidad El Bosque, Instituto de Salud y Ambiente -Universidad El Bosque, Medicina Comunitaria- Universidad El Bosque. [mvelandiaro@gmail.com](mailto:mvelandiaro@gmail.com)

**Introducción.** El virus del dengue (DENV) circula en Colombia en municipios por debajo de los 1800 msnm, sin embargo, se ha encontrado el vector *Aedes aegypti* (L) a mayores alturas. Nuestro objetivo fue determinar la presencia de *A. aegypti* y su infección natural con algunos arbovirus (DENV, CHIKV y ZIKV).

**Materiales y métodos.** Se evaluaron los municipios de Ubaque (1850 msnm), Pacho (1900 msnm), Choachí (1960 msnm), Machetá (2100 msnm), Fosca (2100 msnm), Pasca (2200 msnm), Junín (2300 msnm) y Chipaque (2400 msnm). Se buscaron formas inmaduras y adultas del vector en casas seleccionadas aleatoriamente. De las hembras recolectadas se extrajo y amplificó el RNA de los tres virus.

**Resultados.** El vector fue encontrado en tres municipios: Choachí con un índice de infestación de viviendas (IV) por formas inmaduras de 1.6%, índice de Breteau (IB) de 1.6 y una densidad de hembras (DH) de 0.16. En estos individuos se detectó DENV-2, DENV-1 y CHIKV. En Pacho el IV fue de 6.9%, IB: 8.6 y DH: 0.32. En pooles de estos individuos se detectó DENV-2 y CHIKV. En Ubaque se encontró un IV: 22.2%, IB: 33.3 y DH: 0.16, y estos individuos fueron positivos para DENV-2, DENV-1 y CHIKV.

**Conclusiones.** Se registra la presencia de *A. aegypti* por encima de los 1800 msnm en Cundinamarca y de los virus dengue (DENV-1 y DENV-2) y Chikungunya. Estos resultados resaltan los cambios ecológicos del vector, lo cual implica que en estas zonas, se deben implementar estrategias de control y prevención para estas y otras enfermedades.

### 106. Niveles de la proteína de alta movilidad del grupo 1 (HMGB-1) en casos de dengue: un biomarcador útil para determinar la severidad de la enfermedad.

Coronel-Ruiz C, Velandia-Romero M, Pinzón A, Castellanos J, Universidad El Bosque, Hospital Universitario de La Samaritana. [caritocruiz@hotmail.com](mailto:caritocruiz@hotmail.com)

**Introducción.** No se conoce si la proteína de alta movilidad del grupo 1 (HMGB-1) puede ser considerada como marcador pronóstico en dengue. Por lo tanto, se evaluaron los niveles de HMGB-1 en muestras de casos de dengue, síndrome febril no dengue y sin antecedente de infección por DENV.

**Materiales y métodos.** Se analizaron muestras de individuos con síndrome febril recolectadas en el HUS-Girardot. El diagnóstico se realizó utilizando inmunocromatografía (IgM/IgG Duo, NS1), ELISA IgM e IgG, ELISA NS1 y RT-PCR. Las muestras negativas se clasificaron como síndrome febril no dengue y los individuos sin antecedente de infección se consideraron como grupo

control. Los niveles de HMGB-1 se determinaron por ELISA (MyBioSource). Se aplicó la prueba de Kruskal-Wallis con un valor de significancia p. **Resultados.** Se analizaron 180 muestras DSSA (n=26), DSA (N=83), DG (n=22) y SF (n=20), control (n=29). La concentración de HMGB-1 identificada en los grupos fue: DSSA 9.74 ng/ml, DSA 3.84 ng/ml, DG 4.62 ng/ml, SF 4.24 ng/ml y control 10.14 ng/ml. Se encontraron diferencias en la concentración de HMGB-1 según la edad >5 a 9.

**Conclusiones.** HMGB-1 se encontró elevada en pacientes con DSSA y en los controles. Es necesario profundizar este análisis para establecer su utilidad como marcador pronóstico, ya que esta proteína puede estar involucrada en diferentes eventos en la patogénesis de la enfermedad.

### 107. Circulación del Virus Sincitial Respiratorio como principal agente etiológico asociado con el Síndrome Coqueluchoide en Bogotá durante el periodo 2014 al 2017.

Maldonado L, Calderón M, Velandia D, Secretaria Distrital de Salud - Laboratorio de Salud Pública. [ljmaldonado@saludcapital.gov.co](mailto:ljmaldonado@saludcapital.gov.co)

**Introducción.** El Síndrome Coqueluchoide (SC) se caracteriza por presentar manifestaciones clínicas similares a la tos Ferina, causada por *Bordetella pertussis*. Durante los picos epidémicos de la enfermedad respiratoria en Bogotá, se observa un incremento de casos probables de Tos Ferina en los que no se confirma la presencia de *B. pertussis*. Éste estudio describe la circulación del Virus Sincitial Respiratorio (VSR) como principal agente etiológico asociado con el Síndrome Coqueluchoide en Bogotá durante el periodo 2014 al 2017.

**Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo descriptivo para casos probables de tos ferina, con diagnóstico para Virus respiratorios (VR) y resultado negativo para *Bordetella spp.*, en muestras recibidas y analizadas por el Laboratorio de Salud Pública de Bogotá entre los años 2014 y 2017. Los datos fueron obtenidos a partir del Sistema de Información del Laboratorio de Salud Pública.

**Resultados.** Entre los años 2014 y 2017, se recibió un total de 1.173 para diagnóstico simultáneo de VR y Tos Ferina, de las cuales 1.137 (96.9%), presentaron resultado negativo para *Bordetella spp.* En el 37.4% de las muestras fue posible detectar VSR, siendo los meses de abril a junio donde se observó la mayor positividad (superior al 50%). Los niños menores a 1 año fueron los más afectados (96.5%).

**Conclusiones.** La alta positividad del VSR en muestras de casos probables de tos ferina, demuestran una relación de este virus con el Síndrome Coqueluchoide en Bogotá. Los signos y síntomas de la enfermedad respiratoria causada por VSR no permiten su diferenciación con casos probables de Tos Ferina.

### 108. Influencia de la variabilidad climática en la frecuencia y distribución de los casos de dengue en Palmira Valle del Cauca entre el 2010 y 2015.

Montoya M, Noguera D, Pacheco R, Universidad Libre. [robinson.pacheco.73@gmail.com](mailto:robinson.pacheco.73@gmail.com)

**Introducción.** Diferentes factores ambientales como la temperatura y la pluviosidad determinan la dinámica poblacional y el período de incubación de los vectores, lo que a su vez influye en la transmisión e incidencia del dengue. Objetivo: Determinar influencia de la variabilidad climática en la frecuencia de los casos de dengue en Palmira Valle del Cauca entre el 2010 y 2015.

**Materiales y métodos.** Estudio ecológico exploratorio, sobre registro de casos notificados de Dengue al programa de control de vectores de Palmira Valle del Cauca

**Resultados.** Se registraron 2.832 casos durante el periodo de estudio en 2010 se reportó la cifra más alta con 787; el promedio anual fue de 472. El sexo masculino predominó con 55%. El régimen contributivo fue el aseguramiento más frecuente con 80%, 2010 fue el año con la mayor incidencia 78/100.000 habitantes; el coeficiente de Pearson demostró que la incidencia notificada de dengue en Palmira tiene correlación positiva y fuerte en los periodos más lluviosos y calurosos. Las comunas 5 y 6 presentaron el mayor riesgo de transmisión del dengue.

**Conclusiones.** La incidencia notificada del dengue en Palmira está fuertemente determinada por las variables ambientales como las precipitaciones y la temperatura promedio. Los análisis temporales espaciales son una buena herramienta para entender la dinámica de la transmisión, y generar evidencia para implementar medidas de prevención y control de acuerdo a las características ambientales esperadas.



**109. Evidencia de la persistencia de virus zika en suero, orina y leche materna.**

Parra-Álvarez, S, Villamil-Gómez W, Coronel-Ruiz C, Castellanos J, Calvo E,  
*Grupo de Virología; Universidad El Bosque. Bogotá; Colombia, Grupo de Enfermedades infecciosas y control de infecciones. Hospital Universitario de Sincelajo. castellanosjaime@unbosque.edu.co*

**Introducción.** Ha sido demostrado que el virus de zika (ZIKV) además de la transmisión vectorial también es transmitido transplacentariamente, por contacto sexual y por transfusiones y se ha reportado RNA viral por hasta un mes en diferentes fluidos corporales. En este trabajo se describe un caso de detección persistente del virus de zika en el suero, orina y leche materna de una mujer infectada durante el embarazo.

**Materiales y métodos.** Se obtuvieron muestras de suero, orina y leche materna a diferentes tiempos de una paciente previamente diagnosticada con enfermedad por ZIKV. El RNA viral fue aislado con el sistema QIAamp Viral RNA (Qiagen) siguiendo las instrucciones del fabricante y procesado por RT-PCR anidada usando el protocolo triple viral reportado previamente, para la detección de DENV, CHIKV y ZIKV. Las muestras biológicas fueron inoculadas sobre células Vero para hacer aislamiento viral y detección por inmunofluorescencia y los sobrenadantes fueron procesados para la detección del RNA de los tres virus.

**Resultados.** El ZIKV fue el único arbovirus detectado en las muestras y se encontró señal positiva para su RNA durante la fase aguda en el suero, orina y leche materna. Las muestras de orina y leche materna tomadas 90 días después de la primera, fueron positivas. No fue posible obtener un aislamiento viral de las muestras.

**Conclusiones.** Se confirmó en este caso la persistencia de la infección por ZIKV en una mujer lactante. Se debe investigar el papel que cumple la excreción permanente del virus en la transmisión vectorial, vertical y sexual.

**110. Análisis filogenético de Virus Dengue-1 y Dengue-2 en pacientes con síndrome febril de la frontera colombo-venezolana.**

Carrillo-Hernandez M, Ruiz-Saenz J, Jaimes L, Usme-Ciro J, Martinez-Gutierrez M,  
*Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA, Universidad Cooperativa de Colombia, Laboratorio clínico; ESE Hospital Jorge Cristo Sahium. Norte de Santander, Centro de Investigación en Salud para el Trópico-CIST, Universidad Cooperativa de Colombia. marlen.martinezg@campusucc.edu.co*

**Introducción.** El virus dengue (Denv) es endémico en Colombia siendo Norte de Santander una de las regiones con el mayor número de casos. El objetivo fue realizar un análisis filogenético del Denv-1 y Denv-2 en una cohorte de pacientes con síndrome febril de Norte de Santander.

**Materiales y métodos.** Se recolectaron 157 sueros de pacientes diagnosticados como casos sospechosos de dengue, chikungunya y zika. Se realizó diagnóstico por rt-PCR, obteniendo 30 positivas para Denv-2 y dos para Denv-1. En siete de estas muestras se logró amplificar y secuenciar gen completo de la proteína de Envoltura, las secuencias se editaron usando SeqMan PRO V-15.0, se alinearon utilizando CLUSTAL W con cepas previamente reportadas en el GenBank y se construyeron árboles filogenéticos usando el Software MEGA 7.0.

**Resultados.** La única muestra de Denv-1 (genotipo V) presentó una identidad del 99% con cepas reportadas en Santander (año 2008, GQ868570) y en Ecuador (año 2014, KY474307), mientras que las seis muestras de Denv-2 (genotipo Asiático/Americano) presentaron una identidad del 99% con cepas reportadas en Colombia (año 2010, FJ850107) y en Venezuela (año 2008, KX901649). Adicionalmente se evidenció una topología polifilética indicando que las cepas de Denv-2 circulantes en la región pertenecían a diferentes eventos epidemiológicos o diferentes orígenes virales.

**Conclusiones.** Los Denv-1 y Denv-2 circulantes en Norte de Santander se relacionaron con secuencias previamente reportadas en la región y el país. Se hace necesario realizar estudios más profundos de evolución que permitan entender la epidemiología molecular de la circulación del Denv en la región fronteriza Colombo-Venezolana. DINAI 1882-2016.

**111. Distribución temporoespacial del riesgo notificado de Dengue, Chikungunya y Zika y su relación con factores climáticos y el índice aélico en Cali, Colombia 2014-2016.**

Perez G, Quiroz A, Pacheco R, Secretaria de Salud Pública Municipal de Cali, Universidad Libre. robinson.pacheco.73@gmail.com

**Introducción.** Cali es una ciudad de alta transmisión de enfermedades vectoriales, en la dinámica de transmisión de Dengue, Chikungunya y Zika es multifactorial y se considera que la temperatura y precipitación son determinantes. Determinamos la distribución temporoespacial del riesgo notificado de Dengue, Chikungunya y Zika y su relación con factores climáticos y el índice aélico en Cali, Colombia.

**Materiales y métodos.** realizamos un estudio mixto descriptivo de corte transversal para determinar la frecuencia de Dengue, Chikungunya y Zika, y un ecológico exploratorio para identificar agrupamientos y evaluar la relación con el índice aélico, temperatura y precipitación.

**Resultados.** Se analizaron 46857 registros de casos notificados Dengue, Chikungunya y Zika entre 2014 – 2016. El mayor número de casos correspondió a dengue, y el sexo femenino fue el más afectado con 65%. La mediana de edad más alta la presentó Chikungunya 42 años. Se identificaron dos agrupamientos significativos ( $p \leq 0.05$ ) de Dengue, dos de Chikungunya y tres de Zika. Se presentó una correlación directa y fuerte con índice aélico y el comportamiento de temperatura y precipitación por medio de rásteres algunas zonas de Cali. La mayoría de los conglomerados se presentaron en población vulnerable.

**Conclusiones.** Las enfermedades vectoriales presentan agrupamientos geográficos y temporales en Cali, y están influenciados por determinantes ambientales y socioeconómicos. El índice aélico a su vez se correlaciona positiva y fuertemente con la temperatura y la pluviosidad. Los análisis espaciales son una importante herramienta para el estudio de la dinámica población vectorial y su relación con la incidencia notificada de las enfermedades vectoriales.

**112. Evaluación *in silico* del potencial zoonótico de una cepa colombiana del Virus del Distemper Canino (CDV) mediante modelamiento de la Hemaglutinina viral y su interacción con receptores celulares humanos.**

Rendón-Marín S, Quintero-Gil C, Ruiz-Saenz J,  
*Grupo de Investigación en Ciencias Animales - GRICA; Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia; Universidad Cooperativa de Colombia. julian.ruiz@campusucc.edu.co*

**Introducción.** La Hemaglutinina del CDV es esencial para la adhesión a receptores celulares en las diferentes células hospedadas. Se han descrito al menos 3 receptores, entre los que se encuentran Nectina-4 en células epiteliales y SLAM en células mononucleares. La similitud estructural entre los receptores de células humanas y de canino puede delimitar el potencial zoonótico del CDV. El objetivo del trabajo fue modelar la Hemaglutinina del CDV de una cepa de referencia y otra colombiana para evaluar la interacción, mediante docking molecular, con un dominio de los receptores Nectina-4 y SLAM humanos y establecer, *in silico*, el potencial zoonótico del CDV.

**Materiales y métodos.** Las secuencias de aminoácidos de la Hemaglutinina de ambas cepas de CDV fueron obtenidas de Genbank (AAG15490.1 y AHZ01280.1). Los modelos se realizaron por homología mediante el Software Modeller®, con base en la estructura cristalizada para la Hemaglutinina de Sarampión (PDB:2RKC). Estos fueron refinados con ModRefiner y se determinó la interacción de las Hemaglutininas de CDV con un dominio de los receptores humanos usando Autodock Vina.

**Resultados.** El RMSD de los modelos refinados respecto a la proteína molde fue menor a 1Å. Tanto la cepa de referencia como la cepa colombiana mostraron energías de unión favorables con los receptores humanos, entre -5.9 y -7.8 Kcal/mol.

**Conclusiones.** *in vitro*, se encontraron energías de unión que sugieren la interacción favorable con los receptores humanos (Nectina-4 y SLAM) y por tanto un posible potencial zoonótico del CDV. Se están desarrollando estudios *in vitro* para confirmar este resultado. COLCIENCIAS-123171249669. MINAMBIENTE Contrato 132/2016-RGE177.

**113. Seropositividad contra el virus de la Hepatitis E en pacientes hospitalizados en la Clínica León XIII en la ciudad de Medellín en 2017.**

Palacio M, Osorio J, Torres J, Bedoya A, Gaviria Ó,  
*Universidad de Antioquia, IPS Universitaria Clínica León XIII. josel.torres@udea.edu.co*

**Introducción.** La infección causada por el Virus de la Hepatitis E (VHE) es un problema importante de salud pública. Este patógeno es emergente y causal de hepatitis aguda pero también puede inducir hepatitis crónica en individuos inmunocomprometidos. En Colombia no existen pruebas serológicas en los protocolos diagnósticos que confirmen una infección asociada al VHE.

**Objetivo.** Determinar la seropositividad contra el VHE en pacientes hospitalizados en la Clínica León XIII en la ciudad de Medellín en 2017.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo. Se obtuvieron muestras de suero de pacientes hospitalizados en la clínica León XIII con resultados negativos para serología de los virus de la hepatitis A y B en la ciudad de Medellín en 2017. Los pacientes completaron una encuesta aprobada por el comité de ética de la misma institución. La presencia de anticuerpos se determinó mediante un kit comercial ELISA.

**Resultados.** Se analizaron 48 muestras de suero. Se encontró que la frecuencia de seropositividad IgG fue 9,5% (4 de 42) e IgM 2,1% (1 de 48). De las 48 personas que hicieron parte del estudio, 26 presentaban algún inmunocompromiso, ninguno fue positivo para IgM anti-HEV, mientras que 3 (14,3%) resultaron positivos IgG anti-HEV.

**Conclusiones.** Se evidencia la presencia y circulación del virus en la ciudad. Se observa que los pacientes con inmunocompromisos se relacionan con la seropositividad de tipo IgG, lo que es acorde con el comportamiento descrito del virus en estos pacientes, dando lugar a la implementación de medidas preventivas para disminuir la propagación y transmisión del VHE en esta población. Financiación: Grupo de Microbiología ambiental.

#### EPIDEMIOLOGIA HOSPITALARIA, INFECCIONES INTRAHOSPITALARIAS Y CONTROL DE INFECCIÓN

##### 114. Factores de riesgo al aislamiento de microorganismos nosocomiales en pacientes con diagnóstico de neumonía comunitaria.

Díaz-Vélez C, Castro-Constantino J, Fernández-Mogollón J, Apolaya-Segura M,  
Hospital Nacional Almazora Aguinaga Asenjo, Universidad de San Martín de Porres. cristiandiazv@hotmail.com

**Introducción.** Las infecciones nosocomiales son las infecciones contraídas durante una estancia en el hospital que no se habían manifestado ni estaban en periodo de incubación en el momento del internamiento del paciente. Objetivos: Identificar los factores de riesgo al aislamiento de microorganismos nosocomiales en pacientes con diagnóstico de neumonía comunitaria.

**Materiales y métodos.** Estudio de casos y controles independientes, la muestra calculada con proporción de casos con uso previo de antibiótico de 47,9%, proporción de controles con uso previo de antibiótico de 16,9%, un control por caso, nivel de confianza de 95% y potencia de 86%, se obtuvo 48 casos y 48 controles, incluyéndose a >18 años, con diagnóstico de neumonía adquirida en la comunidad (NAC) con cultivo bacteriano excluyéndose a pacientes con NAC sin cultivo bacteriano.

**Resultados.** Los microorganismos aislados en mayor frecuencia *Streptococcus pneumoniae* (37,5%), *Haemophilus influenzae* (31,3%) en los controles y *Klebsiella pneumoniae* (29,9%), *Pseudomonas aeruginosa* (20,8%). El 66,7% de los casos tuvieron hospitalización previa, 20,8% ingreso a la UCI y 43,8% diabetes mellitus, comparado a 27,1% de los casos tuvieron hospitalización previa, 4,2% ingreso a la UCI y 25,0% diabetes mellitus. Los factores de riesgo hallados fueron hospitalización previa (OR: 5,38, IC95%: 2,24-12,91), hospitalización en UCI (OR: 6,05, IC95%: 1,24-29,32) y diabetes mellitus (OR: 2,33, IC95%: 1,00-5,49).

**Conclusiones.** La diabetes, hospitalización previa en general o unidad de cuidados intensivos son factores de riesgo al aislamiento de microorganismos nosocomiales en pacientes con diagnóstico de neumonía comunitaria.

##### 115. Prevalencia de consumo y resistencia de antibióticos en un hospital colombiano.

Nocua-Báez L, Guarnizo A, Pulido M, Martínez E, Olarte T, Cáceres D, Cortés J,  
Universidad Nacional de Colombia. lcnocub@unal.edu.co

**Introducción.** La resistencia bacteriana es un fenómeno mundial relacionado al uso de antibióticos. El objetivo de este estudio fue determinar la prevalencia del consumo y resistencia de antibióticos en un hospital colombiano, con una herramienta estandarizada.

**Materiales y métodos.** Estudio de tipo observacional, descriptivo y transversal de prevalencia de punto. La población correspondió a los pacientes con uso de antimicrobiano en el Hospital Engativá de Bogotá a las 8 de la mañana del día de aplicación de la encuesta "Global Point Prevalence Survey on Antimicrobial Consumption and Resistance Global - PPS". La información se obtuvo de la plataforma de historias, y se consignó en formularios, obteniendo datos de antibióticos, diagnósticos y hallazgos microbiológicos.

**Resultados.** Se incluyeron 147 pacientes, 58 (39%) con tratamiento antibiótico. Urgencias tuvo la mayor frecuencia de prescripción (9/19, 47%). La profilaxis correspondió a (5/58, 9%), principalmente médica 3/5 (60%). 36% (21/58) de los pacientes recibió más de un antibiótico. Los betalactámicos fueron los más formulados (45/84, 54%). La vancomicina solamente fue utilizada en la unidad de cuidado intensivo. El tratamiento fue empírico en el 87% de los casos. La mayor variedad de uso de antimicrobianos se presentó en la infección respiratoria con 9/37, 24% de los medicamentos (4 para un caso de tuberculosis) y para la infección cardiovascular solo 2/37, 5%.

**Conclusiones.** Es muy frecuente el uso intrahospitalario de antibióticos, la mayoría empíricos, incluyendo la formulación de más de un antimicrobiano. Hubo una alta cantidad de antimicrobianos diferentes formulados para algunas patologías.

##### 116. Microbiología de la Infección del torrente sanguíneo asociada a catéter central en instituciones hospitalarias de Antioquia, 2014-2017.

Maldonado N, Atehortúa S, Robledo C, Robledo J, Germen G,  
Laboratorio Médico Referencia, Hospital San Vicente Fundación de Rionegro; Clínica Universitaria Bolivariana, Corporación para Investigaciones Biológicas; Universidad Pontificia Bolivariana, Grupo GERMEN. natalia.maldonado@yahoo.com

**Introducción.** La infección del torrente sanguíneo asociada a catéter central (ITS-AC) es una entidad de alta relevancia a nivel hospitalario dada su alta frecuencia, morbilidad, mortalidad y por ser un evento potencialmente evitable.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo que incluyó la información de 632 pacientes con ITS-AC en instituciones hospitalarias de Medellín entre 2014-2017, según los lineamientos del protocolo de vigilancia de infecciones asociadas a dispositivos del Instituto Nacional de Salud, consignadas en el Whonet 5.6.

**Resultados.** Los microorganismos más frecuentes fueron *Staphylococcus epidermidis* (50,8%) y *Staphylococcus aureus* (11,5%) en neonatos; *S. epidermidis* (21,1%) y género *Candida spp.* (16,7) en pediatría y *Klebsiella pneumoniae* (19,7%) y *S. aureus* (10,7%) en UCI adultos. La sensibilidad de *S. aureus* fue de 82% a oxacilina, >90% a clindamicina, trimetoprim/sulfametoxazol y 100% a vancomicina. La sensibilidad de *Staphylococcus coagulans* negativa a vancomicina fue 100%. En bacilos gram-negativos la sensibilidad a carbapenémicos fue del 100% para *E. coli*, superior al 87% para *K. pneumoniae*, 79,4% para *S. marcescens* y 76,7% para *P. aeruginosa*, mientras que la sensibilidad a piperacilina/tazobactam fue >80% en la mayoría, excepto en *K. pneumoniae* (70,7%). La proporción de producción de Betalactamasas de Espectro Extendido en este periodo de tiempo fue del 23,8% y 17,6% para *K. pneumoniae* y *E. coli*, respectivamente.

**Conclusiones.** La etiología de la ITS-AC varía según el tipo de unidad y la edad de los pacientes, la epidemiología local es importante para determinar la terapia empírica.

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

Gonzalez A, Gamba L, Linares C, Valderrama S, Gualtero S, Alvarez C,  
Hospital Universitario San Ignacio. apgonzalez@husi.org.co

**Introducción.** La higiene de manos es la medida más efectiva para prevenir las Infecciones Asociadas a la Atención en Salud (IAAS), contar con una estrategia sólida es fundamental para mejorar el cumplimiento y reducir los índices de infección.

**Materiales y métodos.** En un periodo de seis años se han desarrollado y evaluado las 5 fases de la OMS implementadas en la institución a finales del 2011, se han observado los índices de infección y cumplimientos en higiene de manos, se ha evaluado la infraestructura, el conocimiento y percepción de los trabajadores de la salud, siguiendo la metodología de la OMS.

**Resultados.** La adherencia a los cinco momentos fue de 76,8% para el 2012, para el 2016 99,7% y 97% en el 2017. El índice de IAAS disminuyó de 4,2 en 2011 a 2,6 en 2016 y 1,9 en 2017. Las enfermeras obtienen un cumplimiento del 97,6%, las auxiliares 96,8%, otros profesionales 96,1% y los médicos 95,5%. Las unidades de recién nacidos y cuidados intensivos sobrepasan por sus adecuados resultados. La percepción fue del 89% en 2012 y 85,7% en 2018, en conocimientos se obtuvo un 20,9% en 2012 y 99,3% en 2018, en infraestructura 73,6% en 2012 y 100% en 2018.

**Conclusiones.** Se obtuvo una reducción de IAAS después del inicio de esta estrategia. Para lograr las metas es importante el desarrollo de cada una de las fases de la estrategia, la educación y retroalimentación permanente, con el fin fortalecer el cambio cultural y permitir el empoderamiento de cada uno de los trabajadores.

#### 118. Comparación del tratamiento empírico de IAAS y el perfil de resistencia en pacientes oncológicos del eje cafetero.

Pérez L, Moncayo J, Guaca Y, Santacruz J, Corredor Z, Escobar J.  
*Universidad Tecnológica de Pereira, Universidad El Bosque.*  
 luijelperez@utp.edu.co

**Introducción.** Los pacientes oncológicos son más susceptibles a contraer IAAS. Es importante identificar, prevenir y seleccionar tratamientos, teniendo en cuenta la resistencia antimicrobiana. Objetivo principal: Comparar el tratamiento empírico de IAAS frente al perfil fenotípico y genotípico de resistencia en pacientes oncológicos del eje cafetero.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo experimental, realizado clínicas oncológicas del Eje Cafetero, mayo 2016 - noviembre 2016. Se estudiaron aislamientos de *E. coli*, *P. aeruginosa*, *K. pneumoniae* y *A. baumannii* de pacientes oncológicos mayores de edad. Comparación del tratamiento empírico contra bacterias Gram negativas causantes de IAAS: Análisis de antibiogramas, tratamientos de los pacientes y genotipificación para  $\beta$ -lactámicos, carbapenémicos, sulfonamidas, quinolonas y aminoglucósidos. Se aplicó prueba exacta de Fisher, considerándose estadísticamente significativos valores de  $(p) \leq 0,05$  con IC del 95%.

**Resultados.** Se recolectaron 114 aislamientos. La coincidencia entre tratamiento y resistencia, fenotípica y genotípica respectivamente, para  $\beta$ -lactámicos fue 77,97% y 36,48% ( $p < 0,05$ ), para carbapenémicos 80,00% y 58,67% ( $p = 0,037$ ), para quinolonas 72,73% y 100% ( $p = 0,012$ ), para sulfonamidas 66,67% y 66,67% ( $p = 0,799$ ) y para aminoglucósidos 100% y 57,14% ( $p < 0,05$ ).

**Conclusiones.** El tratamiento empírico de las IAAS en pacientes oncológicos del Eje Cafetero difiere con los perfiles de resistencia que se presentan en la región, siendo mayor la diferencia genotípica en  $\beta$ -lactámicos, carbapenémicos y aminoglucósidos, mayor la diferencia frente al fenotipo en quinolonas y sin diferencias significativas para sulfonamidas. Estos resultados son importantes para la implementación de protocolos de identificación de la resistencia genotípica y para mejorar los tratamientos contra infecciones.

#### 119. Perfil Epidemiológico de las Infecciones Urinarias Complicadas en la Fundación Hospital Universitario Metropolitano.

Guevara E, Bilbao J, Osorio E, Sajona E, Peña L, Patiño J,  
*Universidad Metropolitana. edwinguevararomero@gmail.com*

**Introducción.** Las Infecciones del Tracto Urinario (ITU) son una de las infecciones bacterianas más diagnosticadas a nivel mundial. Las ITU son complicadas cuando afectan a individuos con anomalías estructurales o neurológicas a nivel del tracto urinario o padecen de alguna comorbilidad. El objetivo de este trabajo es describir el perfil epidemiológico de infección urinaria complicada en adultos de la Fundación Hospital Universitario Metropolitano.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio epidemiológico observacional descriptivo transversal. Se determinó la frecuencia de los microorganismos y su perfil de resistencia, se describió el tratamiento antibiótico empírico. En todos esos parámetros se hizo comparación entre casos y controles. En la comparación de las variables cuantitativas se usó la prueba U de Mann Whitney, mientras las variables cualitativas se compararon con chi cuadrado.

**Resultados.** Los microorganismos más frecuentemente aislados fueron: *Escherichia coli* (61,2%), *Klebsiella pneumoniae* (13,2%) y *Enterobacter cloacae* (5,8%). El 92,6% de los microorganismos aislados presentaron resistencia al menos a un antibiótico; el 53,7% presentó resistencia a más de 3 antibióticos. Los antibióticos más frecuentes usados como tratamiento empírico fueron: Piperacilina Tazobactam (22,3%), Ampicilina sulbactam (20,7%) y Ceftriaxona (20,7%). En el 42% de los pacientes hubo cambio del tratamiento.

**Conclusiones.** La *Escherichia coli* se encontró con la mayor frecuencia de microorganismos asociados a las infecciones urinarias complicadas. El tratamiento empírico más frecuente es Piperacilina Tazobactam El 42% de los pacientes se les cambia el tratamiento inicial.

#### 120. Deteniendo la resistencia a los antibióticos: un reto para la seguridad de los pacientes.

Salcedo S, Granadillo C, Fernandez D, Mora L, Marín A, Manotas K, Zabala J,  
*Organización Clínica General del Norte. lamoramoreo@gmail.com*

**Introducción.** La Resistencia a los Antimicrobianos (RAM) es responsable de 23.000 muertes por año en USA, asociándose a mayor mortalidad y costos. Por ende, el objetivo de un programa de Optimización de Antimicrobianos (PROA) es fomentar el uso apropiado de antibióticos para ofrecer los mejores resultados clínicos, menor riesgo de efectos adversos, promover costo-efectividad y reducir o estabilizar los niveles de resistencia bacteriana.

**Materiales y métodos.** Implementar un PROA comprende: un diseño del PROA adaptado a la institución, que se difunda a los profesionales; la conformación de un equipo multidisciplinario; disponibilidad de un recurso humano dedicado a las actividades diarias del PROA. Implementar técnicas de identificación microbiológica; accesibilidad a datos hospitalarios para medir indicadores (de proceso y resultado) e informes periódicos de perfil de resistencia microbiológica.

**Resultados.** La Dosis Diaria Definida(DDD) presenta tendencia a la disminución en los años evaluados, niveles que están por debajo del consumo nacional. La evaluación de la adherencia a la guía terapéutica antimicrobiana empírica en el segundo semestre del 2017 muestra porcentajes por encima del 70%. El control de prescripción de antibiótico mantuvo iguales porcentajes de resistencia entre el 2016 y 2017 tanto para Gram negativos y positivos.

**Conclusiones.** Vigilar la DDD permite tomar decisiones sobre el uso adecuado de antibióticos. Los antibióticos presentaron tendencia a la disminución en los 3 años evaluados. Los carbapenémicos de amplio espectro impactan en la aparición de RAM. Se debe incorporar conceptos de uso seguro de antibiótico a través de un PROA. Fomentar mejoras para fortalecer los sistemas de prescripción segura.

### MICOLOGIA

#### 121. Epidemiología de la criptococosis en el departamento del Atlántico (1997-2017).

Noguera M, Escandón P, Arévalo M, García Y, Suárez L, Rodríguez J, Castañeda E,  
*Universidad Metropolitana, Instituto Nacional de Salud.*  
 maclarog@gmail.com

**Introducción.** La criptococosis meníngea es la segunda infección oportunista más frecuente en Colombia en pacientes VIH+, con una incidencia poblacional general (1997-2016) de 0,23 casos por 100,000 habitantes; en la población VIH/sida es de 1,1 por 1000 habitantes. El departamento del Atlántico reportó 41 casos de criptococosis (1997-2014) con una prevalencia general de 1,9 casos  $\times$  100,000 habitantes. Según SIVIGILA (2012), la incidencia de casos VIH/sida para Barranquilla y Atlántico ( $33,7 \times 100,000$  y  $19,4 \times 100,000$  habitantes, respectivamente) superó la media nacional ( $16,4 \times 100,000$  habitantes) presumiéndose un subregistro importante de casos de criptococosis que actualmente buscamos disminuir desde una búsqueda activa en instituciones de salud. Objetivo: Describir la distribución, factores determinantes y frecuencia de la criptococosis en el Atlántico.

**Materiales y métodos.** Estudio observacional-descriptivo (1997-2017) que recopiló información de casos identificados en hospitales públicos/privados en la Encuesta Nacional sobre la Criptococosis. El diagnóstico de laboratorio se realizó con exámenes micológicos estandarizados.

**Resultados.** Se reportaron 88 casos con prevalencia de 4,0 casos  $\times$  100,000 habitantes; edad promedio 38 años, 82% hombres, 77,2% VIH+. Las principales manifestaciones clínicas fueron cefalea (68%), náuseas/vómito (51%), fiebre (55%) y confusión (35%). Hubo cuatro recaídas (mortalidad del 25%). De 82 aislamientos recuperados, 79 fueron *Cryptococcus neoformans* (VNI, VNIII) y tres *C. gattii* (VGI, VGII); dos casos fueron diagnosticados mediante examen directo y cuatro con antigenemia.

**Conclusiones.** La criptococosis en Atlántico afecta especialmente a hombres VIH/sida con edad promedio de 38 años, observándose incremento en la prevalencia general posiblemente asociado a la búsqueda activa de casos.

**122. Actividad biológica de los lípidos extraídos de dos aislamientos de *Fusarium oxysporum* (vegetal y clínico) en *Galleria mellonella*.**

Sepúlveda-Rivera J, Araque P, Peláez C, Jiménez M,  
Universidad de Antioquia. [jessica.sepulveda.95@gmail.com](mailto:jessica.sepulveda.95@gmail.com)

**Introducción.** *Fusarium oxysporum* (Hypocreales: Nectriaceae) es un patógeno que en plantas ocasiona pudrición y marchitamiento y en humanos causa micosis superficiales como onicomicosis y micosis sistémicas

**Materiales y métodos.** Se inyectaron larvas del modelo *Galleria mellonella* conidias de ambos aislamientos con concentraciones de  $10^4$ ,  $10^5$ ,  $10^6$  y  $10^7$  conidias/mL, empleando Tween 80 como surfactante. Los extractos lipídicos se obtuvieron por el método soxhlet con hexano, diclorometano y metanol, fueron caracterizados por HPLC-MS y TLC, y evaluados en concentraciones de  $10^2$ ,  $10^3$  y  $10^4$  µg/mL, usando como control Tween 20. Finalmente se llevó a cabo un coestimulo para evaluar el efecto sinérgico.

**Resultados.** A las 48 horas post-inyección, se encontró que las mortalidades promedio de las larvas con 104, 105, 106 y 107 conidias/mL del aislamiento vegetal, fueron 30%, 53.3%, 93.3% y 100%, respectivamente. Las mortalidades promedio de las larvas con 104, 105, 106 y 107 conidias/mL del aislamiento clínico, fueron 6.7%, 16.7%, 23.3% y 76.7%, respectivamente. Sólo el extracto de metanol del aislamiento vegetal, causó melanización prolongada en las larvas. Las mortalidades promedio de las larvas con 102, 103, 104 µg/mL de extracto metanólico fueron 0%, 30% y 96.7%, respectivamente. Las técnicas cromatográficas muestran la presencia de una mayor cantidad de compuestos en el extracto de metanol del aislamiento vegetal. El coestimulo de lípidos y las conidias del aislamiento vegetal aumentó la mortalidad de larvas, respecto a los tratamientos individuales

**Conclusiones.** Hay diferencias en la virulencia de conidias, y la actividad biológica de los extractos lipídicos, de los aislamientos de *Fusarium oxysporum*.

**123. Comportamiento de la candidemia en instituciones hospitalarias de Medellín y municipios del Valle de Aburrá: resultados de diez años de vigilancia.**

Maldonado N, Berrio I, Roncancio G, Robledo C, Robledo J, Germen G,  
*Laboratorio Médico Referencia, Corporación para investigaciones Biológicas, Hospital General de Medellín, Universidad Pontificia Bolivariana, Grupo GERMEN. natalia.maldonado@yahoo.com*

**Introducción.** *Candida spp.* son uno de los principales agentes etiológicos de infecciones del torrente sanguíneo en hospitales. La tasa de mortalidad por candidemia puede reducirse gracias un diagnóstico y tratamiento tempranos.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo de aislamientos de *Candida* en hemocultivos, entre 2008-2017 en instituciones hospitalarias de Antioquia pertenecientes al Grupo GERMEN. Utilizando Whonet 5.6 se analizaron las frecuencias y sensibilidad antifúngicos. Se emplearon criterios de interpretación de CLSI del 2012 (M27-S4) y con Epi-Info 7.2.2.6 se determinó el Chi2 tendencia lineal con una confianza de 95% y un valor de  $p \leq 0,05$  considerado como significativo.

**Resultados.** *Candida spp.* representó el 2,73% de 57.576 aislamientos en hemocultivos, con proporciones entre 2,52% en 2008 y 2,71% en 2017, periodo durante el cual *C. albicans* fue la especie más frecuente (43,7% a 39,7%, respectivamente), seguida de *C. parapsilosis* (21,8% a 18,4%) y *C. tropicalis* (21,8% a 17,8%); no se encontraron tendencias en el comportamiento, con excepción de *C. glabrata*, que presentó una tendencia significativa al aumento entre 2008 y 2017, pasando del 8% al 17,2% ( $p=0,000$ ). No se observaron cambios importantes en la sensibilidad a fluconazol para *C. albicans*, ni para *C. tropicalis*, pero sí para *C. parapsilosis* que presentó una tendencia significativa a la disminución de la sensibilidad, pasando del 100% en 2010 a 59,1% en 2017, ( $p=0,004$ ).

**Conclusiones.** La tendencia al aumento de *C. glabrata* y el incremento de la resistencia a fluconazol en *C. parapsilosis*, hacen indispensable la identificación de la especie y la determinación de la sensibilidad a antifúngicos en candidiasis invasora.

**124. Distribución de bioaerosoles fúngicos termotolerantes y caracterización molecular de *Aspergillus* sección *Fumigati* resistentes a azoles de áreas relacionadas con hemato-oncología pediátrica en un hospital de cuarto nivel en Bogotá, Colombia.**

Carvajal S, Ramírez P, Ruiz I, López J, Blanco L, Mantilla M, Rodriguez Y, Alvarez-Moreno C, Le Pape P, Parra-Giraldo CM,  
*Pontificia Universidad Javeriana, Universidad Santo Tomás, Hospital Universitario San Ignacio, Universidad Nacional de Colombia, Universidad de Nantes. claudia.parra@javeriana.edu.co*

**Introducción.** Los hongos termotolerantes, se incluyen entre los bioaerosoles ampliamente distribuidos en el ambiente, en individuos con inmunocompromiso pueden causar Enfermedad Fúngica Invasiva (EFI). En donde la mortalidad puede ser hasta de un 80%. A nivel de pediatría niños: con neoplasia maligna hematológica, neutropenia profunda y prolongada con menos de 100 µl-1 por más de 7 días y receptores de trasplante de precursores hematopoyéticos, De los de mayor riesgo. *Aspergillus fumigatus*.

**Materiales y métodos.** Estudio experimental *in vitro*. Se realizaron muestras seriadas de ambiente en: hematología pediátrica usando el equipo MAS-100 ECO, incubadas a 37°C. La identificación de *Aspergillus spp.* se realizó a través de características fenotípicas y MALDI-TOF. La susceptibilidad se midió, por la técnica de CLSI.

**Resultados.** Se recolectaron 336 muestras de las cuales 142 fueron positivas para *Aspergillus* sección *Fumigati*, seguido de 75 para *Aspergillus* sección *Nigri*, 23 para *Aspergillus* sección *Flavi* y 96 muestras negativas para cualquier especie de *Aspergillus*. Los porcentajes más altos de UFC/l, para aislamientos de *A. fumigatus*, se encontraron en UCI neonatal y Urgencias pediátricas con 53,3 y 42,6% respectivamente. Con un n de 72 aislamientos de *A. fumigatus*, ninguna presentó resistencia a voriconazol y 13 fueron resistentes a itraconazol (18%), los cuales 2 (15%) de estos presentaron presuntivamente la mutación TR34/L98H, evaluado mediante el análisis del tamaño en gel de agarosa.

**Conclusiones.** La presencia de *A. fumigatus* persistió a lo largo de los muestreos, posiblemente al gran flujo de personas, la falta de protocolos estrictos y sistemas de ventilación certificados.

**125. Caracterización clínica de la multicolonización por aislamientos del género *Candida* en adultos mayores inmunocompetentes en cuidados intensivos (Caldas, Colombia).**

Florián M, Hernández J, Pérez J, López J, Estrada J,  
*Hospital Departamental Santa Sofía – GRAM, Universidad de Manizales – GRAM, Universidad de Caldas – GRAM, Fundación Universitaria del Área Andina. johanhz03@gmail.com*

**Introducción.** En Caldas no se han realizado estudios sobre *Candida spp.* en pacientes críticos. El presente trabajo busca caracterizar los pacientes mayores de 60 años sin compromiso inmune colonizados por *Candida* al ingreso a la UCI.

**Materiales y métodos.** Estudio unicéntrico, descriptivo, de corte transversal. Muestra aleatoria de adultos mayores inmunocompetentes y sin uso de antifúngicos ingresados a la UCI del Hospital Departamental Santa Sofía durante el 2012. Al ingreso, se tomaron muestras no-estériles, y se identificaron los aislamientos hasta nivel de especie. Se caracterizó el perfil clínico y el grado de colonización mediante análisis descriptivo de variables categóricas y numéricas, seguido de una regresión logística multivariada para explorar factores asociados a multicolonización.

**Resultados.** Se analizaron 189 pacientes tras 8 exclusiones, con un promedio de edad de 72 años (SD +/-8,8), el 52,9% fueron hombres, y el 50,2% provenían de zona rural. El 35,4% de los pacientes presentó multicolonización y se encontró como factores independientemente asociados la ventilación mecánica (OR=2,99 IC95% [1,19 a 7,5; p valor 0,019]) y el diagnóstico de sepsis (OR=3,76 IC95% [1,31 a 10,75; p valor 0,014]). El 44,5% de los aislamientos fueron identificados como *C. albicans*; el 15,4% como *C. glabrata*; y el 15,1% como *C. tropicalis*. Se presentaron dos candidiasis invasivas (1,1%) con igual especie colonizante e invasora.

**Conclusiones.** Uno de cada tres adultos mayores ingresados a la UCI en nuestra región presenta multicolonización por *Candida*, con predominio de *C. glabrata* dentro del grupo no-*albicans*. La multicolonización se asocia independientemente a la presencia de ventilación mecánica y diagnóstico de sepsis.

**126. Evaluación de la actividad antimicrobiana de tres ingredientes activos: ácido bórico, óxido de zinc y triclosán solos y en combinación frente a *Candida albicans* ATCC® 90028.**

Coral A, Gavilanes M, García A,  
*Universidad De Antioquia - Corporación Para Investigaciones Biológicas. alejandra.coral@udea.edu.co*

**Introducción.** *C. albicans*, una de las especies de levadura de mayor importancia clínica, causante de vaginitis, esofagitis, y colitis, de allí la importancia de conocer el efecto de los ingredientes activos utilizados en productos para el área de la salud y aseo personal, como el ácido bórico, óxido de zinc y triclosán que son incorporados en dichos productos, por sus propiedades antimicrobianas. El objetivo de este estudio fue evaluar posibles sinergias o

formas de potenciar la actividad antimicrobiana de algunos ingredientes activos frente a *C. albicans*.

**Materiales y métodos.** Se evaluó la actividad antimicrobiana *in vitro* del ácido bórico, óxido de zinc y triclosán a diferentes concentraciones solos y en combinación frente a *C. albicans*, mediante ensayo de difusión en agar con pozo, basado en protocolos de la CLSI.

**Resultados.** De los ingredientes activos evaluados, el ácido bórico presentó mayor actividad y el Óxido de zinc no presenta actividad frente a *C. albicans*. Se observa una sinergia en las combinaciones de ácido bórico (5.0%) - Triclosán (0.3%) y Triclosán (0.3%) - óxido de zinc (25%).

**Conclusiones.** La actividad antimicrobiana individual del ácido bórico y triclosán se ha demostrado en estudios anteriores frente a *C. albicans*. Sin embargo, este estudio muestra posibles sinergias entre ellos, lo cual abre un campo investigativo amplio en el análisis del comportamiento de las mezclas, encaminado en obtener mejores productos, más eficaces y seguros, para su uso en áreas de la salud y de higiene personal.

## PRESENTACIONES ORALES

### RESISTENCIA BACTERIANA

#### 127. Multi-Drug-Resistant (MDR) gram-negative bacilli in hospital wastewater effluents: a risk of disseminations to the environment.

Rodríguez EA, Morales S, Arias L, Torres R, Arcos Y, Jiménez JN, Línea de Epidemiología Molecular Bacteriana, Grupo MICROBA, Universidad de Antioquia, Grupo de Biotecnología Microbiana, Grupo GL-RAB, Grupo de Biotecnología Microbiana. sara-nd@hotmail.com

**Introducción.** Hospital Waste Water (HWW) has been designated as an important reservoir of bacterial resistance. In Colombia's hospitals, the problem of bacterial resistance, particularly in Gram-Negative Bacilli (GNB), is quite worrying. However, little is known about its impact on HWW effluents. The aim of this study was to determine the presence of resistant GNB in HWW effluents.

**Materiales y métodos.** A cross-sectional study was conducted. Water samples were collected from the HWW effluent in April 2016. Quantification and bacterial isolation were performed on LB and MacConkey agar. Identification and susceptibility testing were performed on the VITEK-2 system. Molecular analyzes included PCR for detection of the major extended-spectrum Beta-lactamase groups, ESBLs and the carbapenemase genes blaKPC, blaNDM and blaOXA-48.

**Resultados.** Within the resistant GNB detected, *Aeromonas hydrophila/caviae* was the most frequently found (n=4), followed by *Citrobacter freundii* (n=2), *Klebsiella pneumoniae*, *Serratia plymuthica*, and *Aeromonas sobria*. All isolates showed resistance to ceftriaxone and ampicillin sulbactam. 66.7% (n= 6) were resistant to three or more classes of antibiotics. Three isolates, two from *Citrobacter freundii* and one from *Klebsiella pneumoniae*, carried ESBLs belonging to the CTX-M 1 and TEM group. Likewise, carbapenemase KPC-2 was detected in three environmental isolates *Aeromonas hydrophila/caviae*, *Aeromonas sobria* and *Serratia plymuthica*.

**Conclusiones.** This study demonstrates the presence in HWW effluents of environmental GNB harboring resistant genes of clinical significance, such as ESBLs and carbapenemases. These findings evidence the risk of disseminations of multidrug resistant genes and bacteria to municipal wastewater and the environment. Colciencias (grants 111571149740).

#### 128. Descripción de Tipos de Carbapenemasas Expresadas en *Klebsiella sp.* y *Pseudomonas aeruginosa* en Hospitales de Tercer Nivel de la ciudad de Bogotá, estudio descriptivo.

Remolina S, Escobar C, Saavedra C, Leal A, Saavedra S, Montañez A, Universidad Nacional De Colombia. cjescoabc@unal.edu.co

**Introducción.** La resistencia a carbapenémicos constituye un problema de salud pública, y está mediado principalmente por la presencia de carbapenemasas. El presente estudio se diseñó para caracterizar y describir la frecuencia de los diferentes tipos de carbapenemasas en *Klebsiella sp.* y *Pseudomonas aeruginosa*, en distintas instituciones hospitalarias de la ciudad de Bogotá.

**Materiales y métodos.** Se calculó un tamaño de muestra basado en los porcentajes de resistencia a carbapenémicos en la ciudad de Bogotá. En 6 instituciones de tercer nivel de complejidad se realizó la recolección de estos

microorganismos a los cuales se les realizó múltiples pruebas fenotípicas (Test de Hodge, EDTA, Acido borónico, carbaNP, mCIM) con el fin de documentar la producción de carbapenemasa y posteriormente se realizaron pruebas de reacción en cadena de polimerasa para la detección de diferentes genes de carbapenemasas (KPC, GES, IMP, VIM, NDM, OXA-48)

**Resultados.** La probabilidad de producción de carbapenemasas por parte de *Pseudomonas aeruginosa* fue entre 64 – 80%, con alta producción de KPC (55%) en comparación a metalobetalactamasas (15%), en *Klebsiella sp.*, se documentó una probabilidad de producción de carbapenemasas de un 98%, predominantemente del tipo KPC en el 96.8%, con cepas aisladas con co-producción KPC-Metalobetalactamasa (VIM/NMD).

**Conclusiones.** La carbapenemasa mayormente expresada por *Pseudomonas aeruginosa* en Bogotá es KPC seguido de VIM. Este fenómeno se considera secundario a la transmisión horizontal del gen blaKPC de *Klebsiella sp.* a *Pseudomonas aeruginosa*, situación que se ha documentado en pocos países; pero que es plausible desde el punto de vista biológico, considerando la endemicidad para KPC en nuestro medio.

#### 129. "La guerra es otra vez con palos y piedras": Recuperación de la sensibilidad a penicilina para *Staphylococcus aureus* en Antioquia. 2008-2017.

Maldonado N, Roncancio G, Robledo C, Robledo J, Germen G, Laboratorio Médico Referencia, Clínica Cardiovid y Universidad Pontificia Bolivariana, Corporación para Investigaciones Biológicas; Universidad Pontificia Bolivariana, Grupo GERMEN. natalia.maldonado@yahoo.com

**Introducción.** En los años cincuenta, 100% de *Staphylococcus aureus* era sensible a penicilina. En menos de 10 años, la sensibilidad cayó 10-20%, y para los años setenta era menor al 50% por la diseminación global de penicilinasas tras el masivo uso del medicamento. Para el año 2000, la sensibilidad a penicilina se consideraba una rareza, pero en los últimos 5 años varias publicaciones reportan recuperación de su sensibilidad y efecto terapéutico. El presente trabajo describe la evolución de la sensibilidad a penicilina en Antioquia en la última década.

**Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo de aislamientos de *S. aureus* de pacientes atendidos entre 2008-2017 en instituciones hospitalarias del Departamento. Utilizando Whonet 5.6 se analizó la sensibilidad a penicilina, considerando el primer aislamiento por paciente y con Epi-Info 7.2.2.6 se realizó la prueba de Chi2 de tendencia lineal con un nivel de confianza de 95%; se consideró significativo un valor de p<0,05.

**Resultados.** Se analizaron 8385 aislamientos de *S. aureus* provenientes de pacientes hospitalizados y 918 de pacientes ambulatorios. La sensibilidad a penicilina aumentó tanto en aislamientos de pacientes hospitalizados, pasando de 6,5% en 2008 a 11,6% en 2017 (p=0,000), como en pacientes ambulatorios (10,3% a 20,0%; p=0,125), aunque sólo en los primeros la tendencia fue estadísticamente significativa. La concentración inhibitoria mínima 50 descendió de 16 µg/mL en 2008, a 0,5 µg/mL en 2017 en ambos grupos.

**Conclusiones.** Tal como ocurre en otras latitudes, penicilina empieza a recuperar sensibilidad frente a *S. aureus*. En tiempos de alta presión antimicrobiana y multiresistencia vuelve a ser una alternativa terapéutica.

#### 130. Colonización por *Staphylococcus aureus* sensible y resistente a metilicina (SASM-SARM) en una población de alto costo.

Salazar-Ospina L, Vanegas JM, Jiménez JN. Línea de Epidemiología Molecular Bacteriana; Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA); Universidad de Antioquia. lorena.salazar@udea.edu.co

**Introducción.** La colonización por *S. aureus* ha sido un factor de riesgo para el desarrollo de infecciones y los pacientes en hemodiálisis son un grupo particularmente susceptible. El objetivo de este estudio fue describir las características clínico-epidemiológicas de la colonización por SASM y SARM en un grupo de pacientes en hemodiálisis.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo transversal donde se incluyeron pacientes en hemodiálisis con catéter, provenientes de una unidad renal de la ciudad de Medellín (octubre-2017-abril-2018). La colonización se evaluó con hisopado nasal y en piel alrededor del sitio de inserción del catéter. La información clínico-epidemiológica se obtuvo de la historia clínica; la identificación y susceptibilidad bacteriana se realizó con el sistema Vitek-2.

**Resultados.** Se incluyeron 117 pacientes, el 50,43% (n=59) fueron mujeres. El 35,89% (n=42) de los pacientes presentó colonización por *S. aureus*; 29,05%

(n=34) por SASM y 6,83%(n=8) por SARM. La mediana de la edad fue 61 años (RIC:48-69); sin embargo, presento diferencias entre pacientes colonizados vs no colonizados (57(42-68) vs 65(53-71); p<0,005). Los pacientes fumadores presentaron una mayor colonización vs aquellos pacientes que fumaron en el pasado (25% vs 2,86%; p<0,005) o fueron no fumadores (9,52% vs 1,33%; p<0,005). Además, la colonización se relaciono con la estancia previa en otra unidad renal (38,10% vs 16%; p<0,005) y la estancia previa en UCI (28,57% vs 10,67%; p<0,005) , siendo mayor en los pacientes colonizados vs los no colonizados.

**Conclusiones.** El presente estudio evidencia una alta frecuencia de colonización por *S. aureus* en pacientes en hemodiálisis, siendo necesaria la implementación de medidas para el control y prevención de las infecciones y su diseminación.

### 131. Alta frecuencia de colonización por enterobacterias portadoras de betalactamasas de espectro extendido (blee) en una cohorte de pacientes en hemodiálisis.

Montoya D, Vanegas JM, Jiménez JN; Línea de Epidemiología Molecular Bacteriana;  
Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA);  
Universidad de Antioquia. daniela.montoyau@udea.edu.co

**Introducción.** La colonización por enterobacterias productoras de BLEE ha tenido un aumento importante en los últimos años. Sin embargo, la prevalencia de colonización en grupos susceptibles, como los pacientes en hemodiálisis, no ha sido ampliamente estudiada. El objetivo de este estudio es determinar la prevalencia de colonización por enterobacterias productoras de BLEE en una cohorte de pacientes en hemodiálisis en una unidad renal de Medellín.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo transversal, que incluyó pacientes con enfermedad renal crónica en hemodiálisis entre octubre-2017 y abril-2018. La colonización intestinal por enterobacterias productoras de BLEE fue evaluada a partir de muestras de materia fecal. La identificación y susceptibilidad bacteriana se determinó utilizando agar cromogénico ChromID ESBL y el sistema automatizado Vitek-2. La información clínica y epidemiológica se obtuvo a partir de la historia clínica.

**Resultados.** Se incluyeron 105 pacientes, de los cuales 49 (46,67%) presentaron colonización por enterobacterias portadoras de BLEE. La bacteria más prevalente fue *Escherichia coli* (n=37, 55,71%), seguida por el grupo *Klebsiella spp.*, *Enterobacter spp.*, *Serratia spp.* y *Citrobacter spp.* (n=11, 10,47%). Las comorbilidades más frecuentes fueron la hipertensión arterial y la diabetes mellitus (n=96, 91,4% y n=45, 42,85%; respectivamente). Se encontró una alta frecuencia de uso previo de antibióticos (n=342, 56%) principalmente glicopéptidos y aminoglucósidos (n=29, 27,6% y n=28, 26,6%).

**Conclusiones.** La colonización por enterobacterias portadoras de BLEE en pacientes en hemodiálisis es un problema creciente que necesita atención. Es importante fortalecer la vigilancia epidemiológica e implementar estrategias que eviten su diseminación, dado que éstos pacientes circulan permanentemente en hospitales y en la comunidad.

### 132. Epidemiología genómica de bacterias de impacto clínico en UCI de 5 ciudades de Colombia.

Abril D, Marquez-Ortiz A, Castro-Cardozo B, Moncayo-Ortiz J, Olarte N, Corredor Z, Reyes N, Tovar C, Sánchez H, Guaca-González Y, Llanos-Urbe C, Vanegas N, Escobar-Pérez J. LGMB-  
Universidad El Bosque, Universidad Tecnológica de Pereira, Hospital El Tunal. Universidad de Cartagena. Universidad del Sinú. Hospital Universitario Departamental de Nariño. University of Technology Sydney. escobarjavier@unbosque.edu.co

**Introducción.** La resistencia bacteriana a los antibióticos es un problema de salud pública a nivel mundial. El objetivo del estudio fue realizar una profundización en las características genéticas y genómicas de las 9 bacterias de mayor impacto clínico causando infecciones en UCI de 5 ciudades de Colombia.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio prospectivo, de vigilancia activa de infecciones causadas por 9 bacterias en pacientes atendidos en UCI de 5 ciudades de Colombia entre 2014 y 2016. Se seleccionaron los clones de mayor relevancia clínica de las 5 bacterias de mayor impacto y se secuenció su genoma (33 aislamientos).

**Resultados.** Durante el periodo de estudio, un total de 4.469 pacientes fueron hospitalizados por 17.969 días en las 5 UCI de las 5 instituciones de salud incluidas en el estudio, de ellos 372 presentaron infecciones causadas por las 9 bacterias

de interés (7,6%). En *E. coli* se detectaron 6 aislamientos ST131, uno con blaKPC-2; para *K. pneumoniae* se identificó un aislamiento ST15 que contenía el plásmido pCOL-1 con blaKPC-2; en *P. aeruginosa*, diferentes plataformas movilizándolo el gen blaKPC-2 y blaVIM-2 y una nueva isla genómica PAGI-17. En *A. baumannii* se encontró blaOXA-23 y blaNDM-1, el primero insertado dentro del cromosoma y el segundo movilizado dentro del plásmido pBJ01-like.

**Conclusiones.** La diseminación de la resistencia ha sido a través de la propagación de diversos plásmidos y también por propagación clonal. Se recomienda instaurar medidas específicas para contener cada microorganismo de forma particular y específica. COLCIENCIAS 1308-65741107.

### 133. Diseño mediante mutagénesis dirigida y evaluación de las condiciones de producción y purificación de péptidos de defensa del hospedero recombinantes de *Oxysterion conspicillatum*.

Bedoya J, Téllez G, Henao D, Toro L, Castaño J,  
Universidad del Quindío. jpbedayaa@gmail.com

**Introducción.** La Oxysterlina 3 (OX3) y la Oxysfensina 1 (OF1) son péptidos de defensa del hospedero (HDPs) de la familia de las cecropinas y defensinas, respectivamente, identificados en el escarabajo coprófago *O. conspicillatum*. Se planteó como objetivo diseñar, clonar y evaluar las condiciones de purificación de análogos recombinantes de estos péptidos antimicrobianos.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio experimental *in vitro* (Armenia, 2018). Se diseñó y construyó mediante mutagénesis dirigida un constructo de la OX3 y la OF1 como una proteína de fusión con el tag CPD (cysteine protein domain) y una cola poli-histidinas. Los constructos obtenidos se insertaron en el plásmido pJexpress 404 y se clonaron en las bacterias *Escherichia coli* DH10B y *E. coli* BL21. Se evaluarán las condiciones de producción mediante la inducción de la expresión con IPTG y se evaluaron las condiciones de purificación de los péptidos mediante cromatografía IMAC.

**Resultados.** Se obtuvo el constructo de los péptidos y se insertaron en el plásmido pJexpress404, se logró clonar los plásmidos OX3-CPD y OF1-CPD en ambas cepas de *E. coli* (resultados preliminares).

**Conclusiones.** La obtención de análogos recombinantes de péptidos antimicrobianos permitirá el desarrollo de estudios posteriores sobre estas moléculas de interés en el campo biomédico.

### 134. Descripción de casos de co-producción de carbapenemasas en bacilos Gram negativos (BGN), identificados en la Vigilancia nacional por laboratorio en Colombia, experiencia de cinco años.

Saavedra S, Ovalle M, Rodríguez M, Hidalgo A, González M, Bautista A, Duarte C,  
Instituto Nacional de Salud. sysaavedrar@gmail.com

**Introducción.** Las carbapenemasas A, B y D son el principal mecanismo de resistencia a carbapenémicos. La presencia de dos o más carbapenemasas de manera simultánea en un microorganismo es un evento reportado con mayor frecuencia en los últimos años. Nuestro objetivo es describir la circulación de BGN co-productores de carbapenemasas, identificados en el programa vigilancia nacional de laboratorio de resistencia antimicrobiana en infecciones asociadas a la atención en salud, liderado por el Grupo de Microbiología del Instituto Nacional de Salud (INS).

**Materiales y métodos.** Entre septiembre de 2012 y septiembre de 2017, en el INS se recibieron 3569 aislamientos resistentes a carbapenémicos para confirmación fenotípica y genotípica de carbapenemasas. Adicionalmente, los aislamientos de *Klebsiella pneumoniae* positivos para KPC+NDM fueron tipificados por Diversilab.

**Resultados.** Del total de aislamientos, en 2745 se confirmó presencia de carbapenemasas y de estos 204 fueron co-productores los cuales se distribuyeron en 16 departamentos. Se identificaron diversas combinaciones de carbapenemasas, pero las co-producciones más detectadas fueron: en Enterobacterias KPC+NDM (n=29) , en *Pseudomonas spp.* , KPC+VIM (n=98) y en *Acinetobacter spp.*, VIM+OXA-23 (n=12). Las *K. pneumoniae* KPC+NDM, se identificaron en nueve departamentos, su genotipificación permitió determinar con 95% de similitud cuatro grupos genéticos, G1 (dos aislamientos de Huila), G2 (cuatro aislamientos, tres de Meta y uno de Norte de Santander), G3 (dos aislamientos de Santander) y G4 (dos aislamientos, uno de Antioquia y otro de Cauca) y los aislamientos restantes presentaron perfiles únicos.

**Conclusiones.** La circulación de BGN co-productores de carbapenemasas es preocupante por los desafíos que implican su detección, contención y manejo terapéutico.

**MEDICINA TROPICAL  
(INCLUYE ZONOSIS, MEDICINA DEL VIAJERO)**

**135. Detección de especies de *Rickettsia sp.* en pulgas *Ctenocephalides felis* de perros y gatos en zonas priorizadas del departamento del Cauca**

Betancourt P, Martínez H, Gil J, Olaya A, Ospina M, Benavides E, Bolaños E, Hidalgo M.  
Pontificia Universidad Javeriana, Universidad Libre; Seccional Cali, Universidad de la Salle. Secretaría de Salud Departamental del Cauca. betancourtp@javeriana.edu.co

**Introducción.** Las bacterias del género *Rickettsia*, son microorganismos intracelulares obligados, transmitidos por vectores artrópodos hematófagos obligados. *Rickettsia typhi* y *Rickettsia felis* son patógenos transmitidos por pulgas, ambos se caracterizan por producir enfermedad febril aguda indiferenciada en todo el mundo, por lo que es importante identificar las especies de *Rickettsia sp.* presentes en pulgas de animales domésticos de Caloto, El Tambo, La Sierra y Santander de Quilichao.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal en los municipios de Caloto, El Tambo, Santander de Quilichao y La Sierra en el departamento del Cauca entre julio y noviembre de 2017, donde se detectaron los genes *gltA* y 17 kDa de *Rickettsia sp.* en ADN de pulgas recolectadas y clasificadas taxonómicamente provenientes de perros y gatos domésticos con el consentimiento de su propietario. Adicionalmente se realizó la digestión con la enzima de restricción XbaI para la identificación entre posible *R. typhi* y *R. felis*.

**Resultados.** Se analizaron pulgas recolectadas sobre 100 perros y 10 gatos domésticos de los cuatro municipios, cuya clasificación taxonómica corresponde en el 100% a *Ctenocephalides felis*; a partir de las cuales se hicieron 244 pooles, 144 (59%) pooles fueron positivos para el gen *gltA* por qPCR y 17kDa por PCR convencional, los productos de 17 kDa fueron digeridos con XbaI para el acercamiento a la identificación de especie, teniendo el 100% como posibles *R. felis*.

**Conclusiones.** El 59% de los pooles analizados fueron positivos presumiblemente para *R. felis* lo que corresponde a 69 perros y 6 gatos, distribuidos en todos los municipios. Financiación: Colciencias 120374455.

**136. Depression and anxiety among patients with post-Chikungunya chronic inflammatory rheumatism.**

Rodríguez-Morales A, Ocampo-Serna S, Meneses-Quintero O, Hoyos-Guapacha K, Botero-Castaño G, Gutiérrez-Segura J, Londoño J, Bedoya-Rendón H, Cárdenas-Pérez J, Cardona-Ospina J, González-Colonia C, Lagos-Grisales G,  
Universidad Tecnológica de Pereira. arodriguez@utp.edu.co

**Introducción.** Despite recent significant epidemics of chikungunya (CHIK) (>3 million cases in the Americas during 2014-2015), long-term psychiatric impact of CHIK infection and its chronic inflammatory rheumatism (pCHIK-CIR), has not fully addressed with standardized and validated questionnaires.

**Materiales y métodos.** Cohort study (N=62) of cases serologically diagnosed in La Virginia-Risaralda, Colombia, followed-up by 2-years, demographic and clinical characteristics were collected at baseline. Zung Self-Rating Depression Scale (SDS) and Zung Self-Rating Anxiety Scale (SAS), validated in Spanish and for Colombia (Cronbach  $\alpha=0.92/0.80$ , respectively), were applied to patients with pCHIK-CIR (+) and without (-). Mean score comparisons (Student's t) and prevalence proportion ( $\chi^2$ ) significances were calculated using Stata IC14.0®, p.

**Resultados.** We compared 43 patients with persistent rheumatological symptoms (pCHIK-CIR+) and 19 without it (pCHIK-CIR-), all them followed-up for 2 years. Mean age 44.1 y-old, 69% female. SDS and SAS were significantly higher in pCHIK-CIR+, 49.6±15.9 versus 40.1±12.4 (p=0.025) and 49.6±15.4 versus 40.1±10.9 (p=0.019). Depression and anxiety were significantly higher among pCHIK-CIR+, 48.8% vs 21.1% (p=0.04) and 97.7% vs 84.2% (p=0.047). Moderate-to-severe scores at SDS and SAS showed more marked difference in those with pCHIK-CIR+, 27.9% vs 5.3% in both scales (p=0.039). SDS/SAS subscales showed significant differences (p).

**Conclusiones.** Depression and anxiety symptoms, at multiple levels, were significantly higher among pCHIK-CIR+ patients. This is the first study in screen these psychiatric long-term consequences with validated questionnaires, raising the relevance of mental health assessment in patients with acute but also chronic chikungunya consequences.

**137. Virus Zika: Un estudio cualitativo de las percepciones en Medellín, Colombia.**

Tirado V, Morales S, Restrepo B, Ekström A,  
Karolinska Institute; Stockholm; Sweden, Universidad CES y Universidad Católica Luis Amigó; Medellín; Colombia. Instituto Colombiano de Medicina Tropical; Universidad CES; Sabaneta; Colombia.  
santiago317@yahoo.es

**Introducción.** El síndrome congénito causado por el virus Zika representa un impacto social que debe ser evaluado para adecuar su abordaje. El objetivo fue identificar cómo la infección durante la gestación influye en la calidad de vida de las personas y los roles familiares.

**Materiales y métodos.** Estudio cualitativo con 20 mujeres, identificadas en registros del SIVIGILA entre 2015 a 2018 en la Secretaría de Salud de Medellín, que tuvieron Zika, con sospecha o confirmada durante la gestación. La información se generó con entrevista a profundidad, posterior a la firma del consentimiento.

**Resultados.** El promedio de la edad fue 27,4±6,2 años. En los conocimientos se observó una tendencia que era de tipo vectorial, muchas no identifican la transmisión sexual. Todas las participantes conocían los efectos neurológicos de la infección durante el embarazo, con énfasis en la microcefalia, algunas sabían que el riesgo aumenta al inicio. Las fuentes de información fueron los medios masivos de comunicación. La experiencia fue conmovedora por las posibles malformaciones, el consenso fue a no interrumpir el embarazo, quienes dijeron que de hacerlo estaría condicionado por la situación del bebé. La atención en los servicios de salud fue buena con seguimiento prenatal; el apoyo psicológico solo lo recibieron algunas, otras se quejaron que no obtuvieron el resultado o fue tardío o ignoraban que estaban en estudio de Zika.

**Conclusiones.** Se requiere adecuar el apoyo psicológico, entregar los resultados oportunamente, hacer seguimiento de los bebés. Además, los medios de comunicación deben adecuar y mantener la información porque la transmisión continúa.

**138. Caracterización de patógenos zoonóticos y de control oficial en producciones porcícolas de los municipios de Fusagasugá, Silvania y Donmatías, Colombia.**

Torres J, Tobón J, Arias A, Camargo H, Torres E, Angel D, Arenas N,  
Universidad de Cundinamarca, Vecol. jttorres36@gmail.com

**Introducción.** El desarrollo del sector porcícola en Colombia presenta una tendencia hacia el crecimiento; sin embargo, los niveles de tecnificación, inversión económica y el desconocimiento de los productores en temas de sanidad y bioseguridad han desencadenado pérdidas económicas a nivel productivo. El objetivo fue identificar los patógenos bacterianos, virales y parasitarios asociados a producciones porcícolas en los municipios Fusagasugá y Silvania, Cundinamarca y Donmatías.

**Materiales y métodos.** Se caracterizaron las producciones porcícolas de acuerdo al control de infecciones, modelos productivos y sanitarios. Los patógenos se identificaron a través de pruebas estandarizadas como ELISA indirecto y de bloqueo y técnicas coproparasitológicas de tinción a partir de muestras de sangre y materia fecal respectivamente.

**Resultados.** Se incluyeron 110 producciones porcícolas, donde se colectaron 2181 muestras de sangre y 180 muestras de materia fecal. El 74% fueron predios traspatio, 26% predios semi-tecnificados y 36% predios tecnificados y la mayoría cuenca con modelos productivos de ciclo completo. Las infecciones de mayor prevalencia de patógenos bacterianos fue *Lawsonia intracellularis* con una prevalencia entre el 61-45 % y *Haemophilus parasuis* con una prevalencia entre 57,8-55 %. Del mismo modo el patógeno viral detectado con mayor frecuencia fue el virus de la influenza porcina con una frecuencia entre 70-22,8%. Con relación a la identificación de parásitos, *Balantidium coli* mostró la prevalencia más elevada entre un 7,69-17,6%.

**Conclusiones.** El aseguramiento de la calidad a través de la implementación de buenas prácticas porcícolas es fundamental para evitar brotes de infecciones en los animales y eventualmente alcancen al consumidor generando un problema de salud pública.

### 139. Zika virus infection in Honduras, 2016-2017.

Zambrano L, Vasquez-Bonilla W, Fuentes-Barahona I, Valle-Reconco J, Da J, Rodriguez-Morales A,  
*1Department of Morphological Sciences; Faculty of Medical Sciences; National Autonomous University. Faculty of Medical Sciences; National Autonomous University of Honduras, Department of Human Physiology at State University of Health Science of Alagoas (UNCISAL), Public Health and Infection Research Group; Faculty of Health Sciences; Universidad Tecnológica de Pereira. ajrodriguezmd@hotmail.com*

**Introducción.** Zika virus (ZIKV) infection has affected significantly Latin America in 2015-2016. However, most studies have been reported from Brazil and Colombia, but there is lack in Central America. We analyzed the incidence, incidence rates and evolution of cases at national, departments and municipalities of Honduras during 2016-2017, since the epidemics begun on January 2016.

**Materiales y métodos.** Observational study in which the incidence of ZIKV infection, in Honduras, 2016-2017, was estimated, based on data from national epidemiological surveillance, obtaining the number of cases for each department and municipality, 2016-2017 (by epidemiological weeks, EW), from EW1-2016 to EW24-2017. Data used for this study are constituted from confirmed cases. Data proceed from 298 primary municipal notification units, collected at 18 departments, centralized in Tegucigalpa (Capital District, CD). Cases of Zika were clinically and laboratory confirmed (RT-PCR).

**Resultados.** From January 1, 2016 to June 17, 2017, a total of 32,405 of Zika were reported (cumulated rate of 368.5 cases/100,000 pop). From them, 1% were confirmed by RT-PCR. The highest peak was reached on the EW 6<sup>o</sup>, 2016 (2,559 cases; 29.34 cases/100,000pop), followed them, after a decrease to 93 cases (1.07 cases/100,000pop) (EW-12<sup>o</sup>, 2016), of a second at EW 24<sup>o</sup>, 2016 (988 cases, 11.33 cases/100,000pop).

**Conclusiones.** Pattern and evolution of Zika in Honduras has been like those that occurred for chikungunya in 2015, that we analyzed and published (J Public Health Infect 2016), affecting predominantly the central and capital area of the country, reaching also high incidences there >2,000 cases/100,000 pop (2%).

### 140. Trypanosoma cruzi en reservorios domésticos y silvestres del departamento de Córdoba.

Ricardo D, Tovar C, Espitia L, Chacón J, Doria M,  
*Universidad del Sinú, Universidad de Córdoba, Fundación Colombia Mía. dinaricardoc@unisinu.edu.co*

**Introducción.** El departamento de Córdoba no era considerado como una zona de transmisión para *T. cruzi*, sin embargo, en los últimos años se han presentado casos agudos motivando el estudio de un nuevo escenario de transmisión. El objetivo del trabajo fue detectar *T. cruzi* en reservorios domésticos y silvestres del departamento de Córdoba.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal entre septiembre de 2016 y julio de 2017, con un muestreo por conveniencia; en 4 veredas del municipio de San Andrés de Sotavento y dos veredas del municipio de Sahagún. Se tomó una muestra de sangre con EDTA a todos los caninos y a los reservorios silvestres colectados. Para la detección de *T. cruzi* por PCR se utilizó como marcador la región variable del DNA del Kinetoplasto (kDNA), la región satélite repetida en tandem de *T. cruzi* y para la identificación del linaje la región intergénica no transcrita del gen del mini-exón (SL-IR).

**Resultados.** Se muestrearon 168 caninos y 146 mamíferos silvestres. Detectándose ADN de *T. cruzi* en un canino y en el 13,01% de los animales silvestres (16 *D. marsupialis*, 2 *Heteromys anomalus* y 1 *Artibeus planirostris*). Se encontró el linaje TcI en 12 *D. marsupialis*, 2 *H. anomalus* y un canino. Se identificó un ejemplar *D. marsupialis* con linajes TcI y TcII.

**Conclusiones.** Se detectó de ADN *T. cruzi* en animales domésticos y silvestres, indicando la circulación del parásito en ambientes peridomesticiarios, aportando datos para el entendimiento de la dinámica de transmisión de esta parasitosis en el departamento.

### 141. A survey of Ehrlichia canis antibodies against humans and dogs in rural areas of the State of Cauca (Colombia, South America).

Forero-Becerra E, Martínez H, Betancourt P, Benavidez E, Duran S, Olaya A, Bolaños E, Hidalgo M, McBride J,  
*University of Texas Medical Branch, Enfermedades Infecciosas; Pontificia Universidad Javeriana, Universidad De La Salle, Universidad Libre; Seccional Cali, Secretaría De Salud Del Departamento Del Cauca. hidalgo.m@javeriana.edu.co*

**Introducción.** Human infection with *Ehrlichia canis* (etiological agent of the canine monocytotropic ehrlichiosis) has been reported in Venezuela and Costa Rica. In Colombia, several reports show high seroprevalence of *E. canis*, as well as molecular detection of *E. canis* DNA by PCR, in dogs from different and distant localities. Moreover, some documented Colombian human clinical cases claim visualization of *Ehrlichia morulae* in peripheral blood smears or *Ehrlichia*-reactive antibodies by IFA. In order to investigate possible human infections with *E. canis*, a cross-sectional study in human and dog populations was carried out in rural areas of La Sierra, El Tambo, Quilichao, and Caloto (Cauca) to determine seroprevalence and associated risk factors of *Ehrlichia* infection.

**Materiales y métodos.** Blood samples were collected from randomly selected healthy adults (n=506) and dogs (n=114). Anti-*E. canis* antibodies in sera from humans and dogs were analyzed by ELISA using the *E. canis* TRP19 peptide, and recombinant proteins including *E. canis* specific antigens TRP140, TRP36, and TRP19.

**Resultados.** *E. canis* antibodies were not detected in human sera, but the majority of dogs (76%) were seropositive. Most of the dogs were male, mongrel, between 1 to 5 years old, and had different levels of tick and flea infestation. Some owners reported use of commercial acaricides for cattle, agricultural insecticides, and household cleaning products for dog ectoparasitic infestations.

**Conclusiones.** *E. canis* infection in dogs is highly prevalent in these municipalities, but there was no evidence of zoonotic transmission to humans. Appropriate antiparasitic practices and control measures are recommended. Colciencias120374455209.

### 142. Frecuencia de rickettsias aisladas de garrapatas obtenidas de animales domésticos en tres regiones del departamento de Caldas.

Agudelo J, Giraldo E, Aricapa H, Pérez J, Hidalgo M,  
*Universidad De Caldas, Pontificia Universidad Javeriana. juancamilo.agudelo1@hotmail.com*

**Introducción.** En el mundo, las enfermedades transmitidas por vectores son causa significativa de mortalidad y morbilidad. Las rickettsiosis hacen parte de las enfermedades infecciosas de carácter zoonótico, donde artrópodos como garrapatas, cumplen el papel de vectores y en algunos casos de reservorios. Colombia y Caldas no han sido ajenas a la presencia de enfermedad rickettsial. Estudios realizados en el norte de Caldas evidenciaron la presencia de anticuerpos contra *Rickettsia rickettsii* en pacientes febriles.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo transversal. Se recolectaron garrapatas presentes en equinos, caninos y bovinos de municipios de las regiones oriente, sur y occidente de Caldas, se identificaron a nivel taxonómico. Se obtuvo el ADN de las garrapatas para la detección de los genes ARNr 16S de garrapatas y los genes gltA y OMPA asociados con rickettsias.

**Resultados.** Se obtuvieron 2037 garrapatas de 2027 animales domésticos. Las especies más frecuentes fueron *Rhipicephalus microplus* (71,5%), *Rhipicephalus sanguineus* (18,25%), *Dermacentor nitens* (10,1%), *Ixodes ricinus* (0,09%) y *Amblyomma sp.* (0,04%), encontrándose diferencias significativas al analizar los géneros de garrapatas con respecto a los hospederos infestados. La amplificación del gen rRNA 16s de las garrapatas fue positiva en todas las muestras. Ninguno de los ADN obtenidos fue positivo para el gen gltA de rickettsias.

**Conclusiones.** La ausencia del gen gltA en el ADN de las garrapatas obtenidas demuestra que la probabilidad de enfermedad febril por rickettsias del grupo de las fiebres manchadas en humanos es baja y no está asociada con las garrapatas obtenidas de animales domésticos. Colciencias 112765740609

## VIROLOGIA

### 143. Circulación de Cepas de Rotavirus Equino en una población de infantes con diarrea en Bucaramanga, Santander.

Ruiz-Saenz J, Rendón-Marín S, Martínez-Gutiérrez M,  
*Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia. julian.ruiz@campusucc.edu.co*

**Introducción.** Los rotavirus A (RVA) son la causa más importante de diarrea en infantes menores de 5 años a nivel mundial y estudios recientes demuestran que los animales pueden infectarse por algunos genotipos similares a los de los humanos, lo que podría ser el soporte para el planteamiento de teorías de transmisión interespecie, constituyendo su potencial zoonótico del



RVA. El objetivo fue evaluar el origen filogenético de muestras de rotavirus genotipo G3, G9 y G12 obtenidas a partir de muestras de materia fecal de niños de una cohorte de pacientes de Santander, Colombia.

**Materiales y métodos.** Se realizó amplificación por PCR convencional de regiones parciales de los genes VP7 y VP4 de muestras de rotavirus de genotipos G3, G9 y G12. Posteriormente los amplicones fueron secuenciados y las secuencias ensambladas y comparadas con secuencias de referencia usando Mega™7.0.

**Resultados.** El análisis filogenético permitió confirmar el genotipo reportado por PCR convencional. Utilizando el método de Maximum-Likelihood, se evidenció que las secuencias de rotavirus G3 de niños se agrupan monofiléticamente con secuencias de RVA aislados en humanos y están estrechamente relacionadas con secuencias de origen equino. Las secuencias de los genotipos G9 y G12 fueron de origen humano.

**Conclusiones.** Se evidenció la presencia de genes rotavirus de origen relacionado con equinos circulando en infantes del departamento de Santander. Estudios en curso de secuenciación de genoma completo permitirán entender si dichas variantes virales fueron producto de una transmisión de tipo zoonosis directa o son el resultado de procesos de re-arreglo genético entre cepas de origen animal y humano.

#### 144. Molecular detection of Human Pegivirus-1 infection in a Cohort of Colombian Patients with diagnosis of Lymphoma.

Cortés E, López M, Cortés-Mancera F, Navas M, Prada-Arismendy J, Castillo E, Arroyave J, Grupo de Investigación e Innovación Biomédica GI2B, Instituto Tecnológico Metropolitano, Grupo de Gastrohepatología; Universidad de Antioquia, Hospital Manuel Uribe Angel. johanaarroyave@itm.edu.co

**Introducción.** HPgV-1 is a lymphotropic virus which belongs to Flaviviridae family. Currently 750 million of people are infected and at least 2 billion have been in contact with HPgV-1. Recent findings indicate that HPgV-1 infection could be a risk factor of lymphoma. The aim of the present study was to analyze molecular marker of HPgV-1 infection in a lymphoma patients cohort.

**Materiales y métodos.** A total of 28 patients were enrolled at the oncology unit from Manuel Uribe Angel Hospital, Envigado-Antioquia (August 2017-March 2018). Viral RNA was purified using the QIAamp Viral RNA Kit (QIAGEN) from plasma samples. Molecular detection of HPgV-1 was performed by RT-PCR for 5' UTR (343bp) and NS5A (401pb) genomic regions. All samples were also tested by RT-PCR for HCV 5'UTR region (251bp). The amplicons were visualized by agarose gel electrophoresis using SYBR GREEN staining.

**Resultados.** In this study 10.7% (3/28) of samples were positive for genome detection. Three samples were positive for NS5A and two samples for 5'UTR HPgV-1 genome regions. All samples were negative for HCV molecular detection. The most common diagnosis was non-Hodgkin lymphoma (13/28). In 9/28 patients the diagnosis corresponded to Hodgkin lymphoma; for the other patients the clinical data was not available at the time of sample collection.

**Conclusiones.** The study shows the first molecular analysis of HPgV-1 and HCV in a cohort of lymphoma patients in Colombia. Moreover, analysis of viral load and viral genotype is necessary. Grant P14225, dirección de Investigaciones from Instituto Tecnológico Metropolitano.

#### 145. First report of the Phlebovirus Lihan virus (*Bunyaviridae*) in ticks of the department of Córdoba.

Lopez Y, Miranda J, Rovnak J, Komar N, Mattar S, Universidad de Córdoba, CDC; Arbovirus Diseases Branch, Colorado State University. jorgemire@hotmail.com

**Introducción.** Members of the genus *Phlebovirus* (*Bunyaviridae*) cause febrile diseases in humans, are transmitted by mosquitoes, fleas and ticks, and include Rift Valley, Punta del Toro and Heartland viruses. Objective. Detect Phleboviruses in ticks collected from domestic animals of municipalities of Córdoba.

**Materiales y métodos.** Between June and December 2017, ticks of canines, horses, cattle and humans were collected in the municipalities of Montería, Cereté, San Pelayo and Puerto Escondido (Córdoba). They were classified taxonomically into genus and species. RNA extraction was carried out with PureLink® RNA Mini Kit combined with TRIzol® (Invitrogen). RNAs were reverse transcribed with random primers and amplified with nested PCR primers designed to amplify conserved *phlebovirus* L segment sequence: NPhlebo1f, NPhlebo1r (first round) and NPhlebo2f, NPhlebo2r (2nd round) (Sanchez-

Seco, et al. JMV, 2003). RT-PCR products were electrophoresed to identify positive samples and those were subject to direct sequence analysis with the internal primers to identify Phleboviruses.

**Resultados.** 2,098 ticks were collected; 1163 (55.4%) *Rhipicephalus microplus*, 906 (43.2%) *Dermacentor nitens* and 29 (1.39%) *Rhipicephalus sanguineus*. Ticks were distributed in 188 pools. A PCR amplicon with the expected molecular weight (244 bp) was detected in RNA from *D. nitens* of equines. Sequencing and phylogenetic analysis identified the agent as related to the Lihan Tick virus phlebovirus detected in *R. microplus* species in China (C-X Li et al. eLife 2015).

**Conclusiones.** This is the first reported of Lihan like phlebovirus in Colombia. Pathogenicity is unknown to date. It is necessary to establish eco-epidemiological surveillance of circulating Phleboviruses in vectors of the region.

#### 146. Identificación de compuestos con potencial como inhibidores de la proteína NS5 del virus Dengue, asistida por herramientas bioinformáticas.

García L, Padilla L, Castaño J, Universidad del Quindío. llgarcia@uniquindio.edu.co

**Introducción.** El virus dengue causa una enfermedad que afecta a las personas de los países tropicales y subtropicales del mundo y hasta el momento no cuenta con un tratamiento disponible. La proteína NS5 del virus es considerada un blanco terapéutico importante. El objetivo es buscar, in silico, moléculas con propiedades similares a fármacos que puedan ser potenciales inhibidores de la proteína NS5 de los cuatro serotipos de DENV.

**Materiales y métodos.** Las estructuras de NS5 DENV1-4 fueron construidas por homología con PDB: 5JJR. Los acoplamientos se hicieron usando TACC y ZINC Lrg. Las cajas de interacción fueron de 24 y 30 Å (x, y, z) a 1 Å. Los acoplamientos se realizaron en regiones del dominio metiltransferasa y polimerasa. Los compuestos fueron analizados por energía de afinidad y frecuencia de acoplamiento. Las propiedades farmacocinéticas serán calculadas usando SwissADME y Data Warrior y las interacciones a través de AutoDock Tools y Discovery Studio.

**Resultados.** Los modelos construidos presentaron identidad de secuencia de 81,93% DENV1, 79,47% DENV2 y 77,08% DENV4 respecto a DENV3. Se identificaron las regiones características y aminoácidos importantes para la funcionalidad de la proteína. Se obtuvo 28000 compuestos del acoplamiento, 168 se acoplaron a los cuatro serotipos con energías de afinidad < - 8,2 Kcal/mol y 81 de ellos a más de dos regiones.

**Conclusiones.** Se ha logrado encontrar compuestos que se acoplen a NS5 DENV1-DENV4 en regiones ubicadas en los dos dominios, con energías favorables (< -8,4 Kcal/mol). Financiado por Colciencias, Convocatoria 757 - Doctorados Nacionales 2016.

#### 147. Gran diversidad genética del virus chikungunya en Colombia.

Villero Y, Puerta A, Arrieta G, Muskus C, Hoyos R, Mattar S, Universidad de Córdoba; Montería. Universidad de Antioquia; Medellín. Corporación Universitaria del Caribe-CECAR; Sincelejo. Universidad del Sinú; Montería; Colombia. yeneisvillero@hotmail.com

**Introducción.** Mutaciones del genoma Chikungunya virus (CHIKV) pueden asociarse a la adaptabilidad a nuevos vectores o aumentar la patogenicidad. Objetivo. Conocer la variabilidad genética del CHIKV que circuló en diferentes departamentos de Colombia

**Materiales y métodos.** Materiales y métodos. Estudio descriptivo de tipo retrospectivo a partir de muestras recolectadas en el año 2014, durante el brote de CHIKV en los departamentos de Bolívar, Sucre, Córdoba, Risaralda, Cauca y Huila. Las muestras de suero fueron aisladas en C6/36 y Vero. Los genomas fueron secuenciados con Hi-seq 2500 de ilumina y ensamblados con Iterative Virus Assembler. Las secuencias se compararon con 173 CHIKV de origen mundial

**Resultados.** Se detectaron 61 polimorfismos entre las secuencias colombianas, de las cuales 16 produjeron cambio en la secuencia de aminoácidos. Las cepas con mayor número de polimorfismos fueron las de Risaralda y Cauca. La mutación no sinónima Nsp2 V153A fue exclusiva del Caribe colombiano, Huila y Panamá; mientras que las mutaciones Nsp2 Y543, Nsp2 G720A y Nsp3 L458P solo estaban presente en cepas de Nicaragua, Risaralda, Cauca. Todas las secuencias tenían las mutaciones E2-G60D y E2-I211T, conocidas por producir un aumento de la infectividad en *Ae. albopictus* y *Ae. Aegypti*.

**Conclusiones.** CHIKV adquirió polimorfismos durante el brote en Colombia, que posiblemente se asocien con adaptación a vectores o un aumento de la patogenicidad viral. Financiado por Colciencias, Código 111271250545.

**148. Evaluación de la traslocación y secreción de la proteína hmgb-1 (high mobility group box-1), en células endoteliales infectadas con denv-2.**

Calderón-Peláez M, Coronel-Ruiz C, Castellanos J, Velandia-Romero M, Universidad El Bosque. [mangelicp@hotmail.com](mailto:mangelicp@hotmail.com)

**Introducción.** Uno de los eventos fisiopatológicos más importantes durante la infección con el virus dengue (DENV) es la disfunción endotelial. Proteínas como HMGB-1 (mediador proinflamatorio en sepsis) pueden alterar el funcionamiento endotelial. Este trabajo se propone evaluar si la infección *in vitro* con DENV puede inducir la traslocación y posterior secreción de esta proteína, en células endoteliales.

**Materiales y métodos.** Células endoteliales EAHy926 fueron infectadas con DENV-2 (MOI 1 o 3). A las 15, 30 y 45 minutos post-infección (mpi) y a las 1, 3, 6 y 12 horas post-infección (hpi) se evaluó la traslocación de HMGB-1 por inmunofluorescencia y su secreción al medio extracelular por ELISA. Adicionalmente se evaluó la infección y replicación viral en las células por RT-PCR.

**Resultados.** Se evidenció la movilización de HMGB-1 del núcleo al citoplasma desde los 15 mpi con variaciones de intensidad de fluorescencia en los diferentes tiempos dependiendo del MOI. En el medio extracelular se detectó una mayor concentración de la proteína a la 1 y 12 hpi con MOI 1 y únicamente a las 12 hpi con MOI 3. Aunque se confirmó la infección de las células no se evidenció replicación viral en los tiempos evaluados.

**Conclusiones.** No es necesaria la replicación del DENV en las células EAHy926 para generar la traslocación y secreción de HMGB-1 en tiempos tempranos. Los niveles de proteína secretados dependen de la cantidad de virus inoculado, sugiriendo que bajas cantidades de virus son suficientes para inducir una respuesta celular del endotelio, sin provocar su muerte

**149. Actividad antiviral *In vitro* de un compuesto tipo esteroide derivado de la planta *Tabernaemontana cymosa* sobre la infección por Virus Dengue.**

Monsalve-Escudero L, Zapara-Cardona M, Quintero-Gil C, Pájaro Y, Robledo S, Díaz-Castillo F, Martínez-Gutiérrez M, Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA, Universidad Cooperativa de Colombia, Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET, Universidad de Antioquia, Laboratorio de Investigaciones Fitoquímicas y Farmacológicas de la Universidad de Cartagena (LIFFUC). [marlen.martinezg@campusucc.edu.co](mailto:marlen.martinezg@campusucc.edu.co)

**Introducción.** El dengue es la principal arbovirosis en el mundo. Hasta el momento no existe un tratamiento antiviral específico, lo que evidencia la necesidad de continuar la búsqueda de compuestos con potencial antiviral. El objetivo fue evaluar la actividad antiviral *In vitro* de compuestos derivados de la planta *Tabernaemontana cymosa* de la Región Caribe Colombiana

**Materiales y métodos.** Se aislaron e identificaron por espectrometría de masas tres compuestos (YP-K003, YP-K002 y YP-I-4A1). La citotoxicidad en células VERO se evaluó por la técnica de MTT (1.6 a 500 ug/ml). Con una concentración no citotóxica (25.0, 3.2 y 12.5 ug/ml, respectivamente) se realizó un screening antiviral por 48 horas (tratamientos antes, durante y después de la infección). Las infecciones se realizaron con la cepa DENV-2/NG (MOI 1). El efecto antiviral fue evaluado por RT-qPCR. Como control positivo de inhibición se usó Suramina y las diferencias estadísticas se identificaron por t-Student. Adicionalmente se evaluó la posible interacción de los compuestos con la proteína E mediante docking molecular.

**Resultados.** Los porcentajes de inhibición fueron 80,3%, 0% y 52,6% para YP-K003, YP-K002 y YP-I-4A1, respectivamente, siendo estadísticamente significativa las inhibiciones para los compuestos YP-K003 y YP-I-4A1. Por otro lado, el porcentaje de inhibición en cultivos tratados con Suramina fue de 63,1%. Finalmente, las energías de unión de la proteína de envoltura de DENV (PDB: 3UZV) con los compuestos fueron de -7.0 (YP-K003), -6.6 (YP-K002) y -6.7 (YP-I-4A1) Kcal/mol

**Conclusiones.** Los compuestos YP-K003 ( $\alpha$ -spinasterol) y YP-I-4A1 (Rupicolina) inhiben *In vitro* la infección por DENV-2/NG. COLCIENCIAS 123171249665. MINAMBIENTE Contrato 130 de 2016 RGE0176

**150. Actividad antiviral *In vitro* de la Voacangina Hidroxindoleína sobre la infección del Virus Zika.**

Monsalve-Escudero L, Quintero-Gil C, Pájaro Y, Robledo S, Pulido S, Díaz-Castillo F, Martínez-Gutiérrez M, Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA, Universidad Cooperativa de Colombia, Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET, Universidad de Antioquia, Laboratorio de Investigaciones Fitoquímicas y Farmacológicas de la Universidad de Cartagena (LIFFUC). [marlen.martinezg@campusucc.edu.co](mailto:marlen.martinezg@campusucc.edu.co)

**Introducción.** El Virus Zika (ZIKV) pertenece al género *Flavivirus* y se transmite por la picadura de mosquitos pertenecientes al género *Aedes*, especialmente *Aedes aegypti*. No existe tratamiento específico para esta virosis, por la cual se hace necesaria la búsqueda de compuestos con potencial antiviral. El objetivo fue evaluar *In vitro* el potencial antiviral del compuesto Voacangina Hidroxindoleína sobre la infección viral.

**Materiales y métodos.** La citotoxicidad del compuesto se evaluó mediante el método MTT (3.2 a 100ug/mL). Las infecciones se realizaron con un aislado de ZIKV (ZIKV-ACol, MOI 5), el cual fue obtenido por nuestro grupo de trabajo a partir del suero de un paciente infectado. La infección viral se cuantificó por PCR en tiempo real, para lo cual se clonó un plásmido con el gen de la envoltura (ENV). Se utilizaron diferentes estrategias experimentales para identificar el posible paso en la replicación viral que está siendo afectado por los compuestos. En todos los casos se usó la Suramina como control positivo de inhibición. Adicionalmente se evaluó la posible interacción del compuesto con la proteína E mediante docking molecular.

**Resultados.** La Voacangina Hidroxindoleína inhibió la infección del ZIKV de manera significativa (porcentaje de inhibición del 70,9%). El control positivo Suramina inhibió la infección en un porcentaje de 99,4%. Finalmente, la proteína de envoltura de ZIKV (PDB: 5JHM) interactuó con Voacangina Hidroxindoleína, con una energía de unión de -5,5 Kcal/mol.

**Conclusiones.** La Voacangina Hidroxindoleína es capaz de inhibir la infección por ZIKV lo que indica que este compuesto es un potencial antiviral. COLCIENCIAS 123171249665.

**MICROBIOLOGÍA**

**151. Respuesta al tratamiento periodontal y recolonización bacteriana subgingival, después de la terapia de ondas de choque extracorporeal: un estudio piloto.**

Lafaurie GI, Barbosa M, Acuña A, Gómez L, Sabogal M, Castillo DM, Delgadillo N, Díaz-Báez D, Leal-Contreras C, Instituto UIBO-Unidad de Investigación Básica Oral; Facultad de Odontología; Universidad El Bosque, Fenway Medical. [nathaly.delgadillos@gmail.com](mailto:nathaly.delgadillos@gmail.com)

**Introducción.** La periodontitis es una enfermedad crónica infecciosa; el tratamiento con raspaje y alisado radicular (RAR) no elimina microorganismos periodontopatógenos completamente, favoreciendo la recolonización. Se ha demostrado el efecto antimicrobiano de ondas de choque extracorporeal (ESWT) ante bacterias periodontopatógenas *in vitro*, su efecto *in vivo* no ha sido evaluado. El propósito de este estudio fue evaluar la respuesta al tratamiento periodontal, cambios en concentración y recolonización de microorganismos subgingivales después de ESWT adjunto al RAR.

**Materiales y métodos.** Participaron dieciséis pacientes con periodontitis crónica avanzada, aleatorizados en dos grupos por bloques: (1) ESWT de alta intensidad adjunto al RAR como terapia activa, y (2) ESWT inactivo adjunto al RAR como terapia de control. Se midieron índices clínicos periodontales y se determinó la concentración de *P. gingivalis*, *T. forsythia*, *T. denticola*, *E. nodatum* y *A. actinomycetemcomitans* por qPCR, antes de la terapia (T0), al mes (T1) y tres meses (T2). La recolonización y los efectos adversos también se evaluaron. Se realizó ANOVA de medidas repetidas para índices clínicos, y se desarrolló un modelo mixto lineal generalizado para evaluar concentraciones de microorganismos.

**Resultados.** El ESWT activo generó contracción rápida del margen gingival y reducción significativa sangrado al sondaje.

**Conclusiones.** El tratamiento adjunto con ESWT y RAR produce una desinflamación rápida de los tejidos gingivales. Aunque hay disminución de los microorganismos periodontopatógenos, un efecto sobre la recolonización no pudo ser demostrado.

**152. Caracterización molecular de *Streptococcus pneumoniae* serotipo 3 en aislamientos invasores en Colombia**

Alarcón Z, Duarte C, Sanabria O, Moreno J, Instituto Nacional de Salud. [zoniakrod@gmail.com](mailto:zoniakrod@gmail.com)

**Introducción.** *Streptococcus pneumoniae* serotipo 3 es una causa importante de neumonía, bacteriemia y meningitis, no está incluido en la formulación de la vacuna anti-neumocócica conjugada 10 valente. El objetivo de este estudio fue establecer los genotipos circulantes de aislamientos colombianos

de *S. pneumoniae* serotipo 3 recuperados de enfermedad invasiva durante los años 1994 a 2015 en Colombia.

**Materiales y métodos.** En Colombia la frecuencia de este serotipo ha aumentado de 1,8% en el año 1994 a 11,2% en el año 2015 ( $p=0.0002$ ). Del total de 385 aislamientos de *S. pneumoniae* serotipo 3 recuperados a través de la vigilancia nacional por laboratorio realizada por el Grupo de Microbiología del Instituto Nacional de Salud, se estimó un tamaño muestral de 121 aislamientos. Para la identificación de los genotipos se utilizó electroforesis en gel de campo pulsado, y la tipificación de secuencias de multilocus se determinó en cinco aislamientos representativos.

**Resultados.** El 91,7% de los aislamientos presentaron un porcentaje de similitud genética mayor del 77%, cuatro aislamientos fueron ST180 y un aislamiento presentó una variante en el alelo aroE, todos los aislamientos se relacionaron con el clon Netherlands3-31-ST180.

**Conclusiones.** En Colombia, el aumento de enfermedades invasoras causadas por *S. pneumoniae* serotipo 3 se atribuye a la circulación e incremento de aislamientos genéticamente relacionados con el clon Netherlands3-ST180, y a un posible reemplazo de serotipos no incluidos en la vacuna disponible en Colombia.

### 153. Distribución de Frecuencia de Patógenos causantes de Osteomielitis en un hospital de alta complejidad de la ciudad de la ciudad de Medellín.

Agudelo P, Valencia J, Berrio I,  
Hospital General de Medellín, grupo MME corporación para investigaciones biológicas. indiraberiom@hotmail.com

**Introducción.** La osteomielitis es un problema médico importante, cuyo diagnóstico se realiza mediante el cultivo de muestras de hueso. Los agentes causales son diversos y con sensibilidad variable, por lo que se dificulta el manejo empírico. El objetivo es describir la distribución de frecuencia de patógenos frecuentes aislados y su perfil de sensibilidad.

**Materiales y métodos.** Se realizó estudio descriptivo, retrospectivo, mediante la revisión de perfil microbiológico, de cultivo positivos de muestras de hueso, que se archivaron en el software Whonet, durante el periodo comprendido entre enero del 2012 a diciembre de 2017 en una institución de alta complejidad de la ciudad de Medellín

**Resultados.** Se encontraron 1236 muestras clasificadas como hueso en whonet, observando cada año que *S. aureus* fue el microorganismo más frecuente, con incremento en la resistencia a oxacilina que supera el 30% desde el año 2014, *E. faecalis*, fue el segundo patógeno aislado, en la mayoría de los años, seguido de Gram negativos, encontrando producción de BLEE en el 32,7% de enterobacterias, en el año 2017.

**Conclusiones.** Los microorganismos más frecuentes en nuestra institución en muestras de hueso son *S. aureus*, *E. faecalis*, *E. coli* y *P. aeruginosa*. Con un importante porcentaje de resistencia tanto en *S. aureus*, como en enterobacterias productoras de BLEE, lo que hace difícil instaurar una terapia empírica para el tratamiento, se debe hacer un esfuerzo para tener un cultivo en todos los casos y hacer tratamiento específico según antibiograma.

### 154. Experiencia diagnóstica en la etiología de la meningitis y encefalitis por biología molecular en el Hospital San Vicente fundación, Medellín – Colombia.

Peñata A, Mesa S, Leal A, Parodi A, Bustamante J, Castaño T, Ospina S,  
Hospital Universitario de San Vicente Fundación, Escuela de Microbiología - Universidad de Antioquia. carlosadrianpb@gmail.com

**Introducción.** La meningoencefalitis es una enfermedad asociada a una severa morbimortalidad; el establecimiento del tipo de agente infeccioso es indispensable para el tratamiento específico y oportuno. El objetivo del trabajo fue describir la experiencia de un sistema de biología molecular automatizada en el diagnóstico de Meningitis/Encefalitis en un hospital de alta complejidad.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo prospectivo en pacientes con sospecha de meningitis/encefalitis de etiología infecciosa atendidos en el Hospital Universitario San Vicente Fundación (enero 2017 - abril 2018), en quienes se realizó prueba de PCR múltiple (FilmArray® ME) y pruebas microbiológicas convencionales (citoquímico, cultivo, antígenos microbianos). Se registraron datos clínicos y sociodemográficos. Se realizaron análisis univariados y de concordancia.

**Resultados.** 279 pacientes fueron incluidos, 58,7% (164) fueron hombres. La positividad global fue del 17,2% (48), la cual distribuyó así: *Streptococcus pneumoniae* 18,7% (9), *Cryptococcus neoformans/Gatti* 16,6% (8), Virus varicela zoster 12,5% (6), Virus herpes simple 1 10,4% (5), Herpesvirus humano

6 10,4% (5), *Escherichia coli* K1 6,2 (3), *Haemophilus influenzae* 6,2 (3), *Neisseria meningitidis* 6,2 (3), Enterovirus 4,1% (2), *Listeria monocytogenes* 2% (1), Citomegalovirus 2% (1), Virus herpes simple 2 2% (1), Parechovirus humano 2% (1) Un paciente presentó dos microorganismos simultáneos (*Streptococcus pneumoniae*/ Herpesvirus humano 6). Se presentaron casos discordantes entre cultivo y antígenos bacterianos.

**Conclusiones.** FilmArray® ME es una buena alternativa diagnóstica. Proporciona resultados rápidos y oportunos, además detecta microorganismos que son de difícil aislamiento y, adicionalmente permite clarificar de manera más precisa y en tiempo real, una más cercana epidemiología de la etiología de las meningitis.

### 155. Utilidad de la identificación directa de microorganismos a partir de muestras de orina y hemocultivos positivos utilizando la espectrometría de masas MALDI-TOF en un laboratorio de microbiología clínica.

Sierra E, Maldonado N, Arroyave L, Robledo C, Robledo J,  
Laboratorio Médico Referencia - Grupo GERMEN, Corporación para Investigaciones Biológicas; Universidad Pontificia Bolivariana.  
natalia.maldonado@yahoo.com

**Introducción.** En este estudio se evaluó la utilidad de la identificación directa de microorganismos por MALDI-TOF MS en muestras de orina y hemocultivos positivos.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo prospectivo realizado entre febrero y octubre de 2017. Fueron analizadas directamente por MALDI-TOF MS (Vitek® MS, Biomérieux) 180 muestras de orina (123 positivas y 57 negativas) y 129 hemocultivos positivos de pacientes de dos instituciones de alto nivel de complejidad de Medellín. Los resultados fueron comparados con la identificación obtenida a partir del cultivo puro utilizando la misma tecnología. Se realizó un análisis de costos y tiempo de resultado.

**Resultados.** En el 79,7% de las orinas positivas se obtuvo una identificación directa por MALDI-TOF MS y el 100% de estas fueron concordantes con el resultado a partir del cultivo. De las orinas negativas, el 100% fueron negativas por el método directo. El 76,7% de los hemocultivos positivos tuvieron una identificación directa por MALDI-TOF MS y 98,9% fueron concordantes con respecto al resultado obtenido en el cultivo. Utilizando MALDI-TOF MS de forma directa desde muestras de orina y hemocultivos positivos, se reportaron resultados de identificación 23,7 horas, y 23,1 horas, respectivamente, más rápido frente a la identificación a partir del cultivo; además, la introducción del uso directo de MALDI-TOF MS, generó una disminución en los costos del 36,4% al 52,5% por aislamiento identificado, al compararlo con otro sistema de identificación (Vitek®2).

**Conclusiones.** Estos resultados confirman la utilidad de MALDI-TOF MS para generar identificaciones más rápidas cuando se utiliza directamente en muestras de orina y hemocultivos positivos.

### 156. Análisis de la virulencia de aislamientos clínicos colombianos de *Clostridium difficile* pertenecientes a los ribotipos R002, R106 y R591.

Puerta J, Rodríguez C, Arango J, Arteta A, Gonzalez A,  
Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB); Medellín; Colombia, Escuela de Microbiología; Universidad de Antioquia; Medellín; Colombia, Facultad de Medicina; Universidad de Antioquia; Medellín; Colombia. angel.gonzalez@udea.edu.co

**Introducción.** *Clostridium difficile* causa diarrea asociada al uso de antibióticos en pacientes hospitalizados. Recientemente se describió que los ribotipos R002, R106 y R591 de *C. difficile* son los genotipos circulantes con mayor prevalencia en Medellín-Colombia. El objetivo del presente estudio fue analizar la virulencia de estos aislamientos en un modelo animal.

**Materiales y métodos.** Ratones C57BL/6 fueron tratados con cepoperazona (CPZ) por 5 días para desarrollar la infección por *C. difficile*; dos días post-tratamiento los animales fueron inoculados, vía oral, con  $2 \times 10^5$  esporas de los ribotipos R002, R106 y R591 de *C. difficile*, y con una cepa control hipervirulenta (R027). Un grupo de animales se evaluó por 15 días para determinar la supervivencia, mientras otro grupo se sacrificó el día 7 post-infección para determinar la carga bacteriana, quimiocinas/citoquinas y análisis histopatológico en el intestino grueso.

**Resultados.** El 100% de los animales sobrevivieron durante el periodo analizado, mientras un 20% de los animales tratados con CPZ e infectados con R002 murieron durante el periodo evaluado, pero sin diferencia significativa.

Los animales tratados con CPZ e infectados con R027 y R002 mostraron una mayor carga bacteriana en comparación con los otros grupos. Interesantemente, en los animales tratados con CPZ e infectados con R002 se notó un aumento de RANTES, eotaxina, GM-CSF y TNF- $\alpha$ ; de igual manera, el análisis histopatológico de este grupo reveló presencia de folículos linfoides, submucosa ensanchada e infiltrado mixto transmural compuesto principalmente por neutrófilos.

**Conclusiones.** Los resultados del presente estudio sugieren que el R002 de *C. difficile*, uno de los principales genotipos circulantes en Colombia, parece ser altamente virulento.

#### 157. Implementación de una PCR Múltiple para la detección de *Escherichia coli* verotoxigénica (VTEC) en heces humanas.

Quiguanás E, Granobles C, Padilla L,  
Universidad del Quindío. [edwinstiiven@gmail.com](mailto:edwinstiiven@gmail.com)

**Introducción.** La infección por *Escherichia coli* verotoxigénica (VTEC) es causa de enfermedades como colitis hemorrágica y síndrome urémico hemolítico en humanos. Para la detección de esta bacteria en heces se implementan técnicas clásicas de microbiología, las cuales resultan laboriosas en procesamiento, tiempo y no permiten una toma de decisión rápida en el diagnóstico de pacientes debido a su baja sensibilidad. El objetivo de este trabajo fue implementar una PCR Múltiple para la detección de VTEC a partir de inoculaciones bacterianas en heces humanas y evaluar la reacción cruzada con otras enterobacterias y el límite de detección de la prueba.

**Materiales y métodos.** Para este estudio *in vitro*, se emplearon diluciones seriadas de cultivos VTEC y ensayos de dilución en masa. Para la reacción cruzada se implementó ADN humano y de otras enterobacterias; los productos fueron visualizados en geles de agarosa al 2%.

**Resultados.** El límite de detección de la PCR fue de 1.5 bact/ml en cultivos VTEC y de 150 x 103 bact/ml en heces. La reacción de PCR evidenció la presencia de los factores de virulencia de VTEC mediante las bandas correspondientes a los pesos moleculares reportados en la literatura y no presentó interferencia con el ADN humano y otras enterobacterias no productoras de verotoxinas.

**Conclusiones.** La PCR múltiple implementada en este estudio representa uno de los métodos más sensibles y rápidos para el análisis, detección molecular y diagnóstico de VTEC a partir de muestras fecales infectadas y sin interrupción con el ADN de otros microorganismos.

#### 158. Las vesículas de membrana externa de *P. gingivalis* inducen cambios en los niveles de mediadores inflamatorios.

Castillo Y, Castellanos J, Lafaurie GI, Castillo DM.  
Instituto UIBO-Unidad de Investigación Básica Oral; Facultad de Odontología; Universidad El Bosque. Facultad de Odontología, Universidad Nacional de Colombia (UNC). [castilloyormaris@unbosque.edu.co](mailto:castilloyormaris@unbosque.edu.co)

**Introducción.** *Porphyromonas gingivalis* es un patógeno periodontal, que secreta vesículas de membrana externa (OMV) como vehículo de factores de virulencia e incluso se ha reportado pueden ser más virulentas que la propia bacteria y podrían modular la respuesta inmune. Objetivo: Determinar los niveles de mediadores inflamatorios inducidos por OMV de *P. gingivalis* en macrófagos humanos.

**Materiales y métodos.** Tipo de estudio: experimental *in vitro* Monocitos U937 fueron diferenciados a macrófagos y estimulados con OMV, lisado y bacteria viva durante 30 minutos y 6 horas. En experimentos independientes cada estímulo fue pretratado con los inhibidores KYT-1, KYT-36 y Polimixina-B para bloquear la acción de gingipaina R, K y LPS respectivamente. Se determinaron los niveles de citocinas por citometría de flujo en sobrenadantes de cultivo. Se usó ANOVA factorial para el análisis estadístico.

**Resultados.** El bloqueo de las gingipainas R y K presentes en OMV induce un aumento significativo de los niveles de IL-1 $\beta$ , IL-6, MCP-1, RANTES, MIP-1 $\alpha$  e IL-8 comparado con células sin estímulo y los estímulos sin inhibición ( $p < 0,05$ ), por lo contrario, hay una disminución de la citocina TNF- $\alpha$  cuando se bloquean proteasas o LPS. **Conclusiones.** Las OMV inducen cambios, en la producción de citocinas de manera similar a la bacteria viva y a lisados de *P. gingivalis* probablemente por eventos dependientes de proteólisis. Financiación: Fundación para la promoción de la investigación y la tecnología. Contrato No 3955.

## PARASITOLOGÍA

#### 159. Evaluación de la respuesta citotóxica de linfocitos T CD8+ de memoria de individuos HLA-A02 con toxoplasmosis estimulados con péptidos derivados de las proteínas Got1 y Ter1p de *Toxoplasma gondii*.

Vargas M, Cardona N, Villegas S, Rincón M, Gómez J,  
Universidad del Quindío. [mvgasm@uqvirtual.edu.co](mailto:mvgasm@uqvirtual.edu.co)

**Introducción.** La identificación de péptidos inmunogénicos provenientes de proteínas de *Toxoplasma gondii* y la evaluación de su potencial como activadores de la respuesta inmune citotóxica es uno de los pasos iniciales para el desarrollo de una vacuna basada en péptidos contra la toxoplasmosis. Por tanto, el objetivo de este estudio fue evaluar 4 marcadores de respuesta citotóxica en linfocitos T-CD8+ de memoria de individuos HLA-A02 y positivos para toxoplasmosis estimulados con péptidos derivados de las proteínas Got1 y Ter1p de *T. gondii*.

**Materiales y métodos.** Péptidos de las proteínas Got1 y Ter1p de *T. gondii* previamente identificados como inductores de IFN- $\gamma$  y HLA-A02 específicos, fueron usados para realizar estímulos en PBMCs de tres individuos crónicos asintomáticos (IgM-negativos e IgG-positivos) y un individuo negativo para la infección (IgM e IgG-negativo) todos HLA-A02 positivos. La tipificación de HLA-A02 se realizó por PCR-SSP. Se analizaron los marcadores de degradación CD107a/ CD107b, granzima B y perforina en linfocitos T CD3+CD8+ CD45RO+ (subpoblación de memoria) usando citometría de flujo.

**Resultados.** Se encontraron niveles significativamente superiores de CD107a ( $p=0,05$ ) en la población de linfocitos T evaluada de los individuos seropositivos; sin embargo, no se encontraron diferencias significativas entre los niveles de expresión de los marcadores CD107b, granzima B y perforina ( $p > 0,05$ ).

**Conclusiones.** Los péptidos inducen una expresión de CD107a en linfocitos T CD3+/CD8+/CD45RO+, indicando un posible estímulo de respuesta citotóxica específica generada por los péptidos de las proteínas Got1 y Ter1p de *T. gondii*, no obstante se requiere una evaluación en un número mayor de individuos para soportar esta conclusión.

#### 160. Identificación *in silico* de un péptido inhibidor de la proteína ROP5 de *Toxoplasma gondii* RH derivado de la proteína murina IRGb2-b1.

Arenas J, Arenas A, Salcedo G, Gómez J,  
Universidad del Quindío. [jcarenasg@uqvirtual.edu.co](mailto:jcarenasg@uqvirtual.edu.co)

**Introducción.** *Toxoplasma gondii*, el agente etiológico de la Toxoplasmosis, secreta unas proteínas llamadas ROP-cinasas, implicadas en la supervivencia y el crecimiento del parásito en la célula hospedera. El complejo ROP5/ ROP18 es el mayor efector de virulencia en ratones porque fosforila IRGs. El objetivo fue identificar *in silico* mediante el análisis espectral de señales digitales un péptido inhibidor de la proteína ROP5 de *Toxoplasma gondii* RH derivado de la proteína murina IRGb2-b1.

**Materiales y métodos.** Mediante el software R v.3.4.3. se usó un algoritmo que realiza un análisis espectral de señales digitales para identificar el péptido. De la secuencia primaria de ROP5 se generaron K-mers del mismo tamaño al del péptido deseado y se transformaron los K-mers y el péptido en series numéricas mediante descriptores fisicoquímicos de aminoácidos (polarizabilidad, polaridad, interacciones van der Waals). Seguidamente, el algoritmo tomó las series y mediante la transformada de Fourier discreta encontró patrones repetidos en las series para generar periodogramas que contienen la información de las series; si dos periodogramas correspondientes a un K-mer y al péptido eran similares, implicaba una relación funcional, estructural o de interacción. Se complementaron las predicciones del algoritmo mediante un docking en CABS-dock, usando un cristal de ROP5B (PDB-ID:3Q5Z).

**Resultados.** Se identificó un péptido de 20 aminoácidos derivado de la hélice-4 de IRGb2-b1, mediante dieciocho descriptores, que interactúa con residuos claves de ROP5 (Phe-489, Gly-490, Ser-491, Cys-492, Thr-493, Pro-49, Lys-500). Además, el docking fue congruente con los resultados del algoritmo.

**Conclusiones.** El péptido derivado de la hélice-4 de IRGb2-b1 interactúa con residuos de ROP5 previamente reportados de interactuar con la proteína IRG6a.

#### 161. Estudio *in silico* de la Proteína SAG-Related Sequence 12B (SRS12B) de *Toxoplasma gondii*.

Valencia J, Acosta J, Molina D, Gómez J,  
GEPAMOL; Universidad del Quindío. [jvalenciah@uqvirtual.edu.co](mailto:jvalenciah@uqvirtual.edu.co)

**Introducción.** Las SRS (Sag-related sequence) son proteínas de *T. gondii* que median la adhesión del parásito a la célula hospedadora y modulan la respuesta inmune. SRS12B es una SRS identificada *in silico* y según la base de datos ToxoDB muestra niveles de expresión en bradizoítos y taquizoítos, sugi-

riendo una posible actividad en la invasión a la célula huésped, sin embargo, no cuenta con una descripción estructural ni funcional, lo que nos conlleva a este estudio donde se busca describir el posible mecanismo de actividad y funcionalidad de la proteína SRS12B de *T. gondii*

**Materiales y métodos.** La secuencia se obtuvo de la base de datos TrEMBL. La predicción de los dominios por SMART y NCBI CD, la estructura secundaria fue predicha por PDBsum y ProFunc. El modelado 3D se realizó por medio de I-Tasser. La plantilla fue la proteína BSR4 (2JKS). Se evaluó la calidad del modelo por el Plot de Ramachandran.

**Resultados.** Se encontró que SRS12B consta de dos dominios SAG-típicos a ambos extremos, presentando una topología en tipo mancuerna. SRS12B presenta 21 láminas beta paralelas y antiparalelas formando una estructura tipo  $\beta$ -Sandwich establecidas por puentes disulfuro, además, de 3 hélices alfa. SRS12B es una proteína homodimérica, el interfaz de los dominios D1 muestran una ranura definida para la interacción con proteoglicanos sulfatados como la heparina

**Conclusiones.** SRS12B presenta una identidad estructural con BSR4, lo que nos sugiere que esta presenta una posible función de adhesión dentro del parásito, pero se deben realizar estudios experimentales para estudiar con mayor detalle este mecanismo de acción.

#### 162. Identificación y evaluación *ex-vivo* de péptidos inmunogénicos de *Toxoplasma gondii* restringidos al supertipo HLA-A\*24 en en PBMCs individuos con toxoplasmosis.

Vargas M, Rincon M, Cardona N, Gómez J,  
Universidad del Quindío. mlrincon@uniquindio.edu.co

**Introducción.** La vacuna ideal basada en péptidos para toxoplasmosis es aquella que genere una respuesta celular Th1 con altos niveles de IFN- $\gamma$  y restringida a supertipos HLA-I más prevalentes en la población. El objetivo fue identificar y evaluar *ex-vivo* péptidos inmunogénicos de *Toxoplasma gondii* restringidos al supertipo HLA-A\*24 en PBMCs individuos con toxoplasmosis.

**Materiales y métodos.** Se buscaron péptidos con afinidad por el HLA-A\*24 mediante revisión bibliográfica sistemática, identificando patrones de secuencia conservados con Weblogo. Luego se buscaron en ToxoDB proteínas con los criterios de selección: secuencia patrón, péptido señal, región transmembranal y términos de Gen-Orthology, usando la herramienta "Protein-Motif-Pattern". Posteriormente se identificaron péptidos de 9 residuos afines al HLA-A\*24 (1. Se eligieron péptidos de proteínas multiestadío y multicépa, sin homología con secuencias humanas. Los péptidos seleccionados serán el estímulo para PBMCs de individuos asintomáticos, oculares y negativos para *Toxoplasma*, tipificados para el HLA-A\*24 mediante PCR-SSP. Se medirán los niveles de IFN- $\gamma$  en los PBMCs estimulados mediante ELISA.

**Resultados.** Se obtuvieron 14 péptidos de 5 proteínas usando el patrón de búsqueda [YFI]...[AN][LN][LIF]. Finalmente se seleccionaron 3 péptidos de 3 proteínas (R0P5, R0P18 y Gpi16) que cumplieron todos los criterios de selección. La PCR-SSP ha reportado una frecuencia de 64% (17/25) del HLA-A\*24.

**Conclusiones.** La estrategia racional de búsqueda permitió identificar 3 péptidos con potencial de inducción de IFN- $\gamma$ , los cuales serán evaluados en la población de interés (HLA-A\*24+). Hasta el momento se reporta una frecuencia del 64% para el haplotipo HLA-A\*24 en las muestras tipificadas.

#### 163. Malaria en el embarazo en cuatro zonas endémicas en Colombia.

Vasquez A, Zuluaga L, Arboleda M, Gallego C, Tobón A,  
Universidad de Antioquia, Instituto Colombiano de Medicina Tropical (ICMT); Sede Apartadó, Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM), amaria.vasquez@udea.edu.co

**Introducción.** La malaria en la gestación (MG) se asocia con complicaciones materno-fetales, de ahí la importancia de estudiar la MG para vigilar su impacto. El objetivo de este trabajo fue describir la frecuencia de la MG en cuatro municipios en Colombia y explorar las características asociadas.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio transversal en gestantes que se presentaron al control prenatal (CPN), atención del parto o atención en el puesto de diagnóstico de malaria en El Bagre, Apartadó/Turbo, Quibdó y Tumaco (Mayo-2016 a Octubre-2017). Se realizó microscopía y PCR y se registró información demográfica, clínica y de antecedentes de malaria.

**Resultados.** Se estudiaron 787 gestantes, 29% fueron adolescentes, 39% primigrávidas y 39,5% tuvieron anemia. La frecuencia de infección fue 4,2% por microscopía (IC 95% 2,8-5,6) y 5,3% por PCR (IC 95% 3,8-6,9). *P. falciparum* causó el 78,5% de las infecciones. La frecuencia de infección fue menor en el parto versus CPN.

**Conclusiones.** Se encontraron infecciones que pueden afectar el proceso de gestación y que portan con gametocitos. Se recomienda la búsqueda activa en CPN que permite identificar tempranamente la infección y fortalecer la protección contra el vector.

#### 164. Determinación de los genotipos, y características en cultivo de *Blastocystis sp* en aislados de personas con diarrea y sin diarrea en Armenia Quindío.

Muñoz G, Triviño J, Lora F, Gomez J,  
UNIVERSIDAD DEL QUINDIO. gdmu2016@gmail.com

**Introducción.** *Blastocystis hominis* es un protozoo parásito que se encuentra en el tracto intestinal del hombre y algunos animales. El presente trabajo tuvo como objetivo determinar los genotipos, y la tasa de crecimiento en cultivo de *Blastocystis hominis* obtenido a partir de aislados de individuos con y sin diarrea.

**Materiales y métodos.** Se obtuvieron muestras coprológicas de 14 individuos asintomáticos y 26 muestras de pacientes sintomáticos (diarrea, dolor abdominal) en Armenia (Quindío). Las muestras fueron inoculadas en medio optimizado de lactato de Ringer. Se inocularon 10.000 células/ml de cada aislado por triplicado y se compararon los promedios de crecimiento al día 7, entre los aislados de asintomáticos versus los sintomáticos. Se realizó una amplificación por PCR y posterior secuenciamiento.

**Resultados.** Se obtuvieron 15 aislados de sintomáticos y 10 de asintomáticos. Los aislados de crecimiento obtenidos de los individuos sintomáticos crecieron mucho más (Media: 43.000 vacuolares y granulares, rango 33.000-55.000) que los aislados de pacientes asintomáticos ((Media 33.000; rango: 23.000 – 40.000) de manera estadísticamente significativa (Mann Whitney, p= 0,0005). Se encontró una prevalencia mayor estadísticamente significativa entre presencia del subtipo 2 y síntomas de diarrea (X2, p= 0,005).

**Conclusiones.** Los aislados de personas sintomáticas se comportan en cultivo de manera diferente a los de personas asintomáticas y existe una asociación entre el subtipo 2 y tener síntomas.

#### 165. Detección de ADN de *Toxoplasma gondii* en alimentos y agua de restaurantes escolares en la ciudad de Armenia, Quindío, Colombia.

Zamora A, Luna J, Muñoz D, Hernández N, Buitrago E, Lora F, Gómez J,  
GEPAMOL Universidad del Quindío. oazamorav@uqvirtual.edu.co

**Introducción.** Los alimentos son una fuente de infección parasitaria que puede provocar diferentes enfermedades. Entre estos, encontramos a *Toxoplasma gondii*, que puede infectar la población infantil debido a la inmadurez inmunológica, mala nutrición y malos hábitos de higiene. Por lo cual, nuestro objetivo fue detectar ADN de *T. gondii* en muestras de alimento y agua de restaurantes escolares en Armenia, Quindío.

**Materiales y métodos.** Diez restaurantes escolares fueron seleccionados al azar. Se llenaron encuestas y se tomaron muestras de carne, vegetales, agua hervida, jugo, agua de grifo, superficies vivas (palma de mano) e inertes por triplicado, para un total de 213. Se realizaron procesos de concentración y extracción de ADN. *T. gondii* fue detectado por PCR convencional para la secuencia B1.

**Resultados.** Entre los 10 restaurantes escolares, el 60% (6/10) presentaron contaminación. Así, se obtuvo un 6,1% (13/213) muestras positivas para la secuencia B1 de *T. gondii*. Entre estas, el 30,7% (4/13) resultaron de agua (hervida y grifo), 15,3% (2/13) de jugo, 7,6% (1/13) de carne res, 30,7% (4/13) en superficies vivas y 15,3% (2/13) en superficies inertes.

**Conclusiones.** Este es el primer estudio en detectar ADN en superficies vivas e inertes y jugo en restaurantes escolares. Los usuarios de los restaurantes escolares podrían encontrarse en riesgo de infección debido a la contaminación y posibles rutas de transmisión entre las matrices evaluadas.

#### 166. Determinación de genotipos de *Giardia intestinalis* encontrados en niños de tres escuelas rurales de Apulo, Cundinamarca.

Hernández P, Morales L, Sánchez L, Jaramillo J, Sarmiento D, Ordoñez G, Cortés F, Chaparro-Olaya J,  
Universidad El Bosque. hernandezpaula@unbosque.edu.co

**Introducción.** *G. intestinalis* posee una diversidad genética representada en 8 genotipos nombrados del A al H. Los genotipos A y B se han encontrado en humanos y otros mamíferos, y los genotipos C-H son específicos de varias especies animales.

**Materiales y métodos.** Se obtuvieron 97 muestras de materia fecal de niños escolares, se extrajo el ADN total y con él se realizaron pruebas de PCR para los genes 16S rRNA y glutamato deshidrogenasa (gdh) de *G. intestinalis*. Con el amplificado del gen gdh se hicieron ensayos de RFLP y secuenciación. Se hizo un análisis filogenético de las secuencias obtenidas por medio del programa MEGA 7.

**Resultados.** Se encontró una positividad para *Giardia* del 28% (27 muestras) con el gen 16S rRNA y de 10 muestras se obtuvo una amplificación exitosa del gen gdh. Los ensayos de RFLP y de secuenciación mostraron que una muestra correspondió al genotipo AI y cuatro al genotipo AII. Cinco muestras fueron asignadas al genotipo B y mediante secuenciación se clasificaron dos en el subtipo BIII y tres en el subtipo BIV.

**Conclusiones.** Se identificaron los genotipos A y B de *G. intestinalis* circulando en la misma proporción en los niños escolares de tres escuelas rurales de Apulo. Financiación: Universidad El Bosque (PCI 2016-9045).

## FARMACOECONOMÍA

### 167. Gastos de bolsillo de pacientes con diagnóstico de dengue en las ciudades de Medellín y Montería.

Hernández J, Doria E, Roldan M, Bustamante A, Morales N, Hernández F, Álvarez L, Martínez L, Corena F, Universidad Pontificia Bolivariana. [h.josemauricio@gmail.com](mailto:h.josemauricio@gmail.com)

**Introducción.** El dengue representa un problema de salud pública en Colombia. Se estima que el 40% de pacientes requieren atención médica e incapacidad laboral entre 5 – 7 días; situación que obliga a los pacientes a incurrir en gastos de bolsillo. El objetivo del estudio es conocer los gastos de bolsillo de los pacientes con dengue en Medellín y Montería.

**Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo, prospectivo. Se ingresan pacientes con diagnóstico de dengue entre Julio de 2.016 y diciembre de 2.017 quienes completan una encuesta para conocer los gastos de bolsillo que tuvieron que asumir durante el diagnóstico y la recuperación de la enfermedad.

**Resultados.** Ingresan 75 pacientes con edad promedio de 30 años. El 80% de los pacientes pertenecen a los estratos 0 – 3 y el 56% son afiliados al régimen contributivo. El 19% de los requirió hospitalización. Los gastos más frecuentes fueron en transporte \$ 21.153, medicamentos \$ 71.625 y relativos a la hospitalización \$ 282.000; El dinero que se dejó de recibir por incapacidad laboral fue de \$388.588. El gasto de bolsillo promedio en los pacientes del estudio fue de \$ 350.123.

**Conclusiones.** Teniendo presente que el 51% de pacientes reciben menos de dos SMMLV, los gastos de bolsillo en los que incurrir representan entre el 9% y el 45% de su ingreso; lo que significa que para algunas familias el dengue se comporta como un evento catastrófico. El mayor costo para las familias ocurre cuando el paciente requiere hospitalización. Financió Universidad Pontificia Bolivariana.

### 168. Tendencias de consumo de antibióticos en unidades de cuidados intensivos de Colombia, 2010-2016.

Machado J, Sánchez J, Gómez J, Moreno P, Pantoja S, Thahir S, Gaviria A, Universidad Tecnológica de Pereira. [sanchezduquejorge@gmail.com](mailto:sanchezduquejorge@gmail.com)

**Introducción.** Introducción: Los antibióticos, especialmente los de amplio espectro, se utilizan con frecuencia en unidades de cuidados intensivos (UCI). El objetivo fue describir las tendencias en la prescripción de antibióticos en pacientes hospitalizados en UCI de Colombia.

**Materiales y métodos.** Materiales y métodos: Estudio descriptivo observacional. El consumo de antibióticos se analizó a partir de una base de datos sistematizada de dispensación de medicamentos en 11 UCI con una media de 157 camas/año en siete ciudades de Colombia. Se incluyeron pacientes mayores de 18 años que recibieron antibióticos durante un periodo de siete años. Se evaluaron variables demográficas, farmacológicas y de costos. Para el análisis de datos se utilizó el software estadístico R.

**Resultados.** Resultados: 26,625 pacientes de la UCI fueron tratados con antibióticos, lo que representa 34,285 terapias y 221,791 dispensaciones. La edad promedio fue 60±19.8 años, 50.6% fueron hombres. Del total de terapias registradas en el estudio, 18.363 fueron con un antibiótico, y 15.922 fueron terapia combinada. Los antibióticos más utilizados fueron piperacilina-tazobactam, ampicilina-sulbactam, vancomicina, meropenem y cefazolina. La dosis diaria definida por 100 días-cama de cefepima, meropenem y piperacilina-tazobactam aumentaron en

el tiempo. Por el contrario, el consumo de ciprofloxacina, oxacilina, ceftriaxona y claritromicina disminuyeron. El costo promedio por día de tratamiento disminuyó entre 2010 y 2016 para la mayoría de los antibióticos; El medicamento de mayor carga económica durante el estudio fue meropenem.

**Conclusiones.** Conclusiones: Hubo un aumento en el uso de piperacilina-tazobactam, carbapenémicos y vancomicina. Los cambios en los patrones de prescripción podrían ser indicadores de resistencia a antimicrobianos.

### 169. Estimación de costos asociados al dengue desde la perspectiva social en Armenia, Colombia.

Chamorro C, Taborda A, Londoño D, Carrasquilla G, Jimenez M, Tomasi S, Vivas F, Fundación Santa Fe de Bogotá. Secretaria de Salud de Armenia. [cindy.chamorro@fsfb.org.co](mailto:cindy.chamorro@fsfb.org.co)

**Introducción.** Con el fin de conocer el impacto económico del dengue desde la perspectiva social en Armenia, se estimaron los costos directos médicos, gastos de bolsillo asumido por la familia, costos indirectos del paciente y del cuidador

**Materiales y métodos.** Se estimaron los costos directos médicos del dengue para: (A) pacientes manejados ambulatoriamente, (B) pacientes que deben ser hospitalizados y (C) pacientes que requieren cuidados intensivos. Las fuentes de información utilizadas fueron: Algoritmo para la atención clínica de casos de dengue y dengue grave del INS, estudio de impacto económico del dengue en México, RIPS de Armenia y validación con expertos. Los valores se tomaron del Manual Tarifario ISS 2001+35%. Para la estimación de gastos de bolsillo y costos indirectos, se aplicó una encuesta a 738 hogares entre septiembre y octubre de 2017. Se estimó el impacto económico para Armenia utilizando el número de casos reportado en SIVIGILA. Todos los costos están expresados en pesos colombianos 2.017.

**Resultados.** Los costos directos médicos per cápita para (A) fueron \$59.504, para (B) \$345.174 y para (C) \$3.065.975, los gastos de bolsillo promedio por familia fueron \$133.527, los costos indirectos para el paciente fueron \$360.973 y para el cuidador \$262.703. El impacto económico total (según casos en 2.016) de costos directos médicos en Armenia fue de \$204.967.986, gastos de bolsillo de \$176.133.479, costos indirectos del paciente de \$415.790.308 y del cuidador de \$344.260.891.

**Conclusiones.** La estimación de costos desde una perspectiva social permite evidenciar la carga económica del dengue tanto para el sistema de salud como para las familias

## FARMACOLOGÍA

### 170. Eficacia *In vitro* e *In vivo* de la combinación entre Moxifloxacina (MOX) y Ceftriaxona (CRO) contra *Enterococcus faecalis*.

Jiménez I, Rodríguez C, Vesga O, Zuluaga A, Universidad de Antioquia. [ivone.jimenez@udea.edu.co](mailto:ivone.jimenez@udea.edu.co)

**Introducción.** El objetivo de este estudio fue determinar la eficacia de la combinación entre MOX y CRO contra el *E. faecalis* ATCC 29212, mediante curvas de letalidad (TKC) y en el modelo optimizado de infección del muslo en ratón neutropénico validado para estudiar la farmacodinamia de anti-enterocócicos (Rodríguez et al AAC 2015)

**Materiales y métodos.** Con las TKC se probaron concentraciones de 0.125, 0.25, 0.5 mg/L para MOX (MIC=0.25 mg/L) solas y en combinación con 4 mg/L de CRO (MIC=128 mg/L). En el modelo animal optimizado, dos horas después de inducir la infección, subgrupos de 2 ratones recibieron 0 a 3000 mg/kg/día de MOX sola o combinada con 200 mg/kg/día de CRO. La ecuación de Hill se ajustó a los datos de dosis-respuesta.

**Resultados.** Por TKC, CRO aumentó el efecto de MOX >3 log CFU/mL comenzando en 0.125 mg/L, indicando sinergismo. *In vivo*, MOX fue efectiva en monoterapia, y su efecto no se modificó al combinarse con CRO (Emax MOX: 4.40 vs. Emax MOX+CRO: 4.79 log CFU/g; ED50\_MOX 46.94 vs. ED50\_MOX+CRO 51.50 mg/kg/día, valor de P= 0.23 por análisis de ajuste de curva).

**Conclusiones.** A pesar del sinergismo *in vitro*, en el modelo animal la combinación MOX más CRO resulta tener un efecto indiferente, sugiriendo que la monoterapia con MOX contra cepas sensibles de enterococo es más racional. Esta discrepancia resalta la importancia de corroborar *in vivo* el efecto de combinaciones antibióticas con potencial sinérgico. Este proyecto fue financiado por Colciencias. Código 111571149738

**171. Evaluación *in silico* de posibles epitopos para el diseño de una vacuna contra la infección por *Escherichia coli* uropatógena.**

Cuspoca A, Arias L, Méndez Y, Riveros A,  
UPTC. [luisalejandro.arias@uptc.edu.co](mailto:luisalejandro.arias@uptc.edu.co)

**Introducción.** *Escherichia coli* es una bacteria que coloniza al ser humano de manera frecuente y que puede tener un comportamiento patógeno, relacionado con varias complicaciones de salud. Lo cual implica una gran carga para los pacientes y sistemas de salud por los altos costos, deterioro de la salud y disminución de la productividad. Esta problemática sumada la creciente resistencia a antibióticos ha llevado a la necesidad de desarrollar nuevas estrategias de manejo. Por lo tanto, este trabajo busca identificar objetivos vacunales para el desarrollo de una vacuna contra la infección por *E. coli* uropatógena

**Materiales y métodos.** Se aplicó una predicción bioinformática de epitopos potenciales en base a los siguientes parámetros: • Secuencias compartidas entre cepas patógenas de interés (UTI89, 536, UMN026, IAI39 y CFT073) • Ubicación a nivel extracelular • Ausentes en cepas comensales (SE11, SE15, k-12, HS y Nissle 1917) • Afinidad con los complejos HLA-I y HLA-II, el sistema de procesamiento de antígenos (TAP) y a linfocito-B. • Significativo potencial de antigenicidad Adicionalmente se realizó una validación preliminar mediante análisis de Docking y se estimó la respectiva cobertura poblacional.

**Resultados.** Se identificaron 11 potenciales epitopos que cumplieron con estos parámetros, los cuales alcanzan una cobertura poblacional de hasta 82.54% de forma individual. Y al estimar la cobertura conjunta de los 3 mejores epitopos este porcentaje se elevó hasta el 97.51%.

**Conclusiones.** Se identificaron epitopos con características de interés para la promoción de una respuesta inmune efectiva y que cobijan a gran porcentaje de la población mundial. Por lo que se propone su uso en el desarrollo de una vacuna contra este patógeno.

**172. Designing new specific drugs for the treatment of fungal infections using a novel strategy: Phosphatidylinositol-3-kinase (PI3K) as a promising new target in *Histoplasma capsulatum*.**

Rubio-Carrasquilla M, Valdés-Tresanco M, Cano L, Moreno E,  
Corporación para Investigaciones Biológicas, Universidad de Medellín,  
Corporación para Investigaciones Biológicas, Universidad de Medellín.  
[ernesto\\_moreno\\_frias@yahoo.com](mailto:ernesto_moreno_frias@yahoo.com)

**Introducción.** The limited repertoire of anti-fungal drugs prompts for the development of new, more effective and safer drugs. We have designed a novel strategy to address this problem, identifying the enzyme PI3K -which in humans is used as target in cancer- as a potential new target in fungi that would allow the development of specific drugs.

**Materiales y métodos.** Our new strategy is based on comparing the active site structures of the human and fungal orthologs, focusing on the few amino acid differences between the two proteins that create what we call a "design space", that is, local changes in the topology and/or chemical properties that would allow the design of specific inhibitors. On the other hand, the high similarity between the two active sites allows validating *in vitro* the fungal target using known inhibitors of the human ortholog.

**Resultados.** We identified two amino acid substitutions in the active site of the fungal PI3K. One of them (Ile-760→Ala), creates a small cavity deep in the active site. High-performance binding-energy calculations performed on dozens of human PI3K inhibitors, aiming to predict their capacity to bind the fungal enzyme, lead us to select eight of these molecules for *in vitro* testing of their growth inhibition capability in *Histoplasma capsulatum*. Three compounds showed mean inhibitory concentrations (MIC50) ≤ 10 µg/mL. A fourth compound showed a MIC50 < 1 µg/mL.

**Conclusiones.** PI3K may represent a new therapeutic target for fungal infections. Our new strategy may lead to the identification of other novel promising targets in fungi. Colciencias Grant 2213-744-55964

**INFECCION POR VIH - SIDA**

**173. Criptococo y VIH: análisis clínico y de laboratorio de 47 pacientes.**

Calle M, Berrio I, Jaramillo D, Jimenez J, Universidad CES,  
Hospital general de Medellín; grupo MME corporación para investigaciones biológicas, Universidad de Antioquia - Hospital San Vicente de Paúl - Clínica León XIII. [matcalle@hotmail.com](mailto:matcalle@hotmail.com)

**Introducción.** El conocimiento de la epidemiología local es fundamental en el entendimiento del VIH y las infecciones fúngicas invasoras. Se plantea una descripción clínica de las características de esta enfermedad en una población

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de corte trasversal en una institución pública de alta complejidad en Medellín, se analizaron pacientes con diagnóstico confirmado de VIH e infección por criptococo entre 2012 - 2017

**Resultados.** Se analizaron 47 pacientes, 46 hombres, edad promedio 38 años. Las principales manifestaciones fueron cefalea 34 (72%), fiebre 31 (65%), pérdida de peso 28 (59%), adenopatías 16 (34%), convulsiones 16 (34%), disnea 14 (29%). El 89% tenían conteo de cd4 <200, antígeno para Criptococo positivo en 33 (70%), 18 en LCR y 15 en suero, cultivo positivo en 23 (48%), tinta china 22 (46%), hemocultivos positivos 8 (17%). Existió co infección por otro oportunista en 34 (72%), el más común fue tuberculosis en 11 (23%), CMV por carga viral en 8 (17%), toxoplasma 6 (12%). La mortalidad bruta fue del 31%.

**Conclusiones.** La coinfección VIH y criptococo tiene una mortalidad descrita cercana al 35% similar a nuestra investigación. Dicha simbiosis siempre obliga a descartar coinfección con otro oportunista siendo tuberculosis el principal en un país endémico como Colombia.

**174. Adherencia al tratamiento antirretroviral y retención en cuidado posterior al parto en mujeres con VIH atendidas en una IPS especializada en la ciudad de Bogotá de 2004 a 2017.**

Arévalo L, Karkomes N, Murcia P, Cantor L, Mantilla M,  
Centro de Expertos para Atención Integral. CEPAIN IPS.  
[larevalom79@hotmail.com](mailto:larevalom79@hotmail.com)

**Introducción.** La adherencia y continuidad en la atención a las mujeres VIH posterior a la gestación disminuye significativamente con respecto a lo que se reporta en los controles prenatales. El objetivo de este estudio es describir las causas y motivaciones relacionadas con el abandono del tratamiento antirretroviral (TAR) en mujeres VIH posterior a la gestación/parto.

**Materiales y métodos.** Estudio analítico de corte transversal, se evaluó los casos de gestantes en la IPS especializada CEPAIN de Bogotá (Colombia), a quienes se les realizó por historia clínica un seguimiento a lo largo de los siguientes años al parto.

**Resultados.** De 2004 a 2017 se identificaron 250 mujeres VIH que fueron gestantes en el programa de atención especial, se encontraron activas en seguimiento 156 mujeres; de ellas, se reportó que 60 mujeres presentaron lapsos de inaderencia al TAR, y en menos de 2 años del parto 26 mujeres (16.6%) suspendieron la medicación en un promedio de 261 días [IC 95% 180-341], se encuentra que a lo largo del seguimiento han presentado en promedio 1.8 interrupciones [IC 95% 1.3-2.2]. La principal causa está dada por trastorno de adaptación (42.3%), seguido de efectos adversos (15.4%), depresión (11.5%), disfunción familiar (11.5%), e indicación médica (7.7%).

**Conclusiones.** Comparado a lo descrito mundialmente, en nuestra población no se observa que exista un gran porcentaje de pérdida de continuidad del tratamiento post-parto, en las mujeres "no asistentes" hay una mayor frecuencia del trastorno de adaptación, sin tener una diferencia estadísticamente significativa con el motivo del diagnóstico.

**MICOBACTERIAS**

**175. Tuberculosis en pueblos indígenas del Choco. Estudio epidemiológico y sociocultural.**

Hernández J, Villegas T,  
Universidad Pontificia Bolivariana, Universidad San Buenaventura.  
[h.josemauricio@gmail.com](mailto:h.josemauricio@gmail.com)

**Introducción.** Las comunidades indígenas son uno de los grupos, más vulnerables para contraer tuberculosis (TB); Este estudio presenta un análisis de la situación epidemiológica de la (TB) en los pueblos indígenas del Choco, y sugiere la intervención de factores socio-culturales que puedan mejorar el control de la enfermedad.

**Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo. Se analiza la frecuencia de TB en el Choco entre los años 2.009 y 2.016. Se identifican comportamientos socioculturales que podrían estar afectando la ocurrencia de la enfermedad en estas comunidades.

**Resultados.** La incidencia promedio de TB en Colombia entre los años 2.009 y 2.016 fue de 25,3/100.000. La incidencia en la población afro del Choco, (90% de la población del departamento) fue de 41,7/ 100.000 habitantes. En los pueblos indígenas que representan el otro 10% de la población, la incidencia para el mismo periodo fue 192.1/100.000 habitantes. La mayoría de casos (54%) se presenta en mujeres.

**Conclusiones.** La incidencia de TB en pueblos indígenas del Choco es muy alta comparada con la media nacional. Entre las posibles causas está el concepto mágico que le otorgan al origen de la enfermedad, en el que consideran que ésta se trasmite a través de espíritus que viven en animales y árboles. Las mujeres están más afectadas probablemente por el papel que cumplen en la comunidad. Deben implementarse actividades educativas y de intercambio de saberes que les permita entender que la enfermedad se transmite entre personas, y disminuir así la cadena de transmisión.

**176. Características clínicas, diagnósticas y desenlaces más frecuentes de pacientes inscritos en el programa de control de la enfermedad de Hansen del Valle del Cauca, 2010-2016.**

Chantré A, Rivas A, Santa J, Luna L, Hoyos D, Forero L, Figueroa J, Pacheco R, Ferro B,  
*Universidad Icesi, Secretaria de Salud Pública Municipal de Cali, Secretaría Departamental de Salud del Valle del Cauca. beferro@gmail.com*

**Introducción.** Aún se reporta un número no despreciable de pacientes con Enfermedad de Hansen cuyo grado de discapacidad llama la atención. Esto pone en evidencia la baja sospecha clínica y poca anticipación a complicaciones prevenibles. Con el propósito de visibilizar la enfermedad se caracterizó a los pacientes inscritos en el programa de control de la enfermedad de Hansen del departamento del Valle del Cauca, 2010-2016.

**Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo con 380 registros del programa de control de la enfermedad de Hansen del Valle del Cauca durante 7 años.

**Resultados.** La mediana de edad fue 54 años (RI: 39-65), la mayoría de registros fueron hombres (59%). Cali reportó el 37,6% de los casos, seguido por Tuluá (10%) y Palmira (8,9%). El 84,5% de los casos tenía condición de nuevo y el 9,2% era recidiva; el 77% fue multibacilar. El retraso diagnóstico fue 40 meses en promedio; al menos el 50% de los pacientes presentó más de 50 lesiones y el 9,2% mostró alguna deformidad o daño visible al diagnóstico (discapacidad grado II). La lepro-reacción tipo 2 fue la más frecuente. El 8,9% de los pacientes abandonó el tratamiento.

**Conclusiones.** En el Valle del Cauca existe un alto reporte de casos nuevos de enfermedad de Hansen y su diagnóstico es tardío. Esto demuestra la necesidad de concientizar sobre la detección temprana de signos y síntomas de la enfermedad de Hansen, además de fomentar el uso de medidas preventivas para la discapacidad grado II, como la terapia.

**EPIDEMIOLOGIA HOSPITALARIA,  
INFECCIONES INTRAHOSPITALARIAS Y CONTROL DE INFECCIÓN**

**177. Implementación de un programa de catéter venoso seguro en una institución hospitalaria de alta complejidad en Colombia.**

Barrero A, Velásquez M, Daza H, Herrera R, Pallares C,  
*Centro Médico Imbanaco. icako@hotmail.com*

**Introducción.** Las infecciones del torrente sanguíneo (ITS) de catéteres venosos centrales (CVC) son las más costosas asociadas a la atención en salud. Los catéteres venosos centrales de inserción periférica (PICC) son una alternativa que ha mostrado hasta 40% menos ITS versus CVC, pero su implementación requiere un equipo entrenado en su manejo. Este estudio tuvo como objetivo evaluar la implementación de un programa de catéter venoso seguro en una institución hospitalaria de Cali.

**Materiales y métodos.** Se implementó un programa de inserción y mantenimiento de accesos vasculares con un equipo multidisciplinario en salud, realizando captación de pacientes candidatos a inserción de PICC mediante criterios de la Infusion Nurses Society (INS) y estableciendo seguimiento periódico al mantenimiento de catéteres; se realizó educación a colaboradores en protocolos de manejo con actividades didácticas, evaluaciones cuantitativas y rondas de detección temprana.

**Resultados.** Desde enero 2015 hasta marzo 2018 se realizaron 2000 inserciones de PICC, 69% para administración de medicamentos, 19% para quimioterapia, 7% TPN, entre otros. 94% sin ninguna complicación, 34% única punción, 100% confirmadas (34% con trazado electrocardiográfico -Sherlock 3CG® Tip Confirmation System (TCS)- y 66% con Rx de tórax). Se presentaron complicaciones como infecciones (2,7%), oclusiones (1,2%) y trombosis (0,6%). Se realizaron 10.156 curaciones sin complicaciones.

**Conclusiones.** Los catéteres PICC representan menor riesgo de infección para los pacientes en comparación con los CVC dentro y fuera del hospital. Implementar estos programas garantiza la administración segura de medicamentos y permite vigilar el manejo adecuado de accesos vasculares.

**178. Evaluación de desenlaces de pacientes con candidemias utilizando el panel de identificación sanguíneo Filmarray® (PCR múltiple anidada).**

Solarte M, Jaramillo L, Ortega R, Bernal L, Cerón M, Estrada M, Zambrano L, Vallejo A, Solarte-Portilla M,  
*Hospital Universitario Departamental de Nariño, Clínica Fátima Pasto. masolarte9@gmail.com*

**Introducción.** La frecuencia de candidemias como causa de sepsis es creciente en el mundo. Los métodos tradicionales para la detección de la fongemia son ineficaces, las pruebas rápidas de detección (PCR MULTIPLE ANIDADA) ofrece la posibilidad de detección de *Candida* en torrente sanguíneo en una hora. El objetivo del presente estudio es evaluar los desenlaces y mortalidad de los pacientes diagnosticados con candidemia utilizando dicho método.

**Materiales y métodos.** estudio es descriptivo observacional, de corte transversal, retrospectivo. Realizado entre Julio de 2015 y diciembre 2017. Se analizaron 40 muestras de sangre de pacientes hospitalizados en quienes se detectó candidemia, se tabularon variables sociodemográficas, clínicas y mortalidad, realizándose un análisis multivariado de regresión logística mediante SPSS.

**Resultados.** El germen que fue más detectado fue *Candida parasilopsis* (40%) *Candida albicans* (32,5%), *Candida glabrata* (12,5%), el 65% de los casos los pacientes sobrevivieron. En el 50% recibió Caspofungina, el 30% fluconazol, el 17,5% de los casos recibieron ambos antifúngicos. Se encontró asociación entre la estancia post diagnóstico de la fongemia y mortalidad, con valores estadísticamente significativos,  $p < 0,05$ .

**Conclusiones.** La utilización del panel sanguíneo multidección por PCR podría mejorar los sobrevivencia de pacientes con candidemia. Se establece asociación estadísticamente significativa entre estancia post diagnóstico y mortalidad

**179. Iniciativa para la prevención de neumonía adquirida en el hospital no asociada a ventilación mecánica (NAH NNAV) en un Hospital Universitario en Colombia.**

Linares C, Valderrama S, Soto M, Mckinley E, Morcillo J, Alarcón J, Gamba L, González A.  
*Hospital Universitario San Ignacio. Pontificia Universidad Javeriana. cjlinares@husi.org.co*

**Introducción.** Describir el resultado de la implementación de una serie de medidas para la prevención de NAH NNAV en pacientes adultos en un Hospital Universitario en Colombia

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, período de 2 años, se implementaron una serie de medidas para la prevención de NAH NNAV que incluyó: 1. identificación de pacientes con riesgo (pacientes mayores de 60 años, alteración de conciencia, trastorno de la deglución, o pacientes con traqueotomía) 2. marcación al paciente con un sticker en el tablero de identificación. 3. elevación de la cabecera de la cama a 30° - 45°, 4. limpieza bucal cada 12 horas, 5. aplicación enjuague bucal de clorhexidina cada 12 horas y aspiración de secreciones a necesidad. En los primeros seis meses, se realizó capacitación para todo el personal y se midió la adherencia mensual a la estrategia

**Resultados.** Durante el año 2016 se incluyeron 1.045 pacientes, con 10.011 observaciones, el cumplimiento de estas medidas durante el primer año fue del 33%. En el año 2017 se incluyeron 1400 pacientes, con 13.198 observaciones, la adherencia aumentó al 90%. La tasa de NAH NNAV disminuyó de 4.2 a 3.4 por 1000 días-paciente

**Conclusiones.** La estrategia implementada disminuyó los casos de neumonía nosocomial en un Hospital Universitario, logrado a través de la educación y el alto cumplimiento de las medidas. Se deben realizar estudios con un mejor diseño para confirmar los hallazgos.

**180. Caracterización clínica y microbiológica de pacientes en Unidad de Cuidado Intensivo a quienes se realizó modificación de antibiótico-terapia mediante programa de gestión de antibiótico en hospital nivel III, año 2017.**

Lopez M, Bravo J, Alfonso H, Tello J, Soler D, Vega A, Wilson Z, Perez-Franco J,  
*Fundación Hospital San Carlos. jbravojed@gmail.com*



**Introducción.** La implementación de programas de gestión de antibióticos se asocia con disminución de resistencia bacteriana, consumo de antibióticos y estancia hospitalaria. Su adherencia en Unidades de Cuidado Intensivo permite optimizar la intervención y desenlaces.

**Materiales y métodos.** Trabajo descriptivo de corte retrospectivo realizado en la Fundación Hospital San Carlos (Bogotá), durante el año 2017. Se evaluaron los pacientes en UCI a quienes se modificó antibiótico-terapia mediante proceso de uso apropiado de antimicrobianos. Se realizó caracterización y descripción de los desenlaces clínicos y perfil microbiológico, así como la antibiótico-terapia inicial y modificada de los pacientes en referencia.

**Resultados.** se incluyeron en el análisis 163 pacientes correspondientes a UCI Médica, Postquirúrgica e Intermedia de la Institución, durante el año de estudio. El 54% fueron hombres. El 82.21% correspondían a grupo etéreo mayores de 50 años. Los diagnósticos más frecuentes fueron sepsis de origen pulmonar, choque séptico y sepsis de origen abdominal en el 36.8%, 24.54% y 12.88%, respectivamente. El 81.6% de los pacientes eran inmunocompetentes. El 86.87% de los pacientes tenían Índice de comorbilidad Charlson  $\geq 2$ . En el 49.08% se sugirió cambio de antibiótico. Meropenem (20.25%), piperacilina/tazobactam (20.25%), vancomicina (19.02%) y fluconazol (12.88%) fueron los medicamentos que se modificaron más frecuentemente. En el 25.79% de los pacientes, los cultivos fueron negativos.

**Conclusiones.** La adherencia en Unidades de Cuidado Intensivo a programas de gestión de antibióticos, permite optimizar la caracterización de pacientes, intervención y desenlaces.

### 181. Control de brote de *Candida auris* en Hospital de Alta Complejidad.

Pérez-Franco J, Escobar J, Pescador A, Vergara K, Gómez J, Narváez A, González M, Mariño A, Bravo J, Mahecha J, Gómez C, Hospital Militar Central. [jairoe21@gmail.com](mailto:jairoe21@gmail.com)

**Introducción.** *Candida auris*, es un patógeno fúngico emergente, causa de brotes asociados a la atención en salud en los cinco continentes desde el 2009, con importante tasa de mortalidad

**Materiales y métodos.** Trabajo descriptivo que incluye reconocimiento del brote, identificación inicial del microorganismo y confirmación, variables demográficas, comorbilidad, factores de riesgo para infección invasiva por hongos, tratamiento de los pacientes, lugar de Hospitalización y desenlace. Descripción de las medidas de control del brote

**Resultados.** Duración del brote mayo – septiembre de 2016. Identificación inicial de aislados por VITEK 2 XL (*Candida haemulonii*) y confirmación por MALDITOF (*Candida auris*). 32 aislamientos, 11 pacientes. 6 casos de colonización y 5 de infección. Edad 18 – 81 años. 100% confirmados por hemocultivos. 100% catéter central, 80% Diabetes Mellitus. 80% sonda vesical, 60% ventilación mecánica. 40% cirugía abdominal y transfusión hemoderivados, un paciente cirugía cardiovascular 100% expuestos a antibióticos de amplio espectro, Vancomicina al 100%, meropenem, 60%, piperacilina tazobactam y cefepime 40%, ertapenem 20%. 60% puntaje de Candida score positivo y terapia anticipada con fluconazol. Letalidad 75%. Medidas de control: educación, vigilancia de cumplimiento de protocolos de lavado de manos y aislamiento, desinfección de superficies y mobiliario con hipoclorito de sodio a 5000 ppm 3 veces al día. Re entrenamiento en aplicación de Candida score. Ajuste en disposición de excretas de pacientes

**Conclusiones.** *C. auris* se asocia a alta tasa de mortalidad, comparte factores de riesgo para enfermedad fúngica invasiva con otras *Candida spp.* Para el control del brote responde a medidas para evitar la transmisión cruzada del microorganismo.

### 182. Miasis nosocomial en pacientes en unidad de cuidado crítico.

Díaz-Vélez C, Failoc V, Fernández-Mogollón J, Hospital Nacional Almanzor Aguinaga Asenjo, Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo, Universidad de San Martín de Porres, Perú. [cristiandiaz@hotmail.com](mailto:cristiandiaz@hotmail.com)

**Introducción.** El objetivo de este artículo es describir las características clínicas y los factores que condicionan a miasis nosocomial en pacientes del Seguro Social en Chiclayo, durante el 2017

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de reporte de casos de miasis nosocomial durante periodo de infestación de moscas comunes por inundaciones producidas por fenómeno El Niño Costero en el 2017. Se obtuvo la historia clínica de archivo clínico, además se confirmó el diagnóstico de la larva con apoyo de entomólogo de la Gerencia Regional de Salud.

**Resultados.** Se describen dos casos clínicos. Un primer paciente varón con antecedente PCI, epilepsia hace 10 años, con IAM hace 8 años. Portador de válvula mitral protésica desde hace cuatro meses. Ingresó por trombosis de válvula mitral protésica, asociado a shock cardiogénico e ingresa en ventilación mecánica. En su estancia hospitalaria se observa salida de larvas en región bucal, concluyendo con el diagnóstico de miasis nosocomial. El segundo caso también paciente varón antecedente de enfermedad isquémica coronaria, ingresa por shock cardiogénico y falla renal e ingresa a ventilación mecánica, durante su atención también se le diagnostica miasis.

**Conclusiones.** La importancia de las notificaciones de miasis nosocomiales, con un adecuado registro ayuda a tomar medidas adecuadas de prevención para evitar su propagación a otros pacientes durante su hospitalización. Es necesario definir la población en riesgo de miasis nosocomiales para brindar mejor atención en ello, además capacitar al personal hospitalario, familiares y personal que trabaje en los hospitales a fin de promover mejores cuidados hacia los pacientes

### 183. Neutropenia febril en pacientes adultos de un centro de referencia de hemato-oncología: una descripción de los hallazgos clínicos y microbiológicos.

Silva J, Bernal E, Ochoa M, Universidad Autónoma de Bucaramanga - FOSCAL. [juliodsilvaleon@gmail.com](mailto:juliodsilvaleon@gmail.com)

**Introducción.** La neutropenia febril es una emergencia infectológica y supone un desafío en el momento de abordaje y tratamiento. La tendencia actual es establecer parámetros que permitan diseñar estrategias diagnósticas y terapéuticas individualizadas, teniendo en cuenta las particularidades epidemiológicas de cada centro.

**Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo, de corte longitudinal, población objeto pacientes mayores de 18 años con diagnóstico de neoplasia hematología y neutropenia febril posterior a quimioterapia. Lo episodios se recogieron en un periodo de 6 meses, seguimiento por 30 días. El análisis estadístico fue con el software STATA 14.0.

**Resultados.** 55 episodios en 40 pacientes. Media de edad de 49 años. La neoplasia más frecuente fue la leucemia linfocida aguda. El 67% de los episodios tenían neutropenia febril profunda. La quimioterapia más administrada fue PETHEMA 7+ 3. La duración promedio de neutropenia febril fue 11 días. 49,9% de los episodios evidenció foco clínico infeccioso documentado durante el seguimiento. El foco más frecuente fue infección respiratoria baja 19,9%. La bacteriemia fue documentada en 50,9% de los episodios, 19 episodios con bacteriemia asociada a lesión de barrera. Los gérmenes más frecuentes fueron *Escherichia coli* no mdr 25%, *Klebsiella pneumoniae* no mdr 10,7%, *Staphylococcus coagulans* negativo 10,7%. Meropenem fue el antibiótico empírico más formulado (56,3%). La mortalidad ocurrió en un 16,3% (9 episodios). 7 episodios fallecieron por causas infecciosas y 2 episodios por causas no infecciosas.

**Conclusiones.** Este estudio se realizó con el fin de conocer las características demográficas, microbiológicas, con el fin de establecer estrategias diagnósticas y terapéuticas basados en la epidemiología local

## MICOLOGIA

### 184. Lipídica: una nueva estrategia para resolver especies crípticas en el complejo *Malassezia furfur*.

Celis AM, Cardona J, Restrepo S, Gonzalez, A, Wösten HAB, De Cock H, Grupo de Investigación Celular y Molecular de Microorganismos Patógenos (CeMoP), Departamento de Ciencias Biológicas Universidad de Los Andes. Laboratorio de Micología y Fitopatología(LAMFU), Departamento de Ciencias Biológicas Universidad de Los Andes. Grupo de Diseño de Productos y Procesos (GDPP), Departamento de Ingeniería Química, Universidad de los Andes. Microbiology, Department of Biology, Utrecht University, Utrecht, The Netherlands. [acelis@uniandes.edu.co](mailto:acelis@uniandes.edu.co)

**Introducción.** *Malassezia furfur* es parte de la microbiota normal de humanos y es asociada con entidades dermatológicas y fungemia. La secuenciación de los genomas evidenció la presencia de un complejo y especies crípticas como *M. furfur* atípica con asimilación fuerte de tween 80. Diferentes acercamientos sugieren la presencia de una nueva especie. La lipídica permite detectar e identificar todas las especies de lípidos. Debido a las características

lípidos dependiente de este género, es importante entender su metabolismo de lípidos, sin embargo pocos acercamientos han sido realizados. Así, el propósito de este estudio fue caracterizar el lipidoma de *M. furfur* y *M. furfur* atípica, con el fin de encontrar diferencias que permitan seguir estableciendo la presencia de una nueva especie dentro de este complejo.

**Materiales y métodos.** *Malassezia spp.*, fueron crecidas en caldo mDixon. Los pellets celulares fueron colectados, liofilizados para análisis lipidómico. La extracción y el análisis fue realizado por el West Coast Metabolomic Center. El tratamiento estadístico utilizando el software SPSS Statistics versión 23 de IBM®

**Resultados.** El análisis de lipidómica permitió identificar 246 compuestos lipídicos, clasificados en 13 grupos. Se encontraron diferencias altamente significativas para diglicéridos, ceramidas, FAHFA y triglicéridos. Compuestos como los ácidos grasos de una insaturación y 14 o 15 carbonos (FA(14:1) y FA(15:1)) permiten diferenciar a *M. furfur* atípica

**Conclusiones.** Diferencias en el contenido de lípidos entre *M. furfur* y *M. furfur* atípica aporta más evidencia a la presencia de una nueva especie en el género *Malassezia*.

#### 185. Molecular epidemiology implicates raw chicken manure as the infection source of polyphyletic Colombian *Histoplasma capsulatum* (Hc) isolates.

Gomez L, Arango M, Mcewen J, Zuluaga A, Peláez C, Acevedo J, Gomez O, Taylor M, Jimenez M, Universidad de Antioquia, Corporación para Investigaciones Biológicas - CIB. [luisa.gomezl@udea.edu.co](mailto:luisa.gomezl@udea.edu.co)

**Introducción.** Hc is a thermophilic dimorphic fungus that is the causative agent of histoplasmosis, the most frequent endemic mycosis in America. Genetic analysis has shown Hc isolates tend to cluster according to their geographical location. The objective of this study was to establish the genetic characteristics of the Colombian isolates of Hc from diverse environmental and clinical origin by MultiLocus Sequence Typing (MLST).

**Materiales y métodos.** Environmental samples were collected and evaluated by Hc100 nested-PCR. Isolates were recovered from positive samples using Mycosel media. Isolates were compared with MLST targeting the *arf*, *tub*, *antiH* and *ole* genes. Sequences from 3 environmental and 28 clinical Colombian isolates were compared with sequences publicly available in the Treebase matrix #1063 and GenBank using Geneious, IqTree and FigTree softwares.

**Resultados.** Of the 393 environmental samples collected, 39(9.9%) were positive by Hc100 nested-PCR. Of these positive samples, 3 environmental isolates were obtained from a not-composted chicken manure. MLST PCR analysis of 212 sequences identified 17 phylogenetic groups, of which, all 31 Colombian isolates were represented in 3 of the groups. Furthermore, the 3 Colombian environmental isolates all shared the same group, along with a subset of the Colombian clinical isolates.

**Conclusiones.** Given that the environmental isolates were grouped with the clinical isolates, it suggest that the environment, especially the non-composted chicken manure is a potential source of infection with Hc. There was observed great genetic heterogeneity among Colombian isolates, which indicates that the Hc Colombian population are polyphyletic. Colciencias Project code 111552128294 and CODI Project code 20141010.

#### 186. Inhibitory activity of limonene against isolated virulent for *Candida albicans* in vitro and in vivo

Muñoz J, Rossi D, Jabes D, Barbosa D, Cunha F, Nunes L, Arruda D, Taborda C, Universidad del Rosario, Johns Hopkins University, Universidade de Mogi das Cruzes, Universidad de Sao Paulo. [juliane.munoz@urosario.edu.co](mailto:juliane.munoz@urosario.edu.co)

**Introducción.** *Candida albicans* is a commensal yeast that is part of the human microbiota but in some cases could cause from mild skin mycosis to severe disseminated infections. The most used treatments against candidiasis are fluconazole, itraconazole, micazazole and in severe cases amphotericin B. However, the number of resistance cases to these antifungal drugs it has increased recently. Limonene belongs to the terpene group and has been shown a broad spectrum of activity such as antitumoral and antiprotozoal activities against *Trypanosoma cruzi*, *Plasmodium falciparum* and *Leishmania amazonensis*.

**Materiales y métodos.** In this study we evaluated the Limonene concentration capable to inhibit the growth of the yeasts *in vitro*. In addition, damage to the fungal structure was observed through transmission electron microscopy. For *in vivo* studies, were carried out Colony Forming Units (CFU), histology

and scanning electron microscopy of the vaginal canal from Balb/c female mice with the aim to analyze the effect of the Limonene against *Candida albicans*.

**Resultados.** The Limonene MIC capable to inhibit the growth of *Candida albicans* yeasts was defined. By electron microscopy was verified the damage of the fungal wall caused by the compound. *In vivo* model tests revealed a significant reduction of fungal burden of the animals treated intravaginal via with Limonene. Also, it was observed less yeast formations in the tissues of the treated animals.

**Conclusiones.** Our experiments suggest that the Limonene presents a protector role in the infection process caused by the virulent strain used of *Candida albicans*.

#### 187. Developing an Interferon Gamma Release Assay (IGRA) specific for *Histoplasma capsulatum* to detect asymptomatic infected individuals.

Rubio M, Santa C, Rondón J, Moreno E, Cano L, Corporación para Investigaciones Biológicas, Universidad Nacional de Colombia; Sede Medellín, Facultad de Ciencias Básicas; Universidad de Medellín, Escuela de Microbiología; Universidad de Antioquia y Corporación para Investigaciones Biológicas. [marcelaru@yahoo.com](mailto:marcelaru@yahoo.com)

**Introducción.** Histoplasmosis is the most common endemic mycosis in the Americas. At present there is no laboratory test that can detect subclinical or latent infections by *Histoplasma capsulatum* (Hc), which might develop as a severe infection in immunocompromised individuals. In this work we explore, to our knowledge for the first time, the suitability of an IGRA test ("HistoFeron") to detect latent Hc infection in asymptomatic individuals.

**Materiales y métodos.** A cohort of 126 individuals was enrolled. 106 individuals showed risk factors of Hc infection, 13 of them with a proven past infection. From the 20 participants without Hc risk factors, eight showed evidences of infection with *Mycobacterium tuberculosis*. Participants were recruited in Medellín between January/2014 and December/2017 at the Corporation for Biological Research (CIB). Whole blood samples were cultured with different Hc antigens and phytohemagglutinin; the IFN- $\gamma$  released by T lymphocytes upon stimulation was quantified by ELISA.

**Resultados.** A defined cutoff value of 20 pg/mL for the IFN- $\gamma$  concentration allowed to distinguish between the group with past proven infections and the group of non-infected individuals with high sensitivity (69-92%) and specificity (85-95%), for the four tested antigens. Positive 82-95% and negative 77-92% predictive values were also very high, comparable with those reported for commercially available IGRAs.

**Conclusiones.** The new HistoFeron test constitutes a promising screening method to detect individuals with latent Hc infection, even decades after the primo-infection. Future larger studies will allow to validate and introduce the test in the clinical practice. Colciencias Grant 569 Code 221356933526

#### 188. Vigilancia por laboratorio de la levadura emergente multiresistente *Candida auris* en Colombia.

Escandon P, Cáceres D, Lizarazo D, Rivera S, Chiller T, Duarte C, Instituto Nacional de Salud, National Center for Emerging and Zoonotic Infectious Diseases; Office of Infectious Diseases, CDC. [pescondon@ins.gov.co](mailto:pescondon@ins.gov.co)

**Introducción.** En Colombia, la circulación de *Candida auris* se conoce desde el 2015. Este trabajo describe la vigilancia por laboratorio de *C. auris* en el país entre febrero de 2015 a marzo de 2018

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo-retrospectivo de los datos asociados a casos confirmados por el laboratorio de candidiasis por *C. auris* notificados en Colombia entre febrero de 2015 a marzo de 2018

**Resultados.** Se identificaron 256 casos de *C. auris* en 13 de 32 departamentos del país (41%). Predominó el género masculino (n=166; 65%); el rango de edad fue entre 1 día a 96 años; el 17% (n=43) de los casos fueron  $\leq 1$  año. Las muestras provenían en su mayoría de hemocultivo (n=128; 50%), seguido por: orina (n=37; 14%), secreciones (n=15; 6%), otras muestras (n=63; 25%) y en 13 (5%) casos no se identificó la muestra de origen. Inicialmente *C. auris* fue identificada erróneamente por la institución principalmente como: *C. haemulonii* o *C. dubushaemulonii* (n=180; 70). Se realizó susceptibilidad antifúngica a 93 (36%) aislamientos, presentándose las siguientes tasas de resistencia: 11% (n=28) a fluconazol, 8% (n=20) a anfotericina-B, 0.4% (n=1) a anidulafungina y 0.4% (1) tanto a anfotericina-B como anidulafungina.

**Conclusiones.** La circulación de *C. auris* en Colombia está en aumento. El número de casos reportados no refleja la realidad nacional debido al sub-

reporte de la enfermedad, así como a la identificación errónea inicial de la levadura. La adherencia a la circular emitida por el INS en el 2016 es fundamental para contener la dispersión de este patógeno en el ámbito hospitalario.

**189. Principales agentes etiológicos causantes de dermatofitosis en piel en pacientes atendidos en un laboratorio especializado en Medellín, Colombia (1994 – 2016).**

Carrascal D, Zuluaga A, González A, Colegio Mayor de Antioquia; Medellín; Colombia, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB); Medellín; Colombia, Escuela de Microbiología; Universidad de Antioquia; Medellín; Colombia. [angel.gonzalez@udea.edu.co](mailto:angel.gonzalez@udea.edu.co)

**Introducción.** Las dermatofitosis en piel son una de las micosis superficiales más frecuentes; sin embargo, existen pocos reportes sobre la epidemiología y los principales agentes de esta micosis en Colombia. El objetivo de este estudio fue describir los casos de dermatofitosis y sus principales agentes etiológicos en pacientes remitidos a un laboratorio micológico de referencia en Medellín, Colombia, entre 1994–2016.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio retrospectivo, en el que se analizaron los registros de los pacientes con sospecha clínica de dermatofitosis en piel remitidos a la Unidad de Micología Médica y Experimental de la Corporación para Investigaciones Biológicas.

**Resultados.** Se analizaron un total de 5628 registros de pacientes con sospecha de dermatofitosis en piel, de los cuales 2780 (49.4%) tuvieron un diagnóstico presuntivo; se realizaron 2627 cultivos y se aisló el agente etiológico en 2429 muestras (87.4%). El agente etiológico más frecuente fue *T. rubrum* (44.2%), seguido por el complejo *T. mentagrophytes* (33.8%), *E. floccosum* (12.4%), *M. gypseum* (5.5%), *M. canis* (3.4%) y *T. tonsurans* (0.8%). Las formas clínicas más frecuentes fueron tinea pedis (59.5%) y tinea interdigitalis (13.3%). El 0.9% de los pacientes presentaron infección mixta por dos agentes y el 8.5% manifestaron más de una localización.

**Conclusiones.** Los resultados del presente estudio coinciden con previos reportes en los que *T. rubrum* predomina en la mayoría de las dermatofitosis. Sin embargo, se destaca el aumento de la incidencia de *M. gypseum*, que tiene una mayor prevalencia que *M. canis*, lo que representa un comportamiento diferente al observado en otros estudios.

**190. Colonización por *Candida auris* en una unidad de cuidado intensivo pediátrica en la costa norte de Colombia.**

Alvarado M, Bermúdez P, Varón C, Escandon P, Instituto Nacional de Salud, Hospital Casa del Niño Cartagena, Instituto Nacional de Salud. [maira8822@gmail.com](mailto:maira8822@gmail.com)

**Introducción.** *Candida auris* es una levadura recientemente descrita, cuya principal característica es su multiresistencia a antifúngicos y capacidad de causar brotes hospitalarios, especialmente en unidades de cuidados intensivos UCI. Tiene la facultad de sobrevivir en el medio ambiente a pesar de las medidas de limpieza realizadas. Este estudio pretende describir los hallazgos de un muestreo realizado a partir de muestras de colonización en una UCI pediátrica.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo; se tomaron 189 muestras de colonización a 33 personas: 24 menores de 16 años, (n=136) y 9 personal médico y asistencial, (n=53). Las muestras fueron tomadas de oídos, nariz, boca, axila, manos, ingle y recto, se sembraron en medio selectivo y enriquecimiento, *C. auris* se confirmó por PCR convencional.

**Resultados.** De los 24 niños muestreados, 21 (87,5%) presentaron colonización por *C. auris*, el 80,9% eran niños menores de dos años. El 38,9% de las muestras en niños (53/136) fueron positivas para *C. auris*. El origen de mayor recuperación fue axila (28,3%), ingle (18,9%), oídos y boca (15,2%) respectivamente, nariz (13,3%), recto (9,4%). El personal médico 6/9 (66,7%) presentó colonización por *C. auris*, con un 20,7% (n=11) de las muestras positivas: nariz (27,2%), seguido de oído, ingle y manos (18,2%) respectivamente, boca y axila (9,1%).

**Conclusiones.** Estos resultados confirman el potencial de *C. auris* como patógeno relacionado con las infecciones asociadas a la atención en salud y las dificultades para controlar su propagación. Es importante fortalecer las medidas de control en estas áreas, ya que representan un mecanismo de transmisión de *C. auris*. Colciencias, 2017360013243

**191. Phenotyping and genotyping of *Sporothrix schenckii* clinical isolates obtained from patients diagnosed by the Medical Mycology Group, at the School of Medicine, Universidad de Antioquia, from 2001 to 2017.**

Alvarez L, Zuleta M, Gomez O, Saavedra I, Molina D, Uran M, Arango M, Mcewen J, Rua A, Jimenez M, Universidad de Antioquia. [laurac.alvarez@udea.edu.co](mailto:laurac.alvarez@udea.edu.co)

**Introducción.** Phenotyping and genotyping of *Sporothrix spp* clinical isolate

**Materiales y métodos.** 42 clinical isolates were studied. A. Phenotyping: A1-Macroscopically: growth, pigment and texture were evaluated at the different time points in PDA and CMA at 25 °C and 30°C using an inoculum of 5x10<sup>5</sup> conidia/ml. Transition to yeast phase was determined at 37°C, CO<sub>2</sub> in: 1) brain heart infusion (BHI) supplemented with 2% glucose and 5% ; 2) BHI with 2% glucose, 5% human blood, 0.1% L-cysteine and 5%. Carbohydrate assimilation was tested using the API 20 C AUX kit .The reading was after 8 days of incubation at 30°C. A2-Microscopically: morphology, diameter and sporulation were evaluated on microcultures on PDA at 25 °C. B-Genotypication: DNA was extracted from the yeast phase of 40 isolates. The calmodulin gene was amplified by conventional PCR, and sequence.

**Resultados.** A1: The growth of isolates was different between temperatures, and similar in both culture media. The pigment varied from beige to black, with varied distribution. The texture was generally membranous. The transition to yeast phase was 100% using BHI-2 and 90% with BHI-1. The differences on the carbohydrate between isolates were raffinose, inositol, adonitol, lactose, 2Keto- glutanate, A2: All isolates produced oval conidia without pigment; some elongated oval and pigmented triangular with sesil sporulation; globoses with botrios symodial sporulation. B-The genetic analysis shown that the species of our isolates are: *Sporothrix schenckii* and *Sporothrix globosa*.

**Conclusiones.** The *Sporothrix spp* clinical isolates present phenotypic differences between these; the genetic analysis shown that correspond to *Sporothrix schenckii* and *Sporothrix globosa*.

**MICROBIOLOGIA**

**192. Diagnóstico de la infección respiratoria aguda por PCR múltiple: etiología y comportamiento en pacientes de instituciones hospitalarias de Medellín, 2016-2018.**

Maldonado N, Múnera M, Robledo C, Robledo J, Germen G, Laboratorio de Microbiología - Hospital Pablo Tobón Uribe, Laboratorio Médico Referencia, Corporación para Investigaciones Biológicas; Universidad Pontificia Bolivariana, Grupo GERMEN. [natalia.maldonado@yahoo.com](mailto:natalia.maldonado@yahoo.com)

**Introducción.** El diagnóstico molecular permite la detección rápida y simultánea de agentes causales de infección respiratoria aguda y proporciona información valiosa para la salud pública local.

**Materiales y métodos.** estudio descriptivo retrospectivo entre abril de 2016 y abril de 2018 en 616 hisopados nasofaríngeos, procesados en dos laboratorios clínicos hospitalarios, usando el panel respiratorio del sistema FilmArray® (BioFire Diagnostics, Salt Lake City, UT), provenientes de pacientes atendidos en instituciones hospitalarias de Medellín.

**Resultados.** Del total, 332 muestras fueron positivas para uno o más microorganismos (53,9%), con un 9,9% de coinfecciones. Los agentes detectados con más frecuencia fueron rinovirus/enterovirus humano (RV/EV) (24,0%), virus respiratorio sincitial (VRS) (14,9%), virus de la influenza A/H1-2009 (11,0%) , virus de influenza A/H3 (10,8%), y virus Influenza B (8,8%). Dentro de las 30 muestras con detecciones mixtas, la asociación más frecuente fue la presencia de rinovirus/enterovirus concomitante con otro virus (18 casos). Los agentes más frecuentes por grupo etario fueron VRS (30,8%) en niños  $\geq$  1 año; RV/EV (19,1%) en niños < 1 año  $\geq$  15 años; RV/EV (12,8%) y A/H1-2009 (7,9%) en adultos entre 16-64 años y el Influenza A/H3 (10,2%) en adultos  $\geq$  65 años. La frecuencia de RV/EV y VRS es constante en el tiempo, mientras que para influenza A/H1-2009 se observa un pico entre junio y julio de 2016 y para influenza A/H3 entre nov de 2016 y febrero de 2017.

**Conclusiones.** La identificación en pocas horas de los virus productores de infección respiratoria, permite un uso racional de los antibióticos.

### 193. Caracterización de aislamientos de *Neisseria meningitidis* de enfermedad invasiva en Colombia.

Alarcón Z, Duarte C, Parra E Sanabria, O. Gabastou, J. Moreno, J.  
Instituto Nacional De Salud, Organización Panamericana De La Salud.  
zoniakrod@gmail.com

**Introducción.** *Neisseria meningitidis* está asociada con infecciones invasivas causando alta morbilidad y mortalidad. El objetivo de este estudio fue realizar la caracterización fenotípica y genotípica de los aislamientos de *N. meningitidis* de enfermedad invasiva durante los años 2013 a 2016.

**Materiales y métodos.** A través de la vigilancia nacional por laboratorio liderada por el Grupo de Microbiología del Instituto Nacional de Salud se recuperaron 192 aislamientos de *N. meningitidis* entre 2013 y 2016. Los aislamientos se serotipificaron y se determinó la sensibilidad antimicrobiana por microdilución en agar y E-test de acuerdo a los criterios de CLSI vigente. La identificación de genotipos se realizó por electroforesis en gel de campos pulsados (PFGE). Se realizó secuenciación de genoma completo a 110 aislamientos para identificar la secuencia tipo utilizando el software MLST v1.8.

**Resultados.** El serogrupo C fue el más frecuente (47,9%) seguido por el serogrupo B (41,7%). El 42,7% de los aislamientos presentaron una sensibilidad intermedia a penicilina. Por PFGE se agruparon el 74% de los aislamientos diferenciando quince grupos clonales. Se identificó por MLST 15 complejos clonales siendo los más importantes el ST41/44complex/Lineage3 con el ST9493, el ST11complex/ET-37complex con el ST11 y el ST-32complex/ET-5complex con el ST33, agrupando el 39,1%, 18,1%, y 9,1% de los aislamientos, respectivamente.

**Conclusiones.** Estos resultados muestran la circulación de clones hipervirulentos de *N. meningitidis* en el país, aportando información para útil para las acciones de vigilancia y control de la enfermedad meningocócica en Colombia.

### 194. Diagnóstico etiológico por PCR múltiple de meningitis/encefalitis en instituciones hospitalarias de Medellín, 2016-2018.

Maldonado, N. Múnera, M. Robledo, C. Robledo, J. Germen, G.  
Laboratorio Médico Referencia, Laboratorio de Microbiología - Hospital Pablo Tobón Uribe, Corporación para Investigaciones Biológicas; Universidad Pontificia Bolivariana, Grupo GERMEN.  
natalia.maldonado@yahoo.com

**Introducción.** El diagnóstico de la infección del sistema nervioso central es un reto en la práctica clínica por la dificultad para discriminar con rapidez, la etiología viral de la bacteriana y/o fúngica permitiendo instaurar un tratamiento dirigido oportuno, que impacte en la morbi-mortalidad y reduzca las complicaciones.

**Materiales y métodos.** estudio descriptivo retrospectivo entre julio de 2016 y abril de 2018 en 313 muestras de líquido cefalorraquídeo, procesadas en dos laboratorios clínicos hospitalarios, usando el panel de meningitis del sistema FilmArray® (BioFire Diagnostics, Salt Lake City), provenientes de pacientes atendidos en instituciones hospitalarias de Medellín.

**Resultados.** En 55 muestras de líquido cefalorraquídeo (17,6%) se detectó un microorganismo y el porcentaje de positividad fue mayor en pacientes  $\leq$  15 años (24,5%), con respecto a población adulta (15,8%). Dentro de las 55 muestras positivas, en esta población fue más frecuente la etiología viral (56,4%), que la bacteriana (36,4%) o la fúngica (7,3%) y los microorganismos detectados con más frecuencia fueron *Streptococcus pneumoniae* (18,2%), virus varicela-zóster (14,5%), virus herpes simple tipo 1 (12,7%), enterovirus (10,9%), herpes simple virus 6 (9,1%). En población pediátrica enterovirus fue el microorganismo más frecuente detectado en el 9,8% de 61 muestras analizadas, mientras que en adultos fue *S. pneumoniae*, con el 3,6% de 252 muestras.

**Conclusiones.** En una buena práctica médica, esta prueba diagnóstica es ahora obligatoria ante la sospecha de meningoencefalitis, por su enfoque sindrómico que permite la detección paralela de varios microorganismos y especialmente por la oportunidad del resultado. Su uso ha permitido hacer un uso racional de los antibióticos.

### 195. Prevalencia de anticuerpos IgG e IgM para hepatitis E, en sueros de donantes de banco de sangre de la ciudad de Armenia.

Padilla L, Torres E, Universidad del Quindío.  
lpadilla@uniquindio.edu.co

**Introducción.** El virus de la Hepatitis E (VHE), puede ser transmitido a través de la vía fecal-oral, transfusión de componentes sanguíneos y la trans-

misión vertical. En las mujeres embarazadas esta infección puede ser fatal o causar enfermedad hepática grave. En la ciudad de Armenia no se ha realizado prevalencia de anticuerpos para esta enfermedad.

**Materiales y métodos.** se obtuvieron 88 muestras de suero de donantes del banco sangre, se realizó un tamizaje de anticuerpos IgM e IgG anti-HEV, mediante estuche comercial de ELISA recom well. las muestras positivas fueron confirmadas mediante el estuche recomline HEV IgG/IgM técnica line blot de la casa comercial Mikrogen siguiendo las indicaciones del fabricante. también, se tomaron 18 muestras negativas de forma aleatoria y se confirmaron por recomline HEV IgG

**Resultados.** Elisa Recomwell IgG: 5,6 % positivo y 94,4% negativo Elisa Recomwell IgM: 2,3% positivo y 97,7 negativo Las muestras que dieron positivas por la técnica de Elisa se confirmaron con el estuche de recomline IgG e IgM, dando el siguiente resultado. de las 5 muestras positivas para IgG por Elisa, 3 fueron confirmadas por Recomline HVE y dos fueron negativas. las 2 muestras positivas para IgM por Elisa fueron negativas por Recomline. de 18 muestras IgM negativas por Elisa, 1 dio positiva por Recomline.

**Conclusiones.** Este es el primer reporte en el departamento del Quindío donde se evidencia la presencia de anticuerpos IgG e IgM para hepatitis E en donantes de sangre. se encontró una prevalencia de anticuerpos IgG para el virus de la hepatitis E del 3.4%.

## PARASITOLOGIA

### 196. Evaluación *in vitro* de actividad anti *Toxoplasma* de aceites esenciales de *Sambucus nigra* (Saucu).

Hincapie L, Meza L, Molina D,  
Universidad del Quindío y Fundación Universitaria Juan N Corpas.  
Meza, L. Universidad del Quindío Fundación Universitaria Juan N Corpas. Gomez, J. Universidad del Quindío. Molina, D. Universidad del Quindío. lina\_meza@hotmail.com

**Introducción.** Es necesario encontrar alternativas terapéuticas para tratamiento de la toxoplasmosis humana. *Sambucus nigra* es una planta de amplio uso medicinal y cuyas propiedades anti-infecciosas no están completamente estudiadas, aquí evaluamos aceites esenciales (AE) de *S. nigra* en un modelo de infección *in vitro*.

**Materiales y métodos.** Se obtuvieron AE de flores, frutos y hojas por hidrodestilación. A partir de una concentración de 0,5 mg/mL de cada uno, se prepararon cuatro diluciones seriadas (500, 250, 125 y 62,5  $\mu$ g/mL). Se infectaron células HFF con taquizoitos de *Toxoplasma gondii* cepa RH que poseía el gen de proteína verde fluorescente. Se evaluó la toxicidad sobre células y parásitos por el método de rezasurina. Posteriormente se evaluó el efecto sobre la invasión del parásito a la célula realizando un pretratamiento de cada aceite (protocolo I) y el efecto sobre el crecimiento del parásito realizando tratamiento posterior a la infección (protocolo II).

**Resultados.** La viabilidad de los parásitos no fue alterada y la viabilidad de células HFF sólo se afectó con el AE de frutos a una concentración de 500  $\mu$ g/mL. En el protocolo I, observamos que el pretratamiento con 250 y 125  $\mu$ g / ml de AE de frutos redujo la cantidad de taquizoitos intracelulares. En el protocolo II no se redujo el crecimiento parasitario con respecto al control.

**Conclusiones.** El AE del fruto de *S. nigra* posee una actividad anti-invasión de *Toxoplasma*, lo cual es un efecto promisorio que amerita continuar con estudios de actividad *in vivo* y análisis de metabolitos secundarios.

### 197. Evaluación de un Método de Extracción de ARN, Detección por RT-qPCR a partir de ooquistes de *Toxoplasma gondii* y su Aplicación en Matrices Acuáticas.

Triviño J, Lora F, Gómez J,  
Universidad del Quindío. jtrivino@uniquindio.edu.co

**Introducción.** Las infecciones intestinales de origen hídrico por protozoos son frecuentes y generan enfermedad en humanos a nivel mundial. *Toxoplasma gondii* es altamente resistente a desinfectantes químicos. Un método utilizado para determinar la viabilidad de estos ooquistes en el laboratorio es el bioensayo, sin embargo, es dispendioso, de alto costo y solo proporciona evaluaciones cualitativas. Por lo tanto, es necesario nuevos métodos asequibles para este monitoreo en muestras de agua potable.

**Materiales y métodos.** Se evaluaron diversos protocolos para la extracción de ARN. El límite de detección de la RT-qPCR se determinó mediante

diluciones de ARN del protozoo evaluado. Los ensayos de especificidad se realizaron usando ARN de diferentes protozoos. Finalmente 25 muestras tomadas antes, durante y después de la planta de tratamiento, se evaluaron por microscopía óptica y PCR convencional con condiciones estandarizadas

**Resultados.** El mejor método de extracción de ARN de ooquistes de *Toxoplasma gondii* fue la lisis mecánica. El límite de detección por RT-qPCR fue de 2 formas parasitarias con un CT:35.4 CT SD: 0,27. La aplicabilidad fue evaluada en muestras de agua potable y no potable tomadas en una planta de tratamiento del departamento del Quindío y fueron inoculadas con ooquistes viables de 500 a 2 ooquistes.

**Conclusiones.** Los ensayos de ARN fueron específicos y de bajo costo. El método evaluado demostró la habilidad de detectar ooquistes de *Toxoplasma gondii* viables y a bajas concentraciones. Los ensayos de RT-qPCR son útiles para evaluar y monitorear la viabilidad de ooquiste de *Toxoplasma gondii* en muestras de agua.

#### 198. Comparación de dos métodos para la detección de IgM, IgG y avidéz, con antígenos recombinantes de *Toxoplasma gondii*.

Jaramillo S,  
Clínica Versalles. silviojaramillovargas@gmail.com

**Introducción.** El presente estudio compara dos métodos para la detección de IgM, IgG y avidéz, con antígenos recombinantes de *Toxoplasma gondii*. Se analizan 217 sueros de personas con diferentes títulos de anticuerpos tipo IgM, IgG y avidéz frente a *Toxoplasma* obtenidos de diferentes centros de salud de la ciudad de Manizales.

**Materiales y métodos.** Mediante ELISA con antígenos recombinantes y western Blot con ocho antígenos recombinantes. Se utilizó un paquete estadístico Med calc el cual calcula chi cuadrado y coeficiente de Person, para las variables cualitativas y cuantitativas.

**Resultados.** Para la ELISA IgG se obtuvieron 66 sueros negativos, mientras que para Recombine IgG fueron 60 sueros negativos; en tanto que para los sueros positivos realizados por ELISA IgG se obtuvieron 151, en el caso de Recombine IgG fueron 154 y tres indeterminados. También se evaluaron los 217 sueros con ELISA IgM obteniendo 215 sueros negativos, mientras que para Recombine IgM el resultado fue de 186 sueros negativos; se obtuvieron 2 resultados de sueros positivos con ELISA IgM, para Recombine IgM se obtuvieron 23 resultados positivos y 8 indeterminados.

**Conclusiones.** El trabajo es realizado en los laboratorios de microbiología de la universidad de caldas entre los meses de noviembre de 2015 y mayo del 2016. Se establece que la técnica de Recombine IgG e IgM es la más pertinente para utilizarla a nivel clínico. Se contribuye a la formación en investigación de un estudiante de maestría, se espera obtener una publicación en una revista indexada grado A1 de Colciencias.

#### 199. Evaluación de células mononucleares de sangre periférica humana (PBMCs) como modelo ex-vivo de estudio en Toxoplasmosis.

Acosta J, Hernandez A, Gomez J,  
Universidad del Quindío. alejandroacosta82@hotmail.com

**Introducción.** *Toxoplasma gondii* es el segundo patógeno más importante de transmisión alimentaria generando un detrimento en la calidad de vida de las personas infectadas. La mayoría de estudios sobre infección por *T. gondii* se ha realizado en el modelo ratón. Se propone diseñar un modelo de estimulación ex-vivo con *T. gondii* RH-GFP utilizando células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) de personas con toxoplasmosis.

**Materiales y métodos.** Se incluyeron 3 individuos seronegativos para *Toxoplasma* para evaluar la viabilidad de los PBMCs en el tiempo y un individuo seropositivo y uno seronegativo para *Toxoplasma* para evaluar los diferentes MOIs de infección (1:1, 1:3 y 1:5), y un último individuo seropositivo para evaluar los tiempos de infección (1h, 6h, 24h). Los datos de infección fueron analizados por microscopía de fluorescencia.

**Resultados.** Se encontró que la viabilidad del modelo ex-vivo de PBMCs se ve reducida (# %) a partir del cuarto día de cultivo. La infección de *T.gondii* en PBMCs es dosis dependiente y aumenta con el tiempo. Se encontraron diferencias significativas (p-valor < 0.001) en la modulación de la infección en los PBMCs del individuo seropositivo respecto al seronegativo, presentando un mayor control de la infección los PBMCs del individuo seropositivo.

**Conclusiones.** Se identificaron unas condiciones de infección en el modelo ex-vivo con PBMCs para el estudio de la Toxoplasmosis, las cuales serán aplicadas para estudios posteriores de expresión diferencial de genes por RNAseq

#### 200. Búsqueda de interacciones proteína-proteína de la nicotinamida/nicotinato mononucleótido adenilil transferasa de *Leishmania braziliensis* (LbNMNAT).

Ortiz L, Ramírez M,  
Universidad Nacional de Colombia. LIBBIQ. Universidad Nacional de Colombia. LIBBIQ. lortizj@unal.edu.co

**Introducción.** El parásito *Leishmania braziliensis* es el agente causal de la leishmaniasis cutánea y mucocutánea, enfermedades con importantes focos de infección en América Latina. En la búsqueda de nuevas estrategias terapéuticas se estudia la enzima NMNAT (EC: 2.7.7.1/18), una diana farmacológica promisoriosa involucrada en la biosíntesis del NAD+ /NaAD. Para una comprensión más precisa de la importancia de la enzima en la célula, se requiere la identificación de aquellas interacciones que la conectan con otras proteínas y otros procesos biológicos.

**Materiales y métodos.** Experimentalmente, a partir de fracciones solubles de promastigotes de *L. braziliensis* transfectados con el vector pSP72neoαLbNMNAT-GFP, se realizaron ensayos de co-immunoprecipitación acoplada a espectrometría de masas (Co-IP-MS/MS). En contraste, implementando análisis de redes, con STRING, se construyó una red de interacción proteína-proteína, enriquecida funcionalmente con las bases de datos KEGG, PFAM e INTERPRO.

**Resultados.** Mediante Co-IP-MS/MS se identificando 38 proteínas clasificadas según su función celular. Se analizaron candidatos relacionadas con plegamiento de proteínas, homeostasis redox y traducción, sugiriendo nuevas funciones en las que puede participar la LbNMNAT. *In silico*, se construyó una red de interacción proteína-proteína encontrando 11 nodos con un total de 16 conexiones, un grado por nodo de 2.91 y un clustering coefficient de 0.885. Cinco proteínas están relacionadas con la ruta metabólica del nicotinato y la nicotinamida, y cuatro con motivos de unión a ARN.

**Conclusiones.** con herramientas experimentales y computacionales se dio inicio en la construcción de un modelo de interacción de proteínas de la LbNMNAT para establecer nuevas rutas funcionales. Colciencias 110165843119.

### INFECTOLOGIA PEDIATRICA

#### 201. Uso de botellas de hemocultivo como un método alternativo para el diagnóstico microbiológico de artritis séptica en niños.

Uribe A, Naranjo J, Woodcock S, Faraco F, Atehortúa S,  
Hospital Universitario San Vicente fundación Medellín; Universidad de Antioquia. Hospital Universitario San Vicente Fundación Rionegro. satehortuamd@gmail.com

**Introducción.** La artritis séptica es una condición grave que puede conducir a secuelas en las extremidades. El diagnóstico etiológico es difícil, algunos reportes de muestras inoculadas en botellas de hemocultivo (BHC) aumentan el rendimiento. Se evaluó el rendimiento diagnóstico de la BHC como medio alternativo para la siembra de líquido sinovial comparado con el medio convencional (MC)

**Materiales y métodos.** Estudio de cohorte prospectivo realizado en HUS-VF 2011-2015, niños de 0 a 12 años con diagnóstico clínico de artritis séptica y disponibilidad de los dos tipos de muestras tomadas en cirugía

**Resultados.** 60 pacientes cumplieron criterios de inclusión, masculinos 56%, mediana de edad 48(30-102) meses y tiempo evolución síntomas 58(48-192) horas, en 33,3% antecedente de trauma y 30% recibieron antibióticos previos. Articulaciones más afectadas cadera 44%, rodilla 28% y tobillo 18%. En 39 (65%) pacientes se tomaron hemocultivos, 19 (49%) fueron positivos, todos para *S. aureus*. de estos en 7/19 (36,8%) presentaron cultivos articulares negativos. Se obtuvo confirmación en líquido sinovial por cualquier método en 27 pacientes (45%), positivos en MC 13,3%, en BHC 10% y en ambos 21,6%. Microorganismos más frecuentes SAMS 21,6%, SAMR 8,3%, *S. pyogenes* 3,3%, SEMR 3,3%, *S. pneumoniae* 1,6%, *N. meningitidis* 1,6%, no se aisló *K. kingae*. Tratamiento más utilizado betalactámicos, seguido de Clindamicina, mediana de estancia hospitalaria 18(12-25,5) días, mortalidad del 3,3%.

**Conclusiones.** Las BHC son un complemento al medio sólido convencional y aumentaron la confirmación etiológica de artritis séptica del 35% del medio convencional al 45%. Ante esta infección se sugiere solicitar hemocultivos por el alto riesgo de bacteriemia.

**202. Implementación de flujogramas de antibióticos en una unidad de urgencias pediátricas de una institución de alta complejidad en Colombia.**

Pallares C, Ruiz G, López E,  
Centro Médico Imbanaco. [icako@hotmail.com](mailto:icako@hotmail.com)

**Introducción.** La formulación de antibióticos es la práctica más frecuente en las instituciones hospitalarias. El uso inapropiado contribuye a la resistencia antimicrobiana, estancia hospitalaria y costos. La correcta formulación empírica previene complicaciones y reduce mortalidad de forma significativa. El objetivo del presente estudio fue evaluar la adherencia a flujogramas de manejo de infecciones frecuentes en un servicio de pediatría urgencias en un hospital de cuarto nivel de atención.

**Materiales y métodos.** Estudio prospectivo observacional de intervención en el servicio de urgencias pediátricas en el cual se implementaron en consenso con infectología y pediatría y de acuerdo a la epidemiología local, flujogramas de antibioticoterapia para neumonía adquirida en comunidad (NAC), otitis media, infección de vías urinarias (IVU), faringoamigdalitis y sinusitis. Posteriormente, durante seis meses se evaluó adherencia a los flujogramas en tres ítems: antibiótico correcto, dosis e intervalo correcto. Se establecieron proporciones para las variables y diferencias estadísticas de adherencia por patología y característica del tratamiento. Valores de  $p < 0,05$  fueron considerados significativos.

**Resultados.** Se revisaron 143 conductas en 6 meses. La adherencia a los flujogramas fue 89%, siendo superior para NAC (97%) e IVU (92%) ( $p=0,0002$ ). La adherencia a dosis e intervalo de atb fue 93% y selección de atb correcto 88% ( $p=0,67$ ). El atb más usado fue amoxicilina (59%), seguido por amoxicilina/clavulanato (15%) y cefuroxime axetil (12%).

**Conclusiones.** La creación de flujogramas de manejo para infecciones en urgencias ayuda a orientar las decisiones terapéuticas en pacientes pediátricos y estandariza el uso de antibióticos.

**203. Invasive pneumococcal diseases in infants younger than 6 months of age from a local network in Bogotá, Colombia.**

Alvarez M, Posse V, Camacho G, Leal A, Patiño J, Moreno V, Gutierrez I, Beltran S, Barrero R, Mariño C, Espinosa F, Ramos N, Montañez A, *Fundación Cardioinfantil-Instituto de Cardiología, Universidad Nacional de Colombia, Fundación HOMI, Fundación HIUSI, Universidad de la Sabana, Red Neumocolombia, Clínica Infantil Colsubsidio, Clínica Pediátrica Colsanitas – Clínica Universitaria Colombia, Hospital Universitario Clínica San Rafael, Hospital Santa Clara, Hospital el Tunal, Hospital Militar Central, Hospital Infantil Universitario de San José. Clínica el Bosque. [neumocolombia@gmail.com](mailto:neumocolombia@gmail.com)*

**Introducción.** Invasive pneumococcal diseases [IPD] are responsible of a wide spectrum of infections in children. Our aim is to characterize the demographics, clinical spectrum, serotypes and outcomes of infants younger than 6 months of age with IPD in Colombia, after the introduction of universal pneumococcal immunization with pneumococcal conjugated vaccine 10-valente [PCV-10].

**Materiales y métodos.** Descriptive study of case series of infants younger than 6 months from a Pediatric Network of 10 hospitals in Bogotá, Colombia between 2008 and 2016.

**Resultados.** From 416 patients included in our IPD Network, 66(15.87%) were infants younger than 6 months with 39(60%) males, 36(54.5%) younger than 3 months, 64(96.97%) without history of underlying conditions. Thirteen of 18 infants documented pneumococcal immunization according to their age and 2 infants with 2 doses developed meningitis. Pneumonia was the main diagnosis followed by meningitis in infants younger than 3 months and bacteremia in infants older than 3 months. Serotyping was performed in 40 infants (60.6%), 25 of them (62.5%) fully identified. Serotype 3 was the most common serotype showing the highest Pediatric Intensive Care Unit (PICU) admission and mortality, followed by 19A, 6B and 19F. Penicillin resistance was documented in 6 of 52 (11.5%) infants. Overall mortality was 18.2% with higher mortality in those infants older than 3 months.

**Conclusiones.** Infants younger than 6 months of age from our network showed serious IPD especially pneumonia with elevated PICU admission and mortality mainly among infants older than 3 months and those with serotypes not included in the PCV-10.

**INFECTOLOGIA ADULTOS**

**204. Presencia de elementos genéticos de profágos en genomas de *Helicobacter pylori*.**

Muñoz A, Trespalacios A,  
*Pontificia Universidad Javeriana. [munozangela@javeriana.edu.co](mailto:munozangela@javeriana.edu.co)*

**Introducción.** Los profágos se consideran elementos subyacentes a la virulencia, la diversificación genómica y la aptitud bacteriana. Este estudio buscó determinar la presencia de estos genes de fagos en el genoma completo de las cepas bacterianas, que puedan relacionarse con cualquier característica que favorezca la infección, la persistencia o la virulencia en el huésped.

**Materiales y métodos.** Se seleccionaron cuatro profagos de *H. pylori*: phi-HP33, 1961P, KHP40 y KHP30. Los genomas de estos fagos se descargaron del NCBI y las secuencias de genes no estructurales se seleccionaron. La herramienta BLASTn se utilizó para buscar los genes seleccionados en todos los genomas ensamblados y anotados de *H. pylori* (NC\_000915.1).

**Resultados.** Se evaluaron 75 genes, 11 del fago phiHP33, 15 del fago 1961P, 27 del fago KHP40 y 22 del fago KHP30. Encontrando 52 coincidencias en 33 cepas diferentes de *H. pylori*, en algunas cepas se encontró un mayor número de coincidencias, como *H. pylori* ML1 (NZ\_APO14710.1) con 12 coincidencias. Al analizar los ORF del genoma de *H. pylori* que mostraron coincidencia con los genes del fago, se encontró que en la mayoría de los casos estos sitios codifican proteínas hipotéticas bacterianas. En 6 casos, se encontró homología en los dominios de función desconocida (DUF), anotados como DUF3518.

**Conclusiones.** Se confirmó la presencia de elementos genéticos de profágos en diferentes cepas de *H. pylori* y se evidenció un sitio probablemente caliente para la inserción de fagos en algunas cepas.

**205. Descripción de la cohorte de pacientes infectados con VHC atendidos en el Hospital Universitario San Ignacio.**

Valderrama S, Salazar L, Gualtero S, Ramirez M, Lowenstein E, Suarez C,  
*Hospital Universitario San Ignacio. [sandra.gualtero@gmail.com](mailto:sandra.gualtero@gmail.com)*

**Introducción.** El virus de hepatitis C (VHC) es el principal agente causal de hepatitis crónica y hepatocarcinoma a nivel mundial, lo que conlleva gran carga de enfermedad.

**Materiales y métodos.** Se describen las características epidemiológicas de la población con infección por VHC crónica del programa de atención integral del Hospital Universitario San Ignacio entre agosto 2017 y abril 2018.

**Resultados.** Se atendió a 111 pacientes, promedio de edad 53 años (IQR 33-69 años), 57 (51.35%) fueron hombres, 33.3% adquisición transfusional, 30.63% sexual. 38(34.23%) presentaron cirrosis, 35 (31.53%) coinfección VIH, 6 (5.4%) trasplante hepático, y 3(2.7%) coinfección hepatitis B. Genotipo 1 correspondió a 62.5% de los pacientes, predominio genotipo 1b (52.25%), seguido de genotipo 4 (30.63%) asociado a coinfección VIH y transmisión sexual. Los principales esquemas de tratamiento fueron Sofosbuvir/Ledipasvir (64.86%), Sofosbuvir/Daclatasvir (6.3%) y dasabuvir/ombitasvir/paritaprevir/ritonavir (4.5%). 21(19%) de los pacientes habían recibido tratamientos previos. 13 pacientes (11.7%) tuvieron Carga viral (CV) detectable a la 4ta semana de tratamiento; 60 pacientes (55.8%) tiene reporte de CV a la 12ava semana de tratamiento, 100% de ellos indetectable. A la fecha 65 (58.5%) terminaron tratamiento, 17/18 de ellos completaron 12 semanas postratamiento (RVS) con CV indetectable. Solo se documentó una suspensión de tratamiento por descompensación de cirrosis asociado a falla renal.

**Conclusiones.** Aunque el predominio de genotipo 1b y la transmisión transfusional está acorde con lo reportado en estudios epidemiológicos del VHC en Colombia, llama la atención la emergencia de genotipo 4, su asociación a la coinfección con VIH y transmisión sexual que requiere intervenciones en salud pública para su contención.

**206. Infección por bocavirus en adultos con infección respiratoria aguda grave: características clínicas y desenlaces durante el 2012 en Bogotá-Colombia.**

Sánchez L, Rosero-Lasso Y, Remolina Y, Ulloa M, Gómez S, Vargas H, Saavedra A, Sánchez E, Cortes J, Sanchez L,  
*Facultad de Medicina; Universidad Nacional de Colombia, Laboratorio de Salud Pública; Secretaría Distrital de Salud. [lacsanchezfa@unal.edu.co](mailto:lacsanchezfa@unal.edu.co)*

**Introducción.** Bocavirus humano (HBoV) es un virus que se ha asociado a infecciones del tracto respiratorio desde el 2005, en distintos grupos poblacionales y con severidad variable. **Objetivo:** describir las características clínicas y los desenlaces en pacientes con infección respiratoria aguda grave (IRAG) e infección con HBoV durante el año 2012

**Materiales y métodos.** Estudio de cohorte retrospectiva en pacientes con IRAG, en quienes se detectó HBoV mediante microarreglos en hisopado o aspirado nasofaríngeo, en 7 hospitales centinela de Bogotá, durante el año 2012. Se identificaron variables clínicas y demográficas, y se evaluó ingreso a UCI y mortalidad.

**Resultados.** De los 91 pacientes incluidos, se encontró que el 29.6% tenían infección con HBoV, de los cuales el 66% eran menores de 60 años y 55% eran del sexo masculino. Las comorbilidades más frecuentes fueron EPOC (29.1%), tabaquismo (14.7%) e insuficiencia cardíaca (11.5%). Se evidenció coinfección con Influenza en el 37%. Se observó complicación de la patología de base en 36% de los casos, neumonía en 33% y derrame pleural en 11.5%. Los pacientes tuvieron ingreso a UCI en 51.8% y fallecieron el 18.5% ( $p > 0.05$  para la comparación con aquellos sin virus). Se observó una mayor mortalidad en los infectados con HBoV mayores a 60 años (44% vs 10%,  $p = 0.03$ ).

**Conclusiones.** La infección por HBoV es frecuente en los pacientes con IRAG. Su comportamiento clínico es similar a otros virus respiratorios, siendo más frecuente en los menores de 60 años, aunque parece ser más letal en los mayores de esta edad.

**207. Asociación entre la infestación por *Demodex spp.* rosácea y la severidad clínica en adultos atendidos en los servicios de dermatología y micología médica, facultad de medicina, Universidad de Antioquia.**

Sierra J, Jaramillo C, Jiménez-Álzate M, Rangel A, Arango M, Molina D, Saavedra I, Montealegre C,  
Universidad de Antioquia. [del Pilar.jimenez@udea.edu.co](mailto:del Pilar.jimenez@udea.edu.co)

**Introducción.** El objetivo fue determinar diferencias en el índice de infestación por *Demodex spp.* entre controles sanos y sujetos con rosácea y asociar la severidad de la misma y el grado de infestación.

**Materiales y métodos.** Estudio observacional analítico de tipo casos hospitalarios y controles con 52 pacientes con rosácea y 20 personas sanas. Se recolectaron datos demográficos, clínicos y de resultados de la biopsia estandarizada de piel para determinar la densidad de ácaros tanto entre casos y controles.

**Resultados.** La rosácea del subtipo papulopustular (50%) fue la más frecuente, seguida de la eritematotelangiectásica (44,2%) y una pequeña proporción de subtipo fimatosa (5,7%); la mayoría fueron del género masculino (57,7%). El total de casos (N=52) tuvo una mediana de 18,25 ácaros por cm<sup>2</sup> (RIC 5,5 a 44). Al analizar casos y controles pareados, se encontró una mediana de 13,5 ácaros por cm<sup>2</sup> (RIC 5,5 a 31,75) para los casos y de 0 ácaros por cm<sup>2</sup> (RIC 0 a 2) para los controles, la diferencia fue significativa ( $p < 0,001$ ). Respecto a los subtipos de rosácea, la mediana fue de 12,5 ácaros por cm<sup>2</sup> (RIC 6 a 39,5) para la eritematotelangiectásica, 21 ácaros por cm<sup>2</sup> (RIC 5 a 47) en la papulopustular y 3,5 ácaros por cm<sup>2</sup> (RIC 0,5 a 6,5) en la fimatosa; sin diferencias estadísticamente significativas ( $p = 0,29$ ).

**Conclusiones.** La densidad de *Demodex spp.* fue mayor en sujetos con rosácea comparada con los controles. Se identificó tendencia a mayor infestación por *Demodex spp.* en personas con subtipos eritematotelangiectásico y papulopustular.

**PRESENTACIÓN EN POSTER**

**FARMACOECONOMÍA**

**208. Impacto clínico y económico de la vacuna contra la influenza en pacientes con la Enfermedad Pulmonar Obstructiva Crónica (EPOC) y diabetes Mellitus tipo 2, Colombia 2013-2016.**

Chamorro C, Taborda A, Londoño D,  
Fundación Santa Fe de Bogotá. [cindy.chamorro@fsfb.org.co](mailto:cindy.chamorro@fsfb.org.co)

**Introducción.** Demostrar la relación entre estar vacunado contra la influenza en pacientes con la EPOC o diabetes y evitar las consultas u hospitalizaciones por causas respiratorias e incluso morir por neumonía y su impacto económico.

**Materiales y métodos.** Se realizó un análisis de cohorte retrospectiva usando bases de datos del Sistema Integral de Información de la Protección Social, Programa Ampliado de Inmunizaciones y estadísticas vitales del DANE. La población objetivo fueron personas adultas vacunadas y no vacunadas contra influenza con la EPOC o diabetes. Las variables de desenlaces en salud fueron: consultas, hospitalizaciones y mortalidad. Se corrió una prueba ji cuadrada de asociación para buscar dependencia entre las variables. Para el impacto económico, se estimaron los costos de los vacunados versus los costos de los no vacunados en cuanto a hospitalizaciones y consultas.

**Resultados.** Los resultados mostraron dependencia estadísticamente significativa entre estar vacunado y las tres variables de desenlaces en salud. En el año 2016, la frecuencia de hospitalización de los pacientes con diabetes vacunadas fue de 15% contra el 85% de pacientes no vacunados y en pacientes con la EPOC vacunados, la frecuencia de mortalidad fue de 6% contra un 96% de los pacientes no vacunados. En el impacto económico se encontró una relación 9:1 entre costos de hospitalización en no vacunados y vacunados con la EPOC.

**Conclusiones.** Los resultados muestran una relación significativa entre estar vacunado contra la influenza en pacientes con la EPOC o diabetes y menores frecuencias de hospitalización, consultas y mortalidad por causas respiratorias, además de una diferencia significativa en costos

**FARMACOLOGÍA**

**209. Exploración *in silico* de posibles blancos proteínicos del núcleo 4-tiazolidinona contra *Toxoplasma gondii*.**

Molina D, Pedraza L, Cossio-Pérez R, Rocha-Roa C, Cortés E, Hernández A, Gómez J,  
Universidad del Quindío, Universidad Nacional de Quilmes - Argentina.  
[Impedrazac@uqvirtual.edu.co](mailto:Impedrazac@uqvirtual.edu.co)

**Introducción.** La búsqueda de nuevos tratamientos contra *Toxoplasma gondii* que no generen efectos secundarios graves como en general lo hacen los tratamientos actuales, es necesaria. El núcleo 4-tiazolidinona parece tener efecto sobre la adhesión e invasión de *T. gondii* en células HFF, por lo que quisimos explorar *in silico* posibles blancos proteínicos en este parásito.

**Materiales y métodos.** Con el fin de encontrar la mejor relación de estructura-actividad de compuestos derivados del núcleo 4-tiazolidinona sobre cuatro proteínas de *T. gondii*, se realizaron acoplamientos moleculares usando el software libre Autodock vina; posteriormente se realizó simulaciones de dinámica molecular utilizando el software AMBER sobre uno de los blancos con mayor impacto en la infección crónica y virulencia de este parásito.

**Resultados.** Se encontró una fuerte interacción de uno de los ligandos evaluados (30C) con los cuatro blanco proteínicos, principalmente con proteínas de dominio cinasa, presentando energías de -8,9 y -10,0 kcal/mol en los complejos formados con TgROP18 y TgCDPK1, respectivamente. Además, las simulaciones de dinámica molecular sugieren que este ligando posiblemente induce cambios conformacionales importantes en el dominio cinasa de la proteína TgROP18, que inactivarían su actividad catalítica, resaltando el gran impacto que tendría su inhibición al ser uno de los principales factores de virulencia y modulador del sistema inmune del hospedero.

**Conclusiones.** Estos hallazgos son importantes para el diseño racional de compuestos que pueden tener actividad inhibitoria sobre proteínas específicas y únicas del parásito sin afectar de forma grave al individuo tratado.

**210. Evaluación del Efecto de la Ciprofloxacina Sobre la Expresión de Verotoxinas en *Escherichia coli* Enterohemorrágica.**

Romero B, Castaño D, Coral D, Orozco S, Bedoya S, Padilla L,  
Universidad del Quindío. [daurin10@gmail.com](mailto:daurin10@gmail.com)

**Introducción.** *Escherichia coli* verotoxigenica (STEC) es un patógeno transmitido por vía fecal-oral. El principal factor de virulencia son las verotoxinas. Hay discusiones en la terapéutica debido al aumento de verotoxinas por exposición a ciertos antibióticos, lo que genera confusión en el manejo farmacológico. Nuestro objetivo es evaluar el efecto de la Ciprofloxacina sobre la expresión de verotoxinas y conocer el perfil de sensibilidad.

**Materiales y métodos.** Con cepas STEC, se realizó un antibiograma por concentración mínima inhibitoria, luego fueron expuestas a Ciprofloxacina y mitomicina para hacer curvas de crecimiento bacteriano, posteriormente se cuantificó la expresión de verotoxinas a través de un kit de ELISA, sin embargo, la prueba presentó reactividad cruzada

**Resultados.** Se encontró que la cepa era sensible a ciprofloxacina. El cultivo con ciprofloxacina estabilizó la curva de crecimiento a la primera hora con 0,168 de absorbancia, mientras que, con mitomicina alcanza una absorbancia de 0,84 en la cuarta hora y posteriormente disminuyó. Dichas reducciones pueden ser explicadas según estudios previos por lisis secundaria a liberación de fagos y verotoxinas. La cuantificación de toxinas por ELISA no pudo ser tenida en cuenta debido a un resultado positivo con una cepa DH5 $\alpha$ .

**Conclusiones.** Se determinó mediante curvas de crecimiento la posible expresión de verotoxina a partir de las 5 horas de cultivo al ser tratado con mitomicina, mas no para la ciprofloxacina. El método de ELISA utilizado en este trabajo presentó reactividad cruzada con *E. coli* no Verotoxigénica.

## INFECCION POR VIH - SIDA

### 211. Efectividad en intervenciones de seguimiento y recaptación a pacientes que abandonan el programa de atención en pacientes con VIH en la ciudad de Bogotá, 2015-2017.

Arévalo L, Oviedo C, Villabona N, Pulido R, Peña L, Castillo B, Macias M, Avila C, Mantilla M,  
Centro de Expertos para Atención Integral. CEPAIN IPS.  
larevalom79@hotmail.com

**Introducción.** Un factor fundamental en el manejo del VIH ha sido lograr la adherencia de los pacientes a la toma del medicamento, cuyo incumplimiento trae consecuencias producidas por el incremento de la morbi-mortalidad. El objetivo del estudio fue determinar la prevalencia de no adherencia, y evaluar la efectividad del área de seguimiento de un programa de atención, siendo el encargado de recaptar los pacientes que se encuentran inactivos en la IPS.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo transversal, se revisaron las bases de datos de pacientes no asistentes al programa de VIH en el periodo 2015-2017 en la IPS especializada CEPAIN de Bogotá(Colombia), con posterior revisión de historias clínicas.

**Resultados.** Durante el periodo de 2015 a 2017 el programa tenía 4551 pacientes, de los cuales se realizó seguimientos a 555 pacientes que se identificaron como pacientes que abandonaron el programa o estaban presentes por inasistencias en más de 6 meses. En el año 2015 se inició con 134 pacientes, 2016 se detecta 214, y 2017 141 pacientes, implica un abandono de tratamiento antirretroviral de 3.17, 4.68 y 4.55% para cada año. La captación con la intervención del grupo de seguimiento fue de 88.8%, 64.0%, y 63.8% para esos años, el tiempo promedio entre el diagnóstico y el abandono de pacientes que no regresan es 5.4 años IC95%[4.7-6.0].

**Conclusiones.** Los factores asociados a la no adherencia han sido ampliamente descritos, pero la efectividad en la intervención está asociada con tener un área de seguimiento eficaz que haga la búsqueda y gestión para el regreso de los pacientes.

### 212. Prevalencia y caracterización molecular de *Chlamydia trachomatis* y *Neisseria gonorrhoeae* en habitantes de calle y población vulnerable de la ciudad de Medellín.

Villegas A, Mcween J, Martínez A, Vélez D, Grajales J, Torres N,  
Universidad de Antioquia. diegovelezgomez@gmail.com

**Introducción.** N. gonorrhoeae: Segunda causa de ITS en el mundo. En hombres: Altamente sintomática. Disuria, secreción purulenta, epididimitis, prostatitis e infertilidad. En mujeres: Asintomática. El blanco de infección es la cérvix.

**Materiales y métodos.** N=(población) 3.500 (Censo habitantes calle) - p= 15% - Nivel de confianza 95% → N=471. Fuente de información primaria → Encuesta caracterización . Análisis univariado → Estadística descriptiva. Análisis bivariado → Asociación entre variables dependientes e independientes. Riesgo IC 95%. Prueba X<sup>2</sup>. Valor p<0,05 como asociación estadísticamente significativa. Análisis multivariado → si se llega a encontrar una prevalencia de ITS mayor al 10%, tratando de llegar a un modelo explicativo utilizando un modelo de regresión logística. Estudio microbiológico y Biología molecular Muestra orina 30ml → Centrifugada, Almacenada -20°. Extracción ADN detección de CT y NG por medio de PCR.

**Resultados.** Se logra obtener una técnica de detección sensible y específica en nuestro medio para estas ITS y las redes de transmisión. Se encuentran factores de riesgo asociados a la no utilización del condón. Se observan redes de transmisión sexual entre habitantes de calle que presentan ITS, como lo es el VIH. Prevalencia de Ng de un 17%. Avances en elaboración del perfil de susceptibilidad de Ng.

**Conclusiones.** Las interacciones sexuales encontradas en la población muestran factores de riesgo asociados a la no utilización de métodos de protección

### 213. Comparación y correlación de niveles séricos de vitamina D con variables metabólicas, inmunes y nutricionales de pacientes infectados con VIH.

De Armas C, Dueñas Z, Pérez C,  
Universidad Nacional De Colombia, Clínica De Marty. c  
paoladearmasb.nd@gmail.com

**Introducción.** La relación funcional de la Vitamina D en la inmunidad, abrió la investigación de su papel en la fisiopatología de la infección por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH). En Colombia hay poca investigación sobre el tema, por ello se buscó determinar y establecer posibles relaciones entre los niveles de 25-hidroxicalciferol con variables clínicas, inmunes, metabólicas y nutricionales de pacientes

**Materiales y métodos.** El estudio descriptivo, de corte transversal, incluyó 161 pacientes adultos con diagnóstico de VIH, asistentes a un programa de atención especial en Bogotá, entre 2016 – 2017, que no estuvieran en tratamiento terapéutico con vitamina D. Se analizaron con estadística descriptiva, los datos obtenidos de la revisión de historias clínicas de los pacientes incluidos y una regresión lineal estableció posibles asociaciones entre las 56 variables evaluadas y los niveles de 25 – hidroxicalciferol

**Resultados.** El 60,8% de los pacientes presentó bajos niveles de vitamina D con una media de 28,12 DE 10,37 ng/dL, esto se asoció inversamente con baja exposición solar referida, y con el uso de la terapia antirretroviral (TAR): análogos nucleosidos inhibidores de las transcriptasa reversa más inhibidores de integrasa; y de manera directa con creatinina.

**Conclusiones.** La deficiencia de Vitamina D es considerada de etiología multifactorial, la exposición solar su principal determinante; la medición de los niveles es necesaria en el seguimiento metabólico de los pacientes con VIH, debido a su asociación descrita con la TAR y con complicaciones y comorbilidades de la enfermedad, esto permitirá establecer estrategias para prevenir y tratar los bajos niveles de la vitamina.

## MICROBIOLOGIA

### 214. Aislamiento de cepas de *Escherichia coli* verotoxigénica (VTEC) en heces de ganado bovino en el municipio de Ulloa, Valle del Cauca.

Quiguanás E, Valencia J, Granobles C, Castaño J,  
Universidad del Quindío. edwünstiven@gmail.com

**Introducción.** *Escherichia coli* verotoxigénico (VTEC) es un patógeno causante de severas enfermedades en seres humanos. El ganado bovino es el principal reservorio de cepas VTEC, en consecuencia, los alimentos derivados constituyen una importante fuente de infección. El principal factor de virulencia de estas bacterias es la producción de verotoxinas VT1 y VT2, responsables de las complicaciones severas de la infección por VTEC. El objetivo de este trabajo fue aislar y detectar los genes de virulencia de VTEC en cepas autóctonas de origen bovino

**Materiales y métodos.** Se analizaron 100 muestras de hisopado rectal, cada una sembrada en agar MacConkey, luego una ansada de la zona confluyente fue cultivada en caldo LB, tomando una alícuota para la extracción de ADN y detectando por PCR los genes codificantes de verotoxinas (vt1 y vt2). A cada muestra positiva para VTEC se le realizó una PCR Múltiple para detectar otros factores de virulencia de VTEC como el gen eae, hlyA y Saa. **Resultados.** De las 100 muestras analizadas se obtuvieron 60 muestras positivas para VTEC; las muestras positivas a los genes de una o ambas toxinas fueron consideradas VTEC+ y analizadas para detectar la presencia de otros genes de virulencia, demostrando diferencias en los perfiles genéticos de las muestras aisladas

**Conclusiones.** La importancia de estos resultados se destaca en la detección de la toxina Vt1 o Vt2 encontradas en la mayoría de las muestras, ya que además de tener relación con la virulencia de estas bacterias contribuye en la severidad de la infección por VTEC

### 215. Diagnóstico etiológico de infecciones gastrointestinales mediante un sistema de PCR multiplex en instituciones hospitalarias de Medellín.

Maldonado N, Múnera M, Robledo C, Robledo J, Germen G,  
Laboratorio Médico Referencia, Laboratorio de Microbiología - Hospital Pablo Tobón Uribe, Corporación para Investigaciones Biológicas; Universidad Pontificia Bolivariana, Grupo GERME. n  
natalia.maldonado@yahoo.com



**Introducción.** La variedad de patógenos bacterianos, virales y parasitarios que pueden ser agentes causales de infecciones gastrointestinales hacen del diagnóstico etiológico un desafío para los laboratorios, requiriendo la realización de diversos procedimientos que reduce la oportunidad del resultado y retrasa la instauración del tratamiento dirigido.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo entre enero de 2016 y abril de 2018 en 126 muestras de materia fecal de pacientes con cuadro diarreico atendidos en instituciones hospitalarias de Medellín, procesadas en el sistema FilmArray® (BioFire Diagnostics), posterior a su inoculación en Cary Blair Líquido Fecal Swab®.

**Resultados.** En 29,4% de las muestras se detectó un único microorganismo, en 23,0% dos microorganismos y  $\geq 3$  microorganismos en el 10,3%, para un total de 86 muestras positivas (68,3%), en las cuales, los microorganismos más frecuentes fueron *E. coli* enteropatógena (36,0%), norovirus GI/GII (26,7%), *E. coli* enteroagregativa (24,6%), *Shigella/E. coli* enteroinvasiva (12,8%) y *Salmonella* spp. y *Campylobacter* (10,5% c/u). De las 42 muestras con  $\geq 2$  microorganismos, la identificación concomitante de *E. coli* diarreogénicas y uno o más virus fue la más frecuente (28,6%), seguida de la detección de dos o más patotipos de *E. coli* (26,2%). La positividad fue mayor en los  $\leq 1$  año y  $\geq 65$  años (81,0%) que en los pacientes pediátricos (65,7%) o adultos  $\leq 64$  años (65,3%), con diferencias en la frecuencia de microorganismos por grupo etario.

**Conclusiones.** Esta prueba permitió detectar infecciones mixtas e identificar microorganismos de difícil diagnóstico o para los que no se disponen de pruebas rutinarias, como los diferentes patotipos de *E. coli* diarreogénicas o norovirus.

#### 216. Prevalencia de anticuerpos IgG de Zika, dengue, Chikungunya y Torch en mujeres embarazadas de la ciudad de Armenia.

Padilla L, Torres E, Ardila M, Beltran C,  
Universidad del Quindío, Fundación Participar.  
lpadilla@uniquindio.edu.co

**Introducción.** De acuerdo con la guía de práctica clínica para la prevención, detección temprana y tratamiento de las complicaciones del embarazo, parto o puerperio a la mujer embarazada se le deben realizar pruebas de TORCH: *Toxoplasma*, Rubeola, Citomegalovirus, Hepervirus y otros, que en este proyecto en particular, se realizó dengue Zika y Chikungunya.

**Materiales y métodos.** se realizó toma de muestra de sangre a 98 mujeres embarazadas previo consentimiento informado, luego se obtuvo el suero con el cual se realizó una prueba de line blot de la casa comercial Mikrogen IgG para TORCH (98 muestras) y Tropical Fever (dengue, Zika y Chikungunya) (80 muestras) siguiendo las indicaciones del fabricante.

**Resultados.** IgG positivo: Dengue: 33,75%; Flavivirus:37,5%, Zika 5%; Chikungunya: 47,5%. *Toxoplasma* 43%, Citomegalovirus: 86,7%; Herpes virus I: 97%. Rubeola 5%, Rubeola dudosa 29%.

**Conclusiones.** la prueba recomline TORCH y Tropical fever son herramientas importantes para el Screening de enfermedades infecciosas, debido a la posibilidad de realizar un diagnóstico en corto tiempo de diferentes tipos de enfermedades infecciosas, pero se observa un porcentaje moderado en algunas pruebas donde no es posible llegar a un diagnóstico definitivo.

### PARASITOLOGÍA

#### 217. Detección de ADN de *Cryptosporidium* spp. en restaurantes escolares de la ciudad de Armenia.

Hernández N, Muñoz G, Lora F, Gómez J,  
Universidad del Quindío. nataliahernandez1494@gmail.com

**Introducción.** El género *Cryptosporidium*, incluye aproximadamente 15 especies y es el causante de la criptosporidiosis, enfermedad considerada como una parasitosis gastrointestinal cuya principal vía de contagio es la oral, siendo el agua y los alimentos agentes importantes para su diseminación. Este parásito protozoario es responsable de más de 8 millones de casos de enfermedades transmitidas por los alimentos anualmente. Actualmente, no se conocen estudios sobre la presencia de éste parásito en restaurantes escolares en la región.

**Materiales y métodos.** Se estandarizó una PCR anidada para la identificación de ADN de *Cryptosporidium* spp. a partir de muestras de agua, alimentos y superficies en restaurantes escolares de las 10 comunas de la ciudad de Armenia. La PCR se realizó mediante la amplificación del gen parcial que codifica para la glicoproteína de membrana GP60 empleando los primers Crsp601F

5'ATAGTCTCCGCTGATTCC3' y Crsp601R 5'GCAGAGGAACCGAGCATC3' para la primera amplificación y Crsp602F 5'TCCGCTGTATTCTAGCC3' Crsp602R 5'GAGATATCTTGGTGCGGG 3' para la segunda.

**Resultados.** Se evaluaron diferentes parámetros de amplificación utilizando el kit GoTaq Green Máster Mix. La sensibilidad se determinó mediante diluciones seriadas, obteniendo un límite de detección de 2,2 fg/μl y la especificidad se definió, utilizando ADN de *Toxoplasma gondii*, *Giardia lamblia*, *Entamoeba coli*, *Entamoeba histolytica*, *Escherichia coli*, *Candida albicans*, *Streptococcus* spp. y *Blastocystis* spp.

**Conclusiones.** Se analizaron 183 muestras en total. El 3,8% de las muestras fueron positivas, detectando ADN de *Cryptosporidium*, principalmente en vegetales frescos, superficies vivas y fómites. Estos resultados podrían esclarecer una posible ruta de transmisión para éste protozoo patógeno. Financiado por: Colciencias proyecto código 111372553376, Universidad del Quindío.

### INFECTOLOGIA ADULTOS

#### 218. Búsqueda de melioidosis en Colombia, 2016 – 2017.

Sanchez Y, Montufar F, Moreno J, Rodriguez J, Torres A, Huertas M, Morales S, Blaney D, Gee J,  
Instituto Nacional de Salud, Clínica León XII, Centro de Investigaciones Microbiológicas del Cesar, University of Texas Medical Branch, Universidad de El Bosque, Universidad de Santander, Centers for Disease Control and Prevention. cduartenia@gmail.com

**Introducción.** melioidosis es una enfermedad infecciosa, causada por *Burkholderia pseudomallei*, sus síntomas se asocian con neumonía y cursa con enfermedades de base. Es de difícil diagnóstico por baja sospecha clínica. Colombia se considera país endémico por sus condiciones ambientales, geográficas y sociales. El objetivo de este estudio fue identificar la presencia de *B. pseudomallei* en Colombia.

**Materiales y métodos.** estudio transversal descriptivo en aislamientos de *B. pseudomallei* recibidos a través de la vigilancia por laboratorio entre 2016 y 2017, liderada por el Grupo de Microbiología del Instituto Nacional de Salud y búsqueda activa de diagnósticos de melioidosis CIE-X, en los registros individuales de prestación de servicios (RIPS) reportados por prestadores de servicios en salud. Se realizó secuenciación de genoma completo a 7 aislamientos para determinar la secuencia tipo (ST). Se calcularon medidas de frecuencia por EpiInfo7.

**Resultados.** a través de la vigilancia por laboratorio se identificaron 12 aislamientos de *B. pseudomallei*, provenientes de Cesar 5(41,7%), Antioquia 4(33,3%), Casanare 2(16,7%) y Santander 1(8,3%). Se determinaron los ST1456 (n=2), ST349 (n=1), ST92 (n=1), ST 518 (n=1) y dos ST nuevos. En RIPS se registraron 25 casos con melioidosis desde 2009 al 2017 en 13 departamentos. La prevalencia de melioidosis fue de 2,4 casos x 10.000.000 de habitantes en 2017, dos veces mayor que la identificada por RIPS.

**Conclusiones.** los resultados sugieren sub-registro en la identificación y reporte de casos, siendo necesario la vigilancia epidemiológica con el fin de generar de un respaldo técnico para el monitoreo y medidas de control en Colombia.

#### 219. Identificación visual de verrugas genitales en mujeres del programa de promoción y prevención de cáncer de cuello uterino de Bogotá: estudio piloto.

Carrillo L, Gamero P, González P, Quimbaya E, Rodríguez D, Gómez S, Pinto C, Salamanca S, Amaya J, Arce P, Beltran S, Vargas H,  
Subred Integrada de Servicios de Salud Norte ESE, Grupo Laboratorio de Salud Pública Secretaría de Salud de Bogotá, Ginesalud IPS, Asociación Colombiana del tracto genital inferior y colposcopia – ACPTGIC. havargas@saludcapital.gov.co

**Introducción.** Las verrugas genitales son causadas por VPH en particular los genotipos 6 y 11 en zonas mucosas de la región anogenital. Las verrugas son motivo importante de atención en la consulta especializada de dermatología, ginecología y urología. Sin embargo la inspección visual de verrugas durante el esquema citológico no se realiza, y no se cuenta con una línea epidemiológica base que permita conocer la carga real en población colombiana. Objetivo: Estimar la prevalencia a partir de la inspección visual de verrugas genitales en un grupo de mujeres del programa de promoción y prevención de cáncer de cuello uterino de Bogotá: Estudio piloto.

**Materiales y métodos.** En este estudio descriptivo prospectivo en fase piloto, fueron inspeccionadas la zona anogenital de 251 mujeres (18-54 años) de las cuatro subredes pertenecientes al programa de promoción y prevención de cáncer de cuello uterino de Bogotá. La inspección visual de la zona anogenital y los parámetros de evaluación de las verrugas fueron definidos y socializados en un instrumento diseñado en colaboración con Asociación Colombiana de Patología del tracto genital inferior y Colposcopia.

**Resultados.** Fueron identificadas 2/251 mujeres con verrugas (0.79%) (IC95%: 0.096-2.8%), en los rangos de edad 25-29 y de 35-39 años respectivamente. Localizadas en labios mayores y menores, con formas planas y papulares con tamaños entre 2-3mm aproximadamente.

**Conclusiones.** La validación en campo del instrumento para la caracterización visual de verrugas será un insumo importante para el fortalecimiento de la vigilancia de estas en el Distrito Capital, permitiendo la construcción de una línea base.

#### 220. Criptococosis: estudio de la población en un hospital de tercer nivel de Bogotá en un periodo de 3 años.

Chávez K, Hurtado D, Bello D, Alvarez D, Palencia A, Pancha O, Vergara E, Hospital Santa Clara. [angelicapalenciab@gmail.com](mailto:angelicapalenciab@gmail.com)

**Introducción.** La criptococosis una micosis oportunista, frecuente en inmunosuprimidos, se realizó la caracterización clínica de pacientes con infección por *Cryptococcus* en un hospital de tercer nivel.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo, de corte transversal, realizado en el Hospital Santa Clara de Bogotá, Colombia, durante el periodo comprendido entre febrero 2015 a marzo 2018; se incluyeron registros clínicos de pacientes adultos con diagnóstico de *Cryptococcus* en cualquier localización, confirmada por tinción china, látex y/o aislamiento en cultivo.

**Resultados.** Se incluyeron 41 pacientes, de los cuales (78%) eran hombres, 82,9% pacientes tenían VIH, de los pacientes con VIH, el promedio de CD4 fue de 53,67 cel/mm<sup>3</sup>; 34,1% recibían TARV. Los síntomas más frecuentes fueron: cefalea (85,4%), fiebre (56,1%) y disminución del nivel de conciencia (43%). La localización más frecuente fue Sistema nervioso central con 63% de los casos, el promedio de leucocitos en líquido cefalorraquídeo fue de 27,6 cel /mL, la presión de apertura fue de 23 cmH<sub>2</sub>O, el recuento de proteínas fue de 90,08 mg/ 100ml, la glucorraquia fue 34 mEq/ 100 ml, El tratamiento de inducción más utilizado fue anfotericina deoxicolato + fluconazol (87,8%). El 56,1% de los pacientes requirieron manejo en UCI; Durante el periodo de estudio 51,2% pacientes fallecieron y las variables que se asociaron a la mortalidad fueron hipoglucorraquia e ingreso a UCI

**Conclusiones.** La *Cryptococcus* continua siendo una causa importante de mortalidad asociada especialmente a infección por VIH, es necesario ajustar los protocolos de atención de estos pacientes

#### 221. Colonización por *Staphylococcus aureus* y bacteriemia: resultados preliminares en una cohorte de pacientes en hemodiálisis.

Vanegas J, Jiménez J, Universidad de Antioquia. [johanna.vanegas@udea.edu.co](mailto:johanna.vanegas@udea.edu.co)

**Introducción.** Los pacientes en hemodiálisis presentan altos porcentajes de bacteriemia y la colonización por *S. aureus* puede ser un factor de riesgo para el desarrollo de la infección. El objetivo de este estudio fue analizar la asociación entre la colonización por *S. aureus* y el riesgo de bacteriemia en una cohorte de pacientes dependientes de hemodiálisis.

**Materiales y métodos.** Estudio de cohorte prospectiva que incluyó todos los pacientes en hemodiálisis con catéter en una unidad renal de Medellín. La colonización por *S. aureus* fue evaluada en fosas nasales y en piel. La identificación y susceptibilidad bacteriana se realizaron empleando el sistema automatizado Vitek-2. La información clínica y epidemiológica se obtuvo mediante revisión de la historia clínica.

**Resultados.** Se incluyeron 117 pacientes, la mayoría mujeres (50,43%, n=59), con una mediana de edad de 61 años (RIC: 48-69) y uso frecuente de antibióticos (57,26%, n=67); principalmente vancomicina (25,64%, n=30) y aminoglicósidos (24,79%, n=29). La colonización por *S. aureus* fue encontrada en 42 pacientes (35,9%), siendo el 6,84% (n=8) causadas por aislados resistentes a metilicina. Durante dos meses de seguimiento se presentaron 13 bacteriemias, seis de éstas causadas por *S. aureus* (n=4 por SAMS y n=2 por SARM). El hazard para el desarrollo de bacteriemia fue mayor en los pacientes colonizados en comparación con los no colonizados (p=0,03).

**Conclusiones.** La identificación de la colonización como un factor de riesgo asociado con el desarrollo de bacteriemia, permite establecer de manera certera estrategias de prevención y evaluar medidas profilácticas como la descolonización en los pacientes en hemodiálisis.

## INFECTOLOGIA PEDIATRICA

#### 222. Estudio de portadores asintomáticos de *Bordetella pertussis* y *Bordetella parapertussis* en población adolescente en colegios de Cúcuta y San Andrés Isla, 2016.

Montilla E, Rojas F, Salas H, Instituto Nacional de Salud. [emontilla@ins.gov.co](mailto:emontilla@ins.gov.co)

**Introducción.** Los portadores asintomáticos de *Bordetella pertussis* han sido caracterizados como la fuente principal de transmisión de la tosferina. El objetivo fue comparar las frecuencias de portadores nasofaríngeos de *B. pertussis* y *B. parapertussis* en estudiantes de 12-19 años en una ciudad con alta incidencia de tosferina (Cúcuta) y otra con silencio epidemiológico (San Andrés).

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de corte transversal. Se tomó un hisopado nasofaríngeo a población adolescente entre 12 a 19 años en entidades educativas de la ciudad de Cúcuta y San Andrés Isla en el mes de noviembre de 2016. Las muestras se analizaron por PCR en tiempo real usando IS481, pIS1001 y ptxS1 para la identificación de *B. pertussis* y *B. parapertussis*.

**Resultados.** Se analizaron 707 muestras el 43,9% fueron de San Andrés y 56,1% de Cúcuta. La prevalencia en Cúcuta de *B. pertussis* fue de 1,26% (IC 95%: 0,54-2,91%) y *B. parapertussis* de 1,51% (IC 95%: 0,69-3,26%). Para San Andrés la prevalencia de *B. pertussis* fue de 2,58% (IC 95%: 1,31-5,01%) y *B. parapertussis* 0,65% (IC 95%: 0,18-2,32%). No hubo diferencias significativas en la comparación de las prevalencias de las dos ciudades tanto para *B. pertussis* como de *B. parapertussis*.

**Conclusiones.** Existe colonización asintomática de *B. pertussis* y *B. parapertussis* en población adolescente. A pesar de que las prevalencias son similares en las dos ciudades no se relaciona la presentación de la enfermedad con la prevalencia de los portadores asintomáticos

## PRESENTACIONES ORALES

### EPIDEMIOLOGÍA HOSPITALARIA, INFECCIONES INTRAHOSPITALARIAS Y CONTROL DE INFECCIÓN

#### 223. Presentación de bacterias resistentes en hemocultivos de pacientes con patología médica en un hospital de tercer nivel en Bucaramanga, 2014-2016.

Sánchez S, Ochoa A, Rodríguez R, Rojas E, Ochoa A, Universidad Industrial de Santander. [andresfelipe8adiaz@hotmail.com](mailto:andresfelipe8adiaz@hotmail.com)

**Introducción.** las infecciones del torrente sanguíneo afectan a pacientes dentro del ámbito hospitalario, y se reportan tasas de mortalidad del 35%. Los microorganismos productores de betalactamasas de espectro extendido son cada vez más resistentes a los antibióticos y requieren de nuevos tratamientos, y microorganismos como *K. pneumoniae* y *E. coli* han pasado del ámbito nosocomial al comunitario.

**Materiales y métodos.** estudio observacional descriptivo tipo corte transversal en pacientes mayores de 14 años con hemocultivos positivos en el Hospital Universitario de Santander, en los años 2014-2016.

**Resultados.** se analizaron 148 historia clínicas, la edad promedio fue de 55,5 años. De los pacientes, el 23,6% de los pacientes tenían gérmenes con perfiles amplios de resistencia, un 40% por *E. coli* y *K. pneumoniae* BLEE, SAMR en un 25,7%, *A. baumannii* MDR 22,8% y *P. aereginosa* MDR 11,4%. De los pacientes con gérmenes resistentes, el 51,4% eran mujeres. El 37,8% habían tenido una hospitalización previa. El 85,8% recibió manejo con antibiótico empírico, de estos el 59,7% con monoterapia, siendo el más usado piperacilina tazobactam (47,4%). El 100% de los pacientes con gérmenes resistentes tenían un índice de PITT severo. El *S. aureus* mostró un 50% de resistencia a la oxacilina.

**Conclusiones.** el 23,6% de los pacientes tenían una infección por gérmenes resistentes, los más comunes fueron *E. coli* y *K. pneumoniae*, la mortalidad general fue del 30%.

## INFECCION POR VIH - SIDA

#### 224. Bacteriemias en pacientes con VIH en un hospital de tercer nivel en Bucaramanga, 2014-2016.

Sánchez S, Ochoa A, Rodríguez R, Rojas E, Ochoa A, Universidad Industrial de Santander. [andresfelipe8adiaz@hotmail.com](mailto:andresfelipe8adiaz@hotmail.com)

**Introducción.** Las infecciones del torrente sanguíneo son un problema creciente y actualmente una amenaza para la salud pública. Las bacteriemias representan 15% de todas las infecciones nosocomiales. Para los pacientes con VIH el grado de inmunosupresión continúa siendo el factor de riesgo más importante. Objetivo: Describir las características clínicas, microbiológicas y epidemiológicas de los pacientes con infección por VIH bacteriemias

**Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo de pacientes mayores de 14 años con hemocultivos positivos del servicio de medicina interna del Hospital Universitario de Santander durante los años 2014 a 2016, con infección por VIH y que cumplieran los criterios del CDC para infección del torrente sanguíneo

**Resultados.** Se revisaron 450 historias, con 44 pacientes con el diagnóstico confirmado. El 59% eran hombres, el promedio de edad fue de 42 años DE 11,8. La mediana de linfocitos T CD4+ fue de 29 células/mm<sup>3</sup>, y el 55,8% no tenían tratamiento anti-retroviral al ser diagnósticos nuevos. La mortalidad fue del 31,8%. El índice de severidad de PITT fue clasificado como leve en el 68,1%. El grupo de bacterias más frecuentes fueron las enterobacterias entre ellas *K. pneumoniae* con 25%. El porcentaje de gérmenes resistentes (*E. coli* y *K. pneumoniae* BLEE, *P. aeruginosa* MDR, *A. baumannii* MDR y *S. aureus* MR) fue del 26,9%.

**Conclusiones.** El grupo de pacientes con VIH en la institución es superior al de otras series, las enterobacterias resistentes continúan siendo una preocupación creciente. Uno de cada cuatro pacientes con infección por VIH y bacteriemias, tienen microorganismos resistentes.

## INFECTOLOGÍA ADULTOS

### 225. Criptococosis: estudio de la población en un hospital de tercer nivel de Bogotá en un periodo de 3 años.

Chaves K, Hurtado D, Pancho O, Palencia, A, Vergara E, Bello D, Alvarez D, Universidad El Bosque, Hospital Santa Clara. dinaishurtado@gmail.com

**Introducción.** La criptococosis es una micosis sistémica oportunista asociada a alta mortalidad. Su incidencia ha aumentado, relacionada con el incremento en la inmunosupresión en nuestra población. El objetivo del estudio, es determinar las características epidemiológicas, clínicas y mortalidad intrahospitalaria de pacientes con infección confirmada por criptococo en un hospital de tercer nivel por un periodo de 3 años.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, corte transversal, realizado en el Hospital Santa Clara, Bogotá Colombia, durante febrero 2015 a marzo 2018. Se incluyeron pacientes mayores de 18 años con diagnóstico de criptococosis confirmada por aislamiento en cultivo, látex y/o tinta china; los datos fueron analizados con SPSS Versión 22

**Resultados.** Se incluyeron 41 pacientes, 78% hombres, edad promedio 38 años. 83% presentaron inmunosupresión por VIH con conteo promedio 52 CD4, 41% recibían terapia HAART y 24% profilaxis con fluconazol. El síntoma principal fue cefalea en un 85%, seguido por fiebre y disminución del nivel de conciencia. El 63% fue aislado en líquido cefalorraquídeo, con látex positivo en 66% de los casos. El 88% recibió tratamiento de inducción con anfotericina deoxicolato/fluconazol y 56% requirió manejo en UCI. La mortalidad total fue del 51%, relacionada de manera significativa ( $p < 0,05$ ).

**Conclusiones.** La mayoría de pacientes con criptococosis se presentó en pacientes con VIH y bajos conteos de CD4, aislándose principalmente en líquido cefalorraquídeo. Se evidenció una mortalidad mayor del 50% a pesar de tratamiento adecuado, asociado a un tiempo de síntomas prolongado e hipoglucorraquia.

### 226. Perfil clínico, epidemiológico y geográfico de casos de dengue durante El Fenómeno el Niño Costero 2017, Lambayeque, Perú.

Perales J, Popuche P, Cabrejos G, Díaz-Vélez C, Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo, Hospital Nacional Almazor Aguinaga Asenjo. cristiandiazv@hotmail.com

**Introducción.** En la actualidad, el dengue persiste como un problema latente para la salud pública en nuestro país; se debe tomar en cuenta también, que los casos de dengue han presentado una tendencia creciente en los últimos 5 años, siendo el año 2017 una cifra de 76 093 casos (3.03 veces más casos en relación al 2016), y 93 muertes, la mayor cifra en los últimos 5 años. Objetivo: describir el perfil clínico, epidemiológico y geográfico del dengue en la Red EsSalud Lambayeque 2017, durante El niño costero.

**Materiales y métodos.** Pacientes captados por sistema de vigilancia epidemiológica que cuentan con ficha epidemiológica con diagnóstico clínico de dengue de todas las edades, ambos sexos, atendidos en la red asistencial EsSalud-Lambayeque durante el fenómeno El Niño Costero. Se utilizó estadística descriptiva con cálculo de frecuencias absolutas y relativas para las variables cualitativas y media con desviación estándar para las cuantitativas y software libre QGIS 2.14 para georreferenciación

**Resultados.** El 52,9% de casos fue del sexo femenino, con promedio de 37.2 ( $\pm 20.4$ ) años de edad, el 27,9% perteneció a Chiclayo, el 77% tuvo dengue sin signos de alarma, fallecidos con diagnóstico confirmado de dengue grave. La clínica más frecuente fue fiebre, cefalea, artralgia y mialgia. El signo de alarma más frecuente fue disminución de plaquetas.

**Conclusiones.** El dengue afectó en mayor frecuencia a la población femenina, adulta, de Chiclayo y clínica sin signos de alarma.

## MICOBACTERIAS

### 227. Biomarker CA-125 in Tuberculosis.

Leib S, Pino J, Pacheco R, García-Goez J, Fundación valle del Lili, Universidad ICESI. jofegarcia@gmail.com

**Introducción.** Tuberculosis (TB) is one of the leading causes of mortality and morbidity worldwide. In Colombia, 12,581 new cases were reported; of those (17%) were extra-pulmonary-tuberculosis (EPTB). The diagnosis of EPTB is difficult; the culture has low performance. The cancer antigen (CA-125) is a tumour biomarker that can increase its values in EPTB and has suggested as a diagnostic biomarker. We aim to describe the behaviour of the serum CA-125 in patients with TB.

**Materiales y métodos.** We conducted an observational, descriptive, longitudinal study in patients with TB and serum measurement of CA-125 between 2000-2017. A confirmed TB case was defined as the presence of *Mycobacterium tuberculosis* identified by culture or by molecular biology; and a probable case of TB as any patient with clinical symptoms of TB, positive findings in pathological anatomy and improvement with TB treatment. EPTB was defined as the extra-pulmonary compromise without pulmonary involvement. Serum CA-125 levels were measured at the time of TB diagnosis, using a commercial radioimmunoassay kit (Roche Elecsys CA-125/II assay), and the standard range was defined as

**Resultados.** 55% of TB patients presented an elevated CA-125 result at the time of diagnosis. We found a higher proportion of positive value in EPTB (59%) compared to pulmonary TB (48%). In EPTB, 100% of pericardial, 68% peritoneal and 67% pleural TB cases had elevated CA-125 levels.

**Conclusiones.** The biomarker CA-125 does not discriminate patients with PTB and EPTB concerning diagnosis; however CA-125 is elevated in tuberculosis with serous involvement

## MICROBIOLOGÍA

### 229. Efectividad de la asepsia y antisepsia (asociada a factores microbiológicos) en pacientes sometidos a procedimientos quirúrgicos, Bogotá 2017-II.

Méndez I, Parra M, Bello T. Fundación Universitaria Juan N. Corpas. mariaa-parra@juanncorpas.edu.co

**Introducción.** La infección de sitio operatorio disminuye los beneficios totales de la recuperación post quirúrgica, aumentando los días de estancia hospitalaria, elevando los costos por hospitalización, terapia farmacológica y cuidados por infección

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio Analítico, tipo trasversal, prospectivo, en pacientes de la Clínica Juan N. Corpas, tamaño poblacional con 53 pacientes, para un intervalo de confianza mayor al 95%.

**Resultados.** Es considerable la cifra de ISO mundial. La ISO en el estudio tuvo una frecuencia de 0.11 e incidencia de 1.2. Las características sociodemográficas y clínicas no presentaron valores significativos. El uso de corticosteroides se relacionó estrechamente con ISO y hallazgos microbiológicos, las variables con mayor frecuencia fueron: sexo femenino, IMC normal / sobrepeso, pacientes con inmunodeficiencia y dermatitis, El perfil de crecimiento microbiano fue positivo, hubo crecimiento en 92.4% de muestras previas y

45,2% en muestras posteriores al procedimiento aséptico/antiséptico, obteniendo hallazgos de microorganismos como: *S. aureus*, *S. epidermidis*, *Klebsiella*, *E. coli* y *Serratia*. El 24% de las muestras perduraron tanto en el cultivo pre como en el post.

**Conclusiones.** La ISO continúa siendo un problema que pone en alto riesgo a los pacientes, los antisépticos y técnicas antisépticas comúnmente utilizadas aún no demuestran ser totalmente segura y continúan presentando deficiencias teniendo en cuenta los hallazgos microbiológicos y la respuesta clínica en los pacientes estudiados

## RESISTENCIA BACTERIANA

### 231. Actividad de imipenem-relebactam en aislados clínicos de *Enterobacteriae* y *Pseudomonas spp* en la ciudad de Cali.

Oñate J, Graffe Y, Reyes L, Rivera A, Pallares C, Correa A, Centro Médico Imbanaco. [icako@hotmail.com](mailto:icako@hotmail.com)

**Introducción.** Imipenem-relebactam es una nueva molécula que ha mostrado actividad frente a *Enterobacteriaceae* y *Pseudomonas aeruginosa*, incluyendo las asociadas a B-lactamasas de clase A y clase C. El objetivo de este estudio fue evaluar la actividad *in vitro* de imipenem-relebactam frente a aislados clínicos de Enterobacteriaceae (sin incluir al grupo Proteae) y Pseudomonas spp. pacientes atendidos en el centro médico Imbanaco.

**Materiales y métodos.** 426 aislados (uno por paciente), fueron analizados para imipenem (IMI), imipenem-relebactam (IMIREL) y colistina (COL). La prueba de susceptibilidad fue realizada utilizando microdilución en caldo con paneles personalizados sensitre (Thermo scientific, USA). La concentración inhibitoria mínima fue determinada utilizando los puntos de corte de imipenem definidos por CLSI (M100-2017); mientras que para colistina se utilizaron los puntos de corte de EUCAST- V8. En los aislados identificados como resistentes para imipenem, se realizó prueba para la detección de carbapenemasas (carba NP).

**Resultados.** 365 Enterobacteriaceae (*Citrobacter freundii*; *Enterobacter spp*, *Klebsiella spp*, *Morganella morganii*, *Serratia marcescens*) y 61 *Pseudomonas spp* (*P. aeruginosa*, *P. putida* y *P. fluorescens*) fueron incluidas en este estudio. El porcentaje de susceptibilidad para IMIREL 96%, frente a IMI 93% y COL 91.5%. 14/365 Enterobacteriaceae fueron resistentes a IMI y de estas 93% fueron sensibles a IMIREL. En el grupo de Pseudomonas spp. 8/61 fueron resistentes a IMI y de estas 52% fueron sensibles a IMIREL.

**Conclusiones.** IMIREL mostro mayor actividad *in vitro* frente a Enterobacteriaceae, aún frente a los aislados MDR; sin embargo, en los aislados de *Pseudomonas spp* IMI resistentes, la sensibilidad fue mucho menor.

### 232. Evaluación de la actividad antimicrobiana e irritabilidad dérmica de un ungüento de uso tópico que contiene, aceite esencial de *Lippia origanoides*, péptido antimicrobiano y curcumina.

Martínez A, Padilla L, Universidad del Quindío. [andresmartinez928@hotmail.com](mailto:andresmartinez928@hotmail.com)

**Introducción.** La antibiótico resistencia es una problemática creciente a nivel mundial, ya que actualmente diferentes microorganismos, algunos presentes en infecciones de la piel muestran resistencia a los antibióticos convencionales, generando mayor riesgo al contraer una infección, por lo tanto, se pretende usar como alternativa nuevas moléculas con actividad antimicrobiana. El objetivo del presente trabajo es evaluar la actividad antimicrobiana y citotoxicidad *in vitro* de los compuestos; aceite esencial de *L. origanoides*, péptido antimicrobiano y curcumina presentes en un ungüento elaborado, al cual se le evaluó la irritabilidad dérmica.

**Materiales y métodos.** La actividad antimicrobiana de tres los compuestos y la mezcla entre ellos fueron evaluados por el método de difusión en disco (Kirby-Bauer) modificado y por microdilución en placa, utilizando bacterias Gram-negativas, Gram-positivas y un hongo, además se valoró la citotoxicidad de cada compuesto en células BHK-21. Finalmente se determinó la irritabilidad dérmica del ungüento elaborado en modelo murino.

**Resultados.** Se determinó la actividad antimicrobiana de cada compuesto individualmente y la mezcla entre ellos, evidenciando inhibición frente a todos los microorganismos estudiados, además la mezcla mostro potenciación de la actividad antimicrobiana en algunas cepas. Así mismo se observó la baja citotoxicidad de los tres compuestos evaluados en células BHK-21. Finalmente, el ungüento elaborado presento baja irritabilidad en el modelo murino.

**Conclusiones.** Se determinó la actividad antimicrobiana de los tres com-

puestos y de la mezcla entre ellos, la cual potencio la actividad en algunos microorganismos, además, mediante el test de irritabilidad evaluado en el modelo murino se comprobó la baja irritabilidad del ungüento.

### 233. Genotipificación de aislamientos SARM en una institución de tercer nivel del Eje Cafetero.

Guaca Y, Santacruz J, Moncayo J, Álvarez A, Corredor Z, Escobar J. Universidad Tecnológica de Pereira, Universidad El Bosque, Universidad Libre seccional Pereira. [yimagugo@utp.edu.co](mailto:yimagugo@utp.edu.co)

**Introducción.** *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina SARM, un importante patógeno. Ser portador es un factor de riesgo en infecciones humanas. Objetivo principal: Genotipificar aislamientos SARM de portadores nasales trabajadores de la salud y pacientes hospitalizados de institución del Eje Cafetero.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo prospectivo experimental, realizado en clínica de tercer nivel del Eje Cafetero, febrero 2015 - mayo 2016. Se estudiaron aislamientos de: Población 1: Recolección a partir de fosas nasales con CultureSwab Plus, cultivo en Agar Salino Manitol. Identificación y perfil de susceptibilidad por VITEK®2. Población 2: Recolectadas de manera rutinaria por diagnóstico de infección. Detección de genes (nuc, mecA-casete SCCmec, cluster egc y pvl): Extracción ADN por CTAB/lisostafina; PCRs múltiple y sencillas bajo diferentes protocolos: confirmación especie (nuc), resistencia meticilina (mecA); tipificación casete, cluster egc, y pvl. Electroforesis de campo pulsado: Determinación de clones con Gelcompare II program. Análisis estadístico. Se aplicó prueba exacta de Fisher, considerándose estadísticamente significativos valores de (p) ≤0,05 con IC del 95%.

**Resultados.** Se recolectaron 61 aislamientos SARM: 12,5% (8/64) en portadores nasales y 54,1% (53/98) en pacientes (p= <0,0001); la mayoría portaban SCCmec tipo IV: 75% (6/8), tipo I: 12,5% (1/8) p=0,0142 y 73,6% (39/53), tipo I: 24,5% (13/53) p= <0,0001, respectivamente. Se detectaron el cluster egc: 37,5% (3/8) y 20,7% (9/53) y el gen pvl: 75,0% (6/8) y 49,1% (36/53), respectivamente. Detección de clones: Pulsotipos similares a SARM comunitario.

**Conclusiones.** Los aislamientos SARM con genotipo comunitario predominan en esta institución de salud, no solo colonizando sino también generando infecciones. UTP: CIE 5-15-2 COLCIENCIAS: 1308-65741107

### 234. Evolución de la resistencia a macrólidos y tetraciclina en el clon COL923 de *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina genotipo comunitario (SARM-GC) en Colombia.

Corredor-Rozo Z, De La Hoz M, Márquez-Ortiz R, Reyes N, Tovar C, Moreno-Castañeda J., Abril-Riaño, D, Castro B, Vanegas N., . . Escobar-Perez J, Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana; Universidad El Bosque, Grupo de Genética y Biología Molecular; Universidad de Cartagena, Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales y Resistencia Bacteriana; Montería, Grupo de Microbiología; Instituto Nacional de Salud; Bogotá, 13 Institute; Faculty of Science; University of Technology; Sydney; Australia [lore\\_rozo@yahoo.com](mailto:lore_rozo@yahoo.com)

**Introducción.** Se ha observado la presencia y diseminación del clon SARM-GC COL923 causando infecciones en diferentes regiones de Colombia. Este clon presenta una variación en la resistencia a eritromicina y tetraciclina dada por los genes *msrA*, *mphC* y *tetK*, respectivamente. El objetivo de este estudio fue determinar el contexto genético involucrado en la posible movilización de los genes *msrA*, *mphC*, y *tetK* dentro del COL923.

**Materiales y métodos.** Estudio experimental descriptivo realizado sobre 41 aislamientos relacionados con el clon COL923, el genoma de cuatro representantes fueron secuenciados por Miseq (5sau489, 5sau410, 17sau368 y 17sau58). La movilización plasmídica se evaluó por ensayos de conjugación y transformación.

**Resultados.** El análisis bioinformático indicó la presencia de dos plásmidos movilizables no conjugativos, uno en el aislamiento 17sau58 de 38.304pb con los genes *msrA* y *mphC* posiblemente movilizados por el transposón Tn552. Y el otro en los aislamientos 5sau489, 5sau410 y 17sau368 igual al anterior con los genes *msrA* y *mphC*, pero con un tamaño de 43.523pb por un fragmento adicional correspondiente al gen *tetK* el cual está delimitado por dos secuencias de inserción IS431. De los 41 aislamientos, 27 (65.8%) presentaron el plásmido con resistencia a eritromicina y tetraciclina, 11 (26.8%) el plásmido con resistencia a tetraciclina y 3 (7.31%) presentaron solo resistencia a meticilina, indicado una posible evolución y co-integración de los plásmidos en el COL923.

**Conclusiones.** Es probable que la evolución de la resistencia a macrólidos y tetraciclinas dentro del clon COL923 se haya generado por la adquisición diferencial y co-integración de plásmidos. COLCIENCIAS 1308-65741107.

**235. Conocimientos acerca del uso de antibióticos en prácticas ganaderas de los municipios de Arbeláez, Fusagasugá, Pasca y Silvania, Cundinamarca.**

Arenas N, Guzmán I, Zambrano J, Torres J,  
Universidad de Cundinamarca. nelson.arenas@gmail.com

**Introducción.** En Colombia, la producción lechera presenta una vocación a pequeña y mediana escala que no se adhiere a las restricciones operativas y sanitarias vigentes. Dicha situación, junto con la mala administración de antibióticos podría generar la aparición de cepas multirresistentes. Nuestro objetivo fue evaluar el conocimiento sobre la administración de antibióticos en productores ganaderos de Arbeláez, Fusagasugá, Pasca y Silvania.

**Materiales y métodos.** Se realizó una encuesta estructurada acerca del uso de antibióticos a 100 productores ganaderos tomados al azar en 4 municipios de Cundinamarca. En dichas áreas, se tomaron muestras de leche cruda en las rutas de recolección y distribución para cultivo bacteriano, identificación fenotípica de especie y pruebas de susceptibilidad por el método de difusión de disco. El análisis estadístico se realizó en el programa Epi-Info 7.2.

**Resultados.** En la encuesta, el 72% de los ganaderos reporta que sólo usan antibióticos para tratar enfermedades. 46% suministraron antibióticos por recomendación particular, 24% por una experiencia exitosa previa y 20% por calidad del producto. 56% de los productores nunca han solicitado asistencia técnica, 33% considera costoso el servicio veterinario y 22% presentan barreras geográficas. En las rutas recolectoras de leche, se identificó *Escherichia coli*, *Streptococcus agalactiae* y *Streptococcus Beta hemolítico*. *E. coli* presentó resistencia a cuatro antibióticos; mientras, la cepa de *S. agalactiae* fue resistente a ocho antibióticos.

**Conclusiones.** Se estableció un escaso conocimiento en la administración de antibióticos en ganaderos del Sumapaz y la circulación de patógenos multirresistentes a antibióticos en la leche cruda y que constituyen un riesgo para la salud animal y humana.

**236. Diseño y evaluación de una máquina de inteligencia artificial para la predicción de péptidos antimicrobianos a partir de secuencias de proteínas.**

Correa A, Vélez A, Quintero-Gil C, Mera C, Orduz S.  
Grupo Biología Funcional, Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín. Instituto Tecnológico Metropolitano. alcorrearo@unal.edu.co

**Introducción.** La búsqueda y diseño de nuevos péptidos antimicrobianos (PAMs) incluye métodos costosos tanto en tiempo como en dinero. Las máquinas de aprendizaje automático (MAA) son una alternativa para la predicción de PAMs. Por tanto, nos propusimos construir MAA para clasificar y predecir PAMs con la identificación de patrones comunes dentro de un conjunto de secuencias peptídicas.

**Materiales y métodos.** Se construyó una base de datos a partir de un conjunto positivo de 604 péptidos provenientes de invertebrados con actividad antimicrobiana y un conjunto negativo de 1059 péptidos sin actividad. Se realizó un proceso automático de extracción de características calculando propiedades fisicoquímicas y descriptores moleculares de cada secuencia. Para la predicción, se entrenaron cuatro algoritmos, Random Forest (RF), Naive Bayes, Máquina de Vectores de Soporte (MVS) y una Red Neuronal (RN), y se evaluó el rendimiento de las MAA utilizando un conjunto de 25 péptidos de prueba evaluados *in vitro* y activos contra *Klebsiella pneumoniae* y *Acinetobacter baumannii* para comparar con los resultados de predicción.

**Resultados.** Los modelos de predicción obtenidos con los algoritmos RF, Naive Bayes y RN lograron predecir PAMs que tienen una actividad antimicrobiana *in vitro* en concentraciones menores a 25 µM con una precisión del 95%.

**Conclusiones.** Tres de los algoritmos de aprendizaje utilizados logran determinar si una secuencia peptídica es candidata a ser un PAM. Estos algoritmos identifican patrones comunes entre el conjunto de PAMs, teniendo en cuenta su composición y la auto-correlación con residuos dentro de las secuencias.

**237. Detección de la susceptibilidad antibiótica en aislamientos orales de *Prevotella nigrescens*.**

Castillo Y, Montaña A, Cardenas E, Delgadillo N, Lafaurie GI, Castillo DM,  
Instituto UIBO-Unidad de Investigación Básica Oral; Facultad de Odontología; Universidad El Bosque. castilloyormaris@unbosque.edu.co

**Introducción.** El género *Prevotella* pertenece a la microbiota oral normal. Sin embargo, son aislados de infecciones polimicrobianas, que se manejan frecuentemente con tratamiento mecánico. En pacientes con riesgo sistémico, es necesario un tratamiento antibiótico adicional. *Prevotella nigrescens* es muy

importante a nivel clínico debido a su amplio perfil de resistencia frente a varias familias de antibióticos utilizados en el campo de la odontología como son β-lactámicos, Tetraciclinas y Macrólidos. El propósito de estudio fue determinar la susceptibilidad a Amoxicilina, Tetraciclina, Doxiciclina en aislamientos orales de *Prevotella nigrescens*.

**Materiales y métodos.** Estudio experimental *in vitro*. Se evaluaron aislamientos orales de *P. nigrescens* previamente confirmados por PCR. Se determinó la resistencia antibiótica, mediante el método de dilución en agar sobre placas de agar brucella suplementado con hemina, menadiona y sangre de cordero, además de concentraciones de antibióticos desde 0.25µg/mL hasta 64µg/mL. Como control positivo se usó *Bacteroides fragilis* ATCC 25285. La interpretación de los resultados de la actividad *in vitro* de los antibióticos se realizó según los puntos de corte reportados por el CLSI. Se realizó análisis descriptivo de los datos.

**Resultados.** *Prevotella nigrescens* presentó resistencia antibiótica con el 88% de 26 aislamientos evaluados resistentes a amoxicilina, 19% de 31 aislamientos fueron resistentes para tetraciclina, 32% de los 25 aislamientos evaluados fueron resistentes para doxiciclina.

**Conclusiones.** los aislamientos clínicos orales de *P. nigrescens* presentan alta resistencia antibiótica a la amoxicilina, antibiótico de primera elección para infecciones de origen odontogénico.

**PARASITOLOGÍA**

**238. Detección y localización de un candidato a NADK en *Plasmodium falciparum*.**

Guasca L, Ramirez M,  
Universidad Nacional de Colombia. lkguasca@unal.edu.co

**Introducción.** La NAD quinasa (NADK) es una enzima importante en el metabolismo redox a nivel celular y se ha propuesto como un blanco importante para la supervivencia de algunos patógenos. Sin embargo en *P. falciparum* esta enzima aún no ha sido caracterizada generándose muchos interrogantes sobre la presencia de su producto el NADP+ en el parásito y en diversas vías metabólicas que lo emplean como sustrato. Por lo anterior, el objetivo de este trabajo fue identificar un candidato de la enzima en *P. falciparum* con la producción de anticuerpos policlonales que permitan su detección en extractos proteicos y su localización a nivel subcelular en el protozoo.

**Materiales y métodos.** La caracterización *in vivo* del candidato PfNADK se realizó con la producción de anticuerpos policlonales en modelos aviares (IgY) y murinos (IgG). Inicialmente se obtuvo como antígeno proteína recombinante del candidato, purificada a partir de cuerpos de inclusión. Las inoculaciones en ambos modelos se realizaron por un período de cuatro semanas. Se caracterizaron los anticuerpos producidos en el suero de ambos modelos evaluando factores como cantidad mínima de antígeno reconocido y diferentes concentraciones de los anticuerpos.

**Resultados.** Una vez caracterizados se emplearon para reconocer la proteína candidato por ensayos de inmunodetección sobre proteínas totales del *P. falciparum* y determinar una posible localización subcelular en extractos del parásito por inmunofluorescencia

**Conclusiones.** Los resultados obtenidos permitieron identificar una proteína citoplasmática de 76kDa lo cual coincide con los análisis bioinformáticos anteriormente predichos, determinándose por primera vez la presencia de una posible enzima NADK en este patógeno.

**239. Estandarización de una prueba de RT-qPCR para cuantificar la expresión del marcador de agotamiento celular PD-1 en PBMCs humanos.**

García-López L, Cardona N, Vargas-Montes M, Osorio-Méndez F,  
Rincón-Andrade M, Gómez-Marín J,  
Universidad del Quindío. lauralorenagar@hotmail.com

**Introducción.** El receptor de muerte programada 1 (PD-1) se expresa en la superficie de diversas células del sistema inmune y su activación lleva a la disfuncionalidad y muerte por apoptosis; fenómeno denominado agotamiento celular. La sobreexpresión de PD-1 se ha descrito como un factor importante en la reactivación de enfermedades crónicas, incluyendo la toxoplasmosis en el ratón. El objetivo de este trabajo es estandarizar un ensayo de RT-qPCR para cuantificar la expresión de PD-1 en PBMCs humanas.

**Materiales y métodos.** Se aislaron PBMCs de sangre y, a partir de ellas, RNA total. Para eliminar el DNA genómico, las extracciones se trataron con DNAasa I. Con el RNA obtenido se realizaron reacciones de RT-qPCR de un

paso con oligonucleótidos para PD-1 y GAPDH (control constitutivo). Para la detección de la amplificación se utilizó SYBR-green.

**Resultados.** Con las condiciones usadas observamos amplificación para los dos blancos deseados. No detectamos amplificación con los controles negativos sin muestra y sin transcriptasa reversa. Obtuvimos valores de Ct < 30, lo que nos permitirá realizar la cuantificación relativa por la estrategia de  $\Delta\Delta$  Ct usando muestras de RNA de PBMCs en ensayos futuros. Las reacciones presentaron curvas de desnaturalización y patrones electroforéticos que indican que los fragmentos son específicos y corresponden a los amplicones de interés.

**Conclusiones.** Se estandarizó un método para la cuantificación relativa de PD-1 en muestras de RNA de PBMCs. Esto permitirá evaluar su expresión en individuos con diferentes manifestaciones de toxoplasmosis crónica, incluyendo aquellos con toxoplasmosis ocular con distinto grado de recurrencia.

#### 240. Factores de Riesgo Asociados a Recurrencias en Retinocoroiditis por *Toxoplasma gondii*.

Velasco S, Hincapié D, Cordero S, Botero A, Marulanda N, Gómez J, Universidad del Quindío. [velascostef@gmail.com](mailto:velascostef@gmail.com)

**Introducción.** Las recurrencias son una característica importante de la toxoplasmosis ocular, que lleva a deterioro progresivo de la agudeza visual y la calidad de vida de los pacientes. Los factores desencadenantes de las recurrencias no están totalmente dilucidados.

**Materiales y métodos.** Se hizo una revisión sistemática de la literatura en 4 bases de datos (Pubmed, Cochrane, Scopus y Embase) usando términos MeSH. Se incluyeron los artículos publicados entre 1990 y 2016, siguiendo los criterios de la plantilla SIGN. Se excluyeron los artículos que no permitieron el acceso a datos primarios.

**Resultados.** Se encontraron 230 artículos, 14 cumplían los criterios. La precipitación fue un predictor de recurrencias ( $p=0,019$ ), por cada mm que aumenta al año aumenta la frecuencia a más de dos episodios (OR=1,002; IC=1,000-1,003). El uso de antifolatos (RR=0,17;  $p=0,08$ ) y la profilaxis con trimetoprim/sulfametoxazol (OR=0,35;  $p=0,01$ ) disminuyeron las recurrencias. El uso de esteroides sistémicos las aumentó (OR=6,4). Los pacientes con extracción de cataratas presentaron 34% más recurrencias. El 33,8% de los pacientes con toxoplasmosis congénita desarrollaron al menos una recurrencia. El 60% de los pacientes con lesiones primarias desarrollaron recurrencias. La edad y el embarazo no fueron concluyentes.

**Conclusiones.** El aumento de precipitación, el uso de esteroides sistémicos, la adquisición congénita, la extracción de cataratas y la presencia de cicatrices antiguas, aumentan el riesgo de recurrencias. Por otro lado, el tratamiento con antifolatos y la profilaxis con trimetoprim/sulfametoxazol, son factores protectores. Se requieren mayores estudios que identifiquen los factores subyacentes a las recaídas.

#### 241. Factores higiénico sanitarios asociados a presencia de ADN de *Toxoplasma gondii* en alimentos y agua en restaurantes escolares de Armenia, Quindío.

Luna J, Zamora A, Lora F, Cortes J, Pinzon M, Hernández N, Muñoz D, Buitrago E, Gómez J, Universidad del Quindío, Universidad Nacional [jluna@uniquindio.edu.co](mailto:jluna@uniquindio.edu.co)

**Introducción.** No existen trabajos en Colombia que establezcan el papel de los alimentos, diferentes a la carne, o cómo influyen las condiciones higiénico sanitarias de los restaurantes, en la transmisión de *Toxoplasma gondii*.

**Materiales y métodos.** Se realizó inspecciones higiénico-sanitarias en 10 colegios correspondientes a cada una de las zonas de Armenia, utilizando como instrumento el acta de visita del INVIMA. Luego, se compararon prevalencias de *T. gondii* encontradas en alimentos, agua y superficies (vivas e inertes) de 6,1% (13/213) en restaurantes escolares con los aspectos higiénico-sanitarios.

**Resultados.** En promedio, los restaurantes cumplen con el 56,8% (Máximo: 64,2%; Mínimo: 50,3%) de las disposiciones del acta de visita. Muestras positivas en el agua y jugo, para *T. gondii*, se pueden asociar con la "no presencia de tanque de almacenamiento de agua o la frecuencia de su limpieza" o "reemplazar agua hervida por filtrada". Estos mismos factores, pueden influir en la presencia del parásito en superficies vivas e inertes.

**Conclusiones.** La presencia del parásito en las muestras puede asociarse por el manejo de agua y esta ocasiona que se encuentre en superficies vivas, preparación de alimentos y productos elaborados con esta agua. Esto podría ser uno de los factores de riesgo principales de infección en niños.

#### 242. Revisión sistemática sobre eficacia y tolerabilidad de nitazoxanida en el tratamiento de blastocistosis y Giardiasis intestinal.

Gómez J, Montes J, Nati H, Ospina D, Aponte P, Navarrete C, Universidad del Quindío - [GEPAMOL.jandres-98@hotmail.com](mailto:GEPAMOL.jandres-98@hotmail.com)

**Introducción.** La parasitosis intestinal es de alta prevalencia en población infantil. Se ha propuesto la nitazoxanida como una alternativa, sin embargo, existe discusión sobre su eficacia y no se ha realizado una revisión crítica de ello hasta ahora.

**Materiales y métodos.** Se realizó una búsqueda sistemática con las palabras "Blastocystis and nitazoxanide" y "Giardia and nitazoxanide" en tres bases de datos: PubMed, Embase y Cochrane Library (hasta septiembre de 2017), en el cual se incluyeron estudios experimentales que evaluaran la eficacia y/o tolerabilidad en pacientes pediátricos, con diarrea por *Blastocystis hominis* o *Giardia lamblia* o mixta y que a su vez fueran tratados con Nitazoxanida frente a placebo u otras intervenciones.

**Resultados.** Con las palabras claves se encontraron para blastocistosis 77 artículos y para Giardiasis, 284. Después de efectuar el análisis y aplicar los criterios de inclusión y exclusión, sólo 4 estudios cumplieron criterios de evaluación de eficacia para *Blastocystis* con eficacia entre 56,8 y 100 por ciento. Para el caso de *Giardia* tratada con Nitazoxanida se reportó una eficacia entre 71,3 y 100 por ciento.

**Conclusiones.** No existe evidencia de buena calidad sobre la eficacia de Nitazoxanida para el tratamiento de Giardiasis o blastocistosis, existe incertidumbre sobre la eficacia dados los intervalos de confianza amplios en los estudios encontrados. Se requieren estudios con muestras más amplias.

#### 243. Parasitosis intestinales en menores de cinco años en dos municipios del departamento del Quindío, Colombia (2016 – 2017).

Pechené E, Bedoya J, Gómez J, Universidad del Quindío. [juan18es@gmail.com](mailto:juan18es@gmail.com)

**Introducción.** Existen pocos reportes actualizados que estudien la etiología de parasitosis intestinales en Colombia. La encuesta nacional de parasitosis intestinal (2012 – 2014) seleccionó municipios en riesgo, por lo que dichos datos no aplican al resto de la población. El objetivo del estudio es analizar agentes etiológicos, variables clínicas y demográficas de niños que consultaron a primer nivel, en dos municipios del departamento del Quindío.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo en el que se revisaron historias clínicas de niños menores de 5 años a los que se le realizó coprológico en los hospitales Roberto Quintero Villa y Sagrado Corazón de Jesús, de Montenegro y Quimbaya respectivamente, durante 2016 y 2017.

**Resultados.** De 611 registros clínicos, 239 corresponden al municipio de Montenegro y 372 al de Quimbaya, 383 consultaron por diarrea (62,6%). Hubo 84 pacientes con coprológico positivo, de los cuales 30 fueron para *Blastocystis hominis* (35,7%), 15 para *Giardia lamblia* (17,8%), 1 para *Ascaris lumbricoides* y 1 para tricocéfalos; entre otros patógenos. De los pacientes a los que se les encontró *B. hominis* y *G. lamblia*, 14 (3,6%) y 8 (2,08%) cursaban con diarrea, respectivamente.

**Conclusiones.** Ni *G. lamblia* ni *B. hominis* son causas significativas de diarrea, a futuro es importante determinar papel de *Cryptosporidium* en dicha patología, ya que no se realiza tinción de rutina para diagnóstico.

#### 244. Evaluación de la eficacia y tolerabilidad del tratamiento con Nitazoxanida y Albendazol en población escolar en el Centro de Salud de la Universidad del Quindío.

Aponte P, Montes J, Nati H, Ospina D, Navarrete C, Gómez J, Universidad del Quindío. [Universidad del Quindío. paula06.m@gmail.com](mailto:paula06.m@gmail.com)

**Introducción.** La parasitosis intestinal es de alta prevalencia en población infantil. Se ha propuesto la nitazoxanida como una alternativa de tratamiento para la erradicación de parásitos como *Giardia* y *Blastocystis*, sin embargo, los estudios disponibles actualmente sobre la valoración de la eficacia del tratamiento no arrojan suficiente evidencia disponible.

**Materiales y métodos.** Se extrajeron datos de historias clínicas de pacientes con rango de edad de 4 a 6 años, quienes consultaron en el Centro de Salud de la Universidad del Quindío y se diagnosticaron mediante coprológico con Blastocystosis y Giardiasis. Se seleccionaron las historias cuyo tratamiento fue con Nitazoxanida o Albendazol y con resultados coprológicos de control

postratamiento a los 8 días. Los resultados se presentan mediante estadísticas descriptivas; porcentaje de eficacia y tolerabilidad. **Resultados.** Por el momento se cuenta con 13 niños con coprológico diagnóstico y postratamiento que fueron tratados con Nitazoxanida, respondieron al tratamiento 7, a los cuales no se les observó parásitos, el restante presentó algún tipo de infección parasitaria (n=6). Teniendo una eficacia para Nitazoxanida del 53,84% (IC 95% 25,5 - 80) Los efectos adversos más frecuentes fueron cambios en la coloración de la orina, dolor abdominal. Se reportó un caso de reacción alérgica, se obtuvo un porcentaje de tolerabilidad del 92,3%. **Conclusiones.** Se concluye que no hay evidencia suficiente para respaldar el uso de Nitazoxanida para el tratamiento de parasitosis intestinal por *Blastocystis hominis* y *Giardia duodenalis*.

**245. Clinical Outcomes of Tegumentary and Visceral Leishmaniasis: A 10-year experience at a Medical Center in the Caribbean Coast region of Colombia.**

Villamil-Gómez WE, Rodríguez-Morales AJ, Peralta J, Ávila D, Contreras A, Henao-Martínez A, Franco-Paredes C, Hospital Universitario de Sincelajo; Sucre; Colombia; Program of PhD in Tropical Medicine; Universidad del Atlántico; Public Health and Infection Research Group; Faculty of Health Sciences; Universidad Tecnológica de Pereira, Corporación Universitaria Rafael Nuñez; Cartagena; Bolívar; Colombia, University of Colorado Denver; Anschutz Medical Campus; Denver; CO; EUA, Hospital Infantil de México. arodriguez@utp.edu.co

**Introducción.** Leishmaniasis imposes a high burden of disease. In Latin America, Colombia is one of the countries with the highest number of reported cases of leishmaniasis. We were therefore interested in assessing the epidemiology, clinical presentation, and outcomes of patients seen over the last decade from three departments of the Caribbean Coast region of Colombia.

**Materiales y métodos.** A retrospective cross-sectional assessment of all clinical forms of leishmaniasis (visceral, cutaneous and mucocutaneous) seen at HUS, Sucre Colombia.

**Resultados.** During 2008-2017, a total of 32 patients were confirmed cases of leishmaniasis. Of these, 90% were from Sucre, 6.2% from Córdoba and 3.1% from Bolívar. Most cases were visceral leishmaniasis (27/32), and most cases occurred among individuals <18-y, mainly children

**Conclusiones.** Visceral leishmaniasis is a neglected tropical disease frequently observed in children living in Sucre and surrounding departments. Further public health efforts should focus on improving social and ecological factors that led to the occurrence of this parasitic infection. Besides, given the fact that children are the group presenting to the hospital with visceral leishmaniasis, further public health efforts should target personal protection measures and vector control to prevent its occurrence in this population.

**RESISTENCIA BACTERIANA**

**246. Carga económica de las infecciones de tracto urinario causadas por bacilos Gram-negativos resistentes a betalactámicos en un hospital de tercer nivel de complejidad de Medellín, Colombia.**

Vargas-Alzate CA, Higuaita-Gutiérrez LF, Roncancio G, Jiménez JN, Línea de Epidemiología Molecular Bacteriana; Grupo MICROBA; Universidad de Antioquia. carlosvargas1811@gmail.com

**Introducción.** Las Infecciones de Tracto Urinario (ITU) son entidades infecciosas frecuentes en el ámbito hospitalario, sin embargo la carga económica es poco estudiada. El objetivo del estudio fue describir y comparar el exceso de los costos directos médicos de las ITU por *K. pneumoniae*, *E. cloacae* y *P. aeruginosa* resistentes a betalactámicos en pacientes de un hospital de Medellín.

**Materiales y métodos.** Estudio de cohorte en una institución de Medellín-Colombia, entre 2014-2015. Se incluyeron todos los pacientes con ITU por bacterias sensibles a betalactámicos, resistentes a cefalosporinas (3ra/4ta generación) y resistentes a carbapenémicos. La información del proceso de atención se obtuvo de las historias clínicas y los costos se analizaron desde la perspectiva del sistema de salud con manuales tarifarios (SISMED e ISS). El exceso de costos fue estimado utilizando modelos lineales generalizados con distribución gamma.

**Resultados.** Se incluyeron 141 pacientes, 39% sensibles a betalactámicos, 38,3% resistentes a cefalosporinas de 3ra y 4ta generación y 22,7% resistentes a carbapenémicos. El exceso de costos de los pacientes con ITU por bacterias

resistentes a cefalosporinas y carbapenémicos fue de USD\$193 (IC95%, -347-734) y USD\$633 (IC95%, -50-1.316) respectivamente, con respecto a las ITU por bacterias sensibles a betalactámicos. Las diferencias se presentaron principalmente en el uso de antibióticos como meropenem, colistina y fosfomicina.

**Conclusiones.** Se evidencia un incremento sustancial de los costos directos médicos de pacientes con ITU por bacterias resistentes a betalactámicos, lo cual es preocupante en países como Colombia, donde las altas frecuencias de ITU y de resistencia a betalactámicos pueden generar un impacto económico mayor al sector salud.

**247. Predicción de Péptidos de Defensa del Hospedero (HDPs) a partir de Transcriptomas públicos ensamblados (TSAs) de la familia Scarabaeidae.**

Vélez A, Valencia H, Rosas M, Madrid A, Sanchez J, Erazo L, Arbeláez J, Téllez G, Henao D, Toro L, Universidad del Quindío. ltoros@uqvirtual.edu.co

**Introducción.** Los Péptidos de Defensa del Hospedero (HDPs) están presentes en todos los organismos que conforman el árbol de la vida, son secuencias de aproximadamente 100 aminoácidos y moléculas de defensa innatas del huésped efectivas contra gran cantidad de organismos como bacterias (Gram positivas y Gram negativas) hongos (filamentosos y levaduras), parásitos, y virus.

**Materiales y métodos.** Los escarabajos coprófagos, son fuente de estas moléculas debido a las condiciones "extremas" a las cuales están expuestos, teniendo claro que las heces albergan un sinfín de agentes infecciosos. La secuenciación del transcriptoma es un proceso costoso e implica un lapso de tiempo extenso, una alternativa es el aprovechamiento de una nueva "ciencia" que ha venido tomando una fuerza y relevancia inmensa, la bioinformática. Existen numerosas bases de datos gratuitas con las cuales obtuvimos información de las secuencias de péptidos de estos coprófagos, las cuales hemos analizado con herramientas bioinformáticas como Interpro, Irtaser, RaptorX, SignalP, PsiPred y AVP-predic, entre otras.

**Resultados.** Hemos identificado 44 secuencias de HDPs en 8 transcriptomas disponibles en bases de datos (TSA principalmente) de la familia *Scarabaeidae*, los cuales se han caracterizado fisicoquímica y estructuralmente mediante herramientas bioinformáticas y poder obtener secuencias putativas con potencial a ser candidatos antimicrobianos.

**Conclusiones.** Los transcriptomas de acceso libre en las bases de datos son fuente de secuencias putativas a péptidos antimicrobianos con características fisicoquímicas y estructurales que los convierten en potenciales candidatos antimicrobianos.

**248. Evaluación de la actividad antimicrobiana del aceite de árbol de té (Tea tree oil) contra *Propionibacterium acnes* ATCC® 6919.**

Ossa J, Llanos C, García A, Universidad de Antioquia, Tecoquímicas. kro.9418@gmail.com

**Introducción.** El aceite de árbol de té (AAT) se obtiene de plantas de *Melaleuca alternifolia* y se destaca por sus propiedades antiinflamatorias y antimicrobianas. El objetivo fue evaluar las características físico-químicas y la actividad antimicrobiana del aceite de árbol de té contra *Propionibacterium acnes*, determinando su composición, efecto al 2% y su concentración inhibitoria mínima (CIM).

**Materiales y métodos.** Se evaluaron las características físico-químicas de AAT y la actividad antimicrobiana de tres lotes diferentes de aceite de árbol de té contra *P. acnes* por ensayo de dilución en agar (guía M11-A8 CLSI).

**Resultados.** El AAT evaluado presentó un quimiotipo deseado de acuerdo con los criterios físicos y químicos según la norma ISO 4730. Contiene entre 30-40% de Terpineno-4-ol, lo cual favorece una mayor actividad antimicrobiana, además mostró actividad antimicrobiana contra *P. acnes*, con un efecto dependiente de la concentración. Se observó un efecto inhibitorio del crecimiento del microorganismo en todos los ensayos con los diferentes lotes de aceite de árbol de té. La concentración inhibitoria mínima obtenida para todos ellos contra *P. acnes* fue de 0,25% v/v.

**Conclusiones.** La actividad antimicrobiana del aceite de árbol de té se ha demostrado para diversos microorganismos incluido *P. acnes*. Los resultados aquí obtenidos indican que se cuenta con un producto de alta calidad que cumple con lo descrito en la norma. Las características y composición del AAT hacen de este un producto que inhibe eficazmente el crecimiento de *P. acnes*, mostrando ser un buen agente antibacteriano.

**249. Perfil de susceptibilidad antimicrobiana de *Helicobacter pylori* en el Eje Cafetero.**

Bedoya I, Guaca Y, Moncayo J, Santacruz J, Arturo B, Castañeda L, Álvarez A, Universidad Tecnológica de Pereira, Universidad de Manizales. Centro de Especialistas de Risaralda. Universidad Libre. [adalucy.alvarez@unilibre.edu.co](mailto:adalucy.alvarez@unilibre.edu.co)

**Introducción.** Diversos estudios han demostrado que la resistencia antimicrobiana perjudica significativamente la eficacia en la erradicación de la infección. Para el año 2009 se publicó el primer estudio de resistencia en aislamientos de *H. pylori* de la zona cafetera, reportando resistencia a claritromicina (3,8%) y metronidazol (83%). El objetivo general del estudio fue determinar la resistencia antimicrobiana de *H. pylori* en aislados de pacientes dispépticos del Eje Cafetero y las mutaciones asociadas.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo experimental, con 61 aislamientos de *H. pylori* obtenidos de pacientes del Eje Cafetero, entre 2014 y 2015. La susceptibilidad antimicrobiana fue realizada por E-test para metronidazol, claritromicina, amoxicilina, tetraciclina, levofloxacina y rifampicina. Los aislamientos resistentes a claritromicina y levofloxacina se les realizó secuenciación de un segmento de los genes del ADN r235 y la ADN girasa para detectar las principales mutaciones asociadas a resistencia.

**Resultados.** Se presentó resistencia a metronidazol (77%), claritromicina (8%), levofloxacina (25%) y rifampicina (13%). En la mayoría de los aislamientos resistentes a claritromicina y levofloxacina se detectaron las mutaciones más frecuentemente reportadas.

**Conclusiones.** Con respecto al primer estudio realizado en el Eje Cafetero se presentó un aumento en la resistencia a claritromicina y por primera vez se reportan en la zona aislamientos resistentes a levofloxacina y rifampicina. La resistencia a metronidazol se conserva sin mayores modificaciones, de la misma manera que la resistencia a amoxicilina y tetraciclina que aún es nula. No en todos los aislamientos resistentes a claritromicina o levofloxacina se estableció la mutación asociada.

**250. Estudio *in silico* de derivados de moxifloxacina con posible actividad antibacteriana contra una forma resistente de ADN girasa de *Porphyromonas gingivalis*.**

Rocha-Roa C, Cossio-Pérez R, Molina D, Patiño J, Cardona N, Universidad del Quindío, Universidad Nacional de Quilmes, Universidad Antonio Nariño. [nestorcardonape@uan.edu.co](mailto:nestorcardonape@uan.edu.co)

**Introducción.** La antibiótico-resistencia de bacterias como *Porphyromonas gingivalis* ha sido reportada causada por tratamientos con antibióticos prescritos empíricamente. La moxifloxacina es una alternativa farmacológica por su efecto en la reducción de biopelículas en periodontitis. Existe el reporte de una mutación Ser83Phe en la girasa-A que le confiere resistencia a *P. gingivalis* contra la moxifloxacina; por lo que se planteó evaluar *in silico* la interacción de derivados de moxifloxacina con la ADN-girasa de *P. gingivalis*.

**Materiales y métodos.** Se exploraron 20 derivados de moxifloxacina para evaluar su efecto sobre la mutación Ser83Phe de la subunidad A de la proteína ADN-girasa de *P. gingivalis*. Se realizó un modelamiento por homología de la proteína con I-Tasser, predicción de toxicidad de los derivados con DataWarrior/ADMETsar, simulaciones de acoplamiento con Autodock vina y dinámica molecular dirigida con AMBER, con el fin de evaluar las diferencias de afinidad entre el mejor derivado y moxifloxacina.

**Resultados.** Se obtuvo un modelo que presentó regiones conservadas de la estructura tetramérica de ADN-girasa de *P. gingivalis*. Se encontró que por lo menos 10 de los derivados postulados presentan una interacción en kcal/mol mayor comparada con la moxifloxacina en la mutación Ser83Phe de la subunidad girasa-A, los cuales no presentaron posibles riesgos toxicológicos. Las simulaciones de dinámica molecular dirigida sugieren que modificaciones con grupos aromáticos sustituidos sobre el grupo carboxílico de moxifloxacina estarían mejorando su interacción sobre el sitio mutado de ADN-girasa de *P. gingivalis*.

**Conclusiones.** Nuestros resultados postulan nuevas moléculas con actividad antibacteriana promisorias basados en un diseño racional de compuestos.

**251. Actividad *In vitro* de fosfomicina contra enterobacterias causa de ITU en la comunidad, y portadores de Integrones clase I, en Montería.**

Martínez P, Laboratorios CAATH. [pjmartinezr@hotmail.com](mailto:pjmartinezr@hotmail.com)

**Introducción.** Enterobacteriaceae son una importante causa de infecciones urinarias sintomáticas y asintomáticas en la comunidad, y la presencia de elementos genéticos móviles como los integrones son la causa de la multiresistencia y la difícil elección de un tratamiento disponibles actualmente.

Este estudio se realizó para evaluar la actividad *in vitro* de fosfomicina como tratamiento contra los aislamientos portadores de integrones.

**Materiales y métodos.** Un total de 212 aislamientos de Enterobacteriaceae portadores de integron de clase I (*E. coli* n=106; *K. pneumoniae* n=84; *E. cloacae* n= 16; *C. freundii* n=3; *P. mirabilis* n= 2; *C. farmeri* n=1), fueron obtenidos durante un período de 3 años. La presencia de integrones se detectó mediante el ensayo de PCR para genes integrasas (intl1, intl2 e intl3) y la amplificación de genes cassettes de integrones de clase 1, 2 y 3. La susceptibilidad se realizó por uso del sistema Microscan, la susceptibilidad de fosfomicina se realizó por E-test.

**Resultados.** El 100% de los aislamientos fueron resistentes a ciprofloxacina, gentamicina y trimetoprim-sulfametoxazol, el 50% fueron productores BLEE. La resistencia a amikacina fue 15,6%, nitrofurantoina 14,9%, y fosfomicina 3%. El 1,8% fueron resistentes a ertapenem y positivos para carbapenemasas.

**Conclusiones.** Fosfomicina muestra *in vitro* una alternativa para el tratamiento contra las enterobacterias multiresistentes portadoras de integrones, productoras de BLEE y carbapenemasas, que son la causa de infección urinaria en la comunidad

**252. Desarrollo y validación de un modelo diagnóstico de resistencia antimicrobiana por betalactamasas de espectro extendido en pacientes adultos con infección urinaria adquirida en la comunidad.**

Niño S, García H, Maldonado N, Biojó J, Velásquez P, Ospina R, Manjarres M, González F, Grupo de investigaciones GRAEPIC Universidad de Antioquia, Laboratorio Médico Referencia, Clínica Esimed Medellín, Mindlab, Universidad Nacional de Colombia. [sfnesp@gmail.com](mailto:sfnesp@gmail.com)

**Introducción.** La resistencia por betalactamasas de espectro extendido aumenta el riesgo de fracaso terapéutico en infección urinaria. Uno de los problemas cuando se presentan infecciones urinarias por enterobacterias productoras de BLEE es el tiempo requerido para el resultado del antibiograma, entre 48 y 72 horas. El presente trabajo tiene como objetivo el desarrollo de un modelo de predicción diagnóstico de resistencia antimicrobiana BLEE, en pacientes adultos con infección urinaria adquirida en la comunidad

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de corte transversal de pacientes adultos con infección urinaria de la comunidad. Para la construcción del modelo se obtuvo una muestra probabilística de una población con aislamientos BLEE de 16%, el proceso de validación externa se realizó en una población con aislamientos BLEE de 11%.

**Resultados.** El modelo con edad, sonda vesical, patología urológica, y número de ciclos antibióticos presentó un área bajo la curva ROC de 0.85 y buena calibración por test de Hosmer Lemeshow. Al realizar la validación externa se encontró como la regresión logística reporto una sensibilidad de 41%, especificidad de 94%, valor predictivo positivo de 50% y una razón de verosimilitud positiva de 7 al aplicar la regresión LASSO la sensibilidad disminuyó a 30% sin embargo la especificidad mejoró a un 97%, el valor predictivo positivo mejoró a 57% y la razón de verosimilitud positiva aumento a 10

**Conclusiones.** El modelo de regresión LASSO con penalización ajustada a prevalencia optimiza el rendimiento diagnóstico de un modelo predictivo de resistencia BLEE en enterobacterias causantes de infección urinaria de la comunidad.

**VIROLOGIA**

**253. Co-Circulación y Co-Infección Dengue-Zika en el departamento de Córdoba, 2015-2016.**

Avilés P, Ricardo D, Gomez L, Tovar, C. Universidad del Sinú. [paula.aviles09@gmail.com](mailto:paula.aviles09@gmail.com)

**Introducción.** En 2015 en Colombia circularon de forma concomitante ZIKV y los serotipos de DENV, incrementando el potencial de infecciones simultáneas e infecciones por más de un serotipo. El departamento de Córdoba es una región altamente endémica para Dengue y aportó una alta carga de enfermedad durante la epidemia de Zika, hasta la fecha, no presenta registros de casos confirmados de Zika ni de la dinámica de circulación de los serotipos de DENV. El objetivo de este trabajo fue describir la dinámica de circulación del virus Dengue (DENV) y virus Zika (ZIKV) en Córdoba-Colombia entre 2015 y 2016.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo prospectivo, muestreo por conveniencia de pacientes con sospecha clínica de Dengue y Zika, a partir de muestras de suero se realizó cultivo en células C6/36 y confirmación DENV (serotipos) y ZIKV por RT-PCR.



**Resultados.** De 863 muestras, 26,9% fueron DENV, 5,3% ZIKV y 1,4% coinfección DENV/ZIKV. El serotipo predominante fue DENV-2 (87%) y en menor proporción DENV-1 (2%), DENV-3 (9,1%) y DENV-4 (2%); 2,9% de casos presentaron coinfección por dos serotipos. En agosto de 2015 se detecta por primera vez ZIKV en Córdoba como coinfección con DENV-2. ZIKV, DENV-2 y DENV-3 se detectaron de forma constante, DENV-1 y DENV-4 fueron intermitentes.

**Conclusiones.** Se confirma la circulación simultánea de ZIKV y los cuatro serotipos del DENV, con predominio de DENV-2, en Córdoba-Colombia. La vigilancia serológica genera un flujo de información importante sobre la cual se pueden diseñar estrategias de prevención.

**254. Análisis de secuencias de la región terminal 5' no codificante de Pegivirus humano tipo 1 detectado en individuos infectados con el virus de la inmunodeficiencia humana en Suramérica.**

Villarreal A, Cortes F, Arroyave J, Ospina M, ITM, Universidad de Antioquia. [andy.kas15@gmail.com](mailto:andy.kas15@gmail.com)

**Introducción.** Estudios previos han sugerido que la coinfección por Pegivirus humano tipo 1 (HPgV-1) es un factor protector para los pacientes infectados por el HIV. El objetivo fue determinar la presencia de sustituciones en la región 5' UTR de HPgV-1 en poblaciones infectadas por el HIV.

**Materiales y métodos.** Se incluyeron 268 secuencias del virus HPgV de donantes de sangre y pacientes infectados con HIV, pertenecientes a 5 países sudamericanos. Las secuencias obtenidas de Genbank correspondieron a los genotipos 1(16), 2a(91), 2b(112), y 3(49). Para cada genotipo se generó un consenso de HPgV-1 de monoinfectados, el cual se comparó con las secuencias 5'UTR de individuos coinfectados HPgV/HIV. Para el alineamiento de secuencias se utilizó Bioedit v7.0.5. Para el análisis estadístico se utilizó SPSS Windows-v25.0/2018

**Resultados.** La distribución de frecuencia de las sustituciones es diferente en cada genotipo de HPgV-1 en coinfectados ( $P=0,018$ ), el genotipo 1 tuvo la frecuencia de sustituciones más baja. El 34,4% de las secuencias del genotipo 3 no presentaron mutaciones. Los genotipos 1 y 2a de HPgV en coinfectados no presentaron deleciones en sus secuencias. La inserción: ins-293G estuvo presente en los genotipos 2a, 2b y 3. El porcentaje de transiciones fue más alto que el de las transversiones en los genotipos 1,2a, 2b. Siendo la transición Guanina a Adenina (G-A), las más común en el genotipo 1.

**Conclusiones.** Este trabajo corresponde al primer análisis de variabilidad genómica en nuestra región. Se necesitan estudios adicionales para determinar el significado biológico de los hallazgos. Grant P14225, dirección de Investigaciones, ITM.

**255. Detección, genotipificación y cultivo viral de HCMV a partir de saliva de receptores de trasplante.**

Bohorquez-Avila S, Camacho S, Castellanos J, Universidad Nacional de Colombia, Universidad El Bosque. [spbohorqueza@unal.edu.co](mailto:spbohorqueza@unal.edu.co)

**Introducción.** El Citomegalovirus Humano (HCMV) del cual existen cinco genotipos, es causante importante de complicaciones en receptores de trasplante de precursores hematopoyéticos. Se ha reportado que el aislamiento del HCMV es dispendioso por lo que poco se usa como método de diagnóstico. El objetivo de este trabajo fue detectar, genotipificar y hacer aislamiento viral a partir de muestras de saliva.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo sobre 20 pacientes receptores de trasplante de precursores hematopoyéticos del Hospital de la Misericordia; se tomaron muestras de saliva semanalmente.

**Resultados.** Se obtuvieron 105 muestras de saliva, 29 resultaron positivas por PCR para HCMV. En 12 de los 20 pacientes, al menos una muestra resultó positiva. La genotipificación se logró por PCR anidada, encontrando principalmente los genotipos 1 y 4, en coinfección. Las 105 muestras de saliva fueron inoculadas en células MRC-5 utilizando la técnica de Shell vial y observando efecto citopático en 61 de ellas, de las cuales 20 resultaron positivas para HCMV por PCR. De las 29 muestras positivas en saliva para HCMV, 11 también fueron positivas en los respectivos cultivos. En las muestras de tres pacientes previamente negativos para HCMV en saliva, se encontró un resultado positivo por PCR en el cultivo.

**Conclusiones.** La detección y genotipificación del Citomegalovirus en saliva puede contribuir en el diagnóstico y monitoreo de la infección/reactivación en receptores de trasplante y el cultivo viral a partir de muestras de saliva es posible y con resultados confiables para confirmar el diagnóstico.

**256. Evaluación del desempeño de diferentes pruebas de diagnóstico rápido para NS1.**

Castellanos J, Castro L, Coronel-Ruiz C, Calderon M, Porras A, Velandia-Romero M, Grupo de Virología; Universidad El Bosque. Bogotá; Colombia, Medicina Comunitaria. Facultad de Medicina. Universidad El Bosque; Bogotá; Colombia. [castellanosjaime@unbosque.edu.co](mailto:castellanosjaime@unbosque.edu.co)

**Introducción.** La proteína no estructural 1 (NS1) del virus dengue (DENV) se utiliza para diagnóstico temprano de la enfermedad, sin embargo, las pruebas disponibles poseen sensibilidad y especificidad variables. Este trabajo se propuso evaluar la sensibilidad y especificidad de dos pruebas de diagnóstico rápido (PDR) de dos generaciones y fabricantes diferentes para la detección del antígeno NS1 de DENV.

**Materiales y métodos.** El suero de 62 pacientes confirmados para dengue por serología y RT-PCR y colectados entre 2013 y 2015, fueron procesados utilizando diferentes PDR: Dengue Duo y Dengue Early Rapid (Panbio/Alere) y las PDR Dengue IgG/IgM y Dengue NS1 Ag de SD-Bioline. Se realizó el análisis considerando la prueba de ELISA para NS1 como gold-standard para las comparaciones.

**Resultados.** De las 62 muestras incluidas, el porcentaje de positivas para las ELISAS de IgM, IgG y NS1 fue 85,5%, 74,2% y 53,2% respectivamente. En la evaluación realizada con los kits SD y Panbio se encontró que la positividad fue IgM 87,1%, IgG 87,1%, NS1 (SD-Bioline) 43,5%, y NS1 (Panbio) 43,5%. La sensibilidad y especificidad observada para la PDR de NS1 (Primera generación) fue de 88,6% y 92,3% respectivamente. La PDR de NS1 (SD-Bioline) y la PDR de Panbio (segunda generación) tuvieron cifras similares de sensibilidad y especificidad (respectivamente 70,3% y 96%).

**Conclusiones.** El comportamiento de las diferentes marcas fue similar, aunque los resultados muestran una menor sensibilidad de la PDR de NS1 de segunda generación. Se recomienda combinar las pruebas de anticuerpos y de antígenos para potenciar el proceso de confirmación de casos de dengue

**257. Establishment of Colombian dengue virus strains from all the four serotypes and in vitro characterization using human liver cells.**

Gutierrez H, Castañeda N, Castellanos J, Universidad el Bosque. [hgutierrez49@gmail.com](mailto:hgutierrez49@gmail.com)

**Introducción.** Dengue infections are still a major public health problem in Colombia. Our aim was to establish, characterize and evaluate the pathogenicity of representative virus strains of circulating DENV serotypes in Colombia on human liver cells (Huh-7).

**Materiales y métodos.** Viral isolation by direct inoculation on mosquito cells was performed using sera of 32 dengue confirmed patients. Serotyping was carried by RT-PCR and by immunofluorescence. Positive isolates were propagated in C636-HT and titrated by plaque forming assays in BHK-21 cells. The pathogenicity of three strains for each serotype in Huh-7 cells was evaluated after infection at MOI:0.5. Infection percentages of each strain were obtained by flow cytometry and cytopathic effect was quantitated using a MTT assay at 72 hours post infection.

**Resultados.** Viral isolation was successful in 53.1% of serum samples (six DENV-1; three DENV-2; three DENV-3 and three DENV-4). Additionally, it was possible to detect and isolate two natural co-infection with DENV-1/4. All the established serotype strains formed plaques only when was used pH-specific overlay medium. The immunofluorescence staining showed specific serotype reactivity with a perinuclear distribution pattern of the viral antigen. Using a MOI:0.5, we found 15.2-16.3% percentage ranges for DENV-1; 13.7-24.0% for DENV-2, 20.0-35.9% for DENV-3 and 14.1-56.6% for DENV-4. Virus infection produced different values of cell viability loss (11.4 to 37.1%) in Huh-7 cells according the serotype/strain inoculated.

**Conclusiones.** We achieved the isolation and successfully propagation of 17 DENV strains representing all four Colombian serotypes. Infection Huh-7 proportion showed to be strain but not serotype-dependent.

**258. Actividad antiviral In vitro de compuestos de tipo alcaloide contra la infección por Virus Chikungunya.**

Zapata-Cardona M, Monsalve-Escudero L, Quintero-Gil C, Pájaro Y, Robledo S, Diaz-Castillo F, Pulido S, Martinez-Gutierrez M, Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET, Universidad de Antioquia, Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA, Universidad Cooperativa de Colombia, Laboratorio de Investigaciones Fitoquímicas y Farmacológicas de la Universidad de Cartagena (LIFUC). [marlen.martinezg@campusucc.edu.co](mailto:marlen.martinezg@campusucc.edu.co)

**Introducción.** El virus Chikungunya (CHIKV) es transmitido por vectores del género Aedes. No existe un tratamiento antiviral específico frente a la infección producida por él, por lo que es necesaria la identificación de antivirales potenciales. El objetivo fue evaluar la actividad antiviral *In vitro* de compuestos de tipo alcaloideo contra la infección viral.

**Materiales y métodos.** La toxicidad de dos compuestos (YP-K002 y YP-I-4A1) fue evaluada en células VERO por la técnica de MTT (1.6 a 100 µg/mL). Con una concentración no citotóxica (3.2 y para YP-K002 y 12.5 para YP-I-4A1) se realizó un screening antiviral por 48 horas (tratamientos antes, durante y después de la infección viral). Las infecciones se realizaron con el aislado clínico CHIKV-ACol (MOI: 5). El efecto antiviral fue evaluado por la cuantificación de copias genómicas virales por RTqPCR (para lo cual se construyeron plásmidos con el gen NSP1). Como control positivo de inhibición se usó Suramina y las diferencias estadísticas se identificaron por t-Student. Adicionalmente se evaluó la posible interacción de los compuestos con la proteína E mediante docking molecular.

**Resultados.** Los porcentajes de inhibición fueron 67.7% y 71.7% para YP-K002 y YP-I-4A1, respectivamente siendo ambas inhibiciones estadísticamente significativas. El porcentaje de inhibición del control positivo fue del 99.9%. Finalmente, la proteína de envoltura de CHIKV (PDB: 3N44) interactuó con una energía de unión de -7.5 para YP-K002 y de -7.3 Kcal/mol para YP-I-4A1.

**Conclusiones.** Se identificó el potencial antiviral contra CHIKV de los compuestos YP-K002 (Voacangina hydroxyindolenina) y YP-I-4A1 (Rupicolina). COLCIENCIAS No. 123171249665. DINAI 1884.

## TRABAJOS COMPLETOS

### INFECTOLOGÍA ADULTOS

#### 259. Prevalencia de Enterobacterias resistentes a carbapenémicos en pacientes postrasplante hepático en la Fundación Santa Fe de Bogota desde 2010 hasta 2016.

Guevara F, Salamanca O, Torres A, Barreto C, Vera A, Leal A, Fundación Santa Fe, Universidad El Bosque, Universidad El Rosario. [anamatorres@gmail.com](mailto:anamatorres@gmail.com)

**Introducción.** Las infecciones pos trasplante hepático son la primera causa de mortalidad en estos pacientes, y el número creciente de gérmenes multirresistentes aumenta aun más el riesgo de falla en el tratamiento, por eso conocer la prevalencia de infección por enterobacterias resistentes a carbapenémicos y los factores asociados a mortalidad es importante para mejorar en el tratamiento antibiótico e intentar impactar en la morbimortalidad de estos pacientes

**Materiales y métodos.** Es un estudio retrospectivo transversal descriptivo unicentrico; evaluándose todos los pacientes que fueron sometidos a trasplante hepático que presentaron infección por enterobacterias resistentes a carbapenémicos durante el periodo comprendido entre los años 2010 a 2016. El objetivo principal es determinar la prevalencia de las enterobacterias resistentes a carbapenémicos, y definir factores de riesgo asociados con la mortalidad en este grupo de pacientes.

**Resultados.** La prevalencia de la infección por Enterobacterias fue de 4,6 casos por cada 100 pacientes trasplantados, y con una mortalidad estimada en 38.4% relacionándose como factores de riesgo asociados a este tipo de infección: el nivel de transaminasas y el recuento de linfocitos, a diferencia de otros estudios en los que el tiempo de hospitalización y la ventilación mecánica fueron factores relacionados con aumento en la mortalidad.

**Conclusiones.** La prevalencia de la infección por enterobacterias resistente a carbapenémicos es similar a la reportada en otros estudios, con una mortalidad mayor, la mortalidad en este grupo de pacientes estuvo asociada a presentar la infección durante el primer año, niveles elevados de transaminasas al momento ingreso y linfopenia.

#### 260. Conocimientos y prácticas en prevención de dengue en ciudad afectada por epidemia del dengue post fenómeno de El niño costero, Perú 2018.

Niño-Effio B, Yong-Cadena H, Díaz-Vélez C, Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo, Hospital Nacional Almonzor Aguinaga Asenjo. [cristiandiazv@hotmail.com](mailto:cristiandiazv@hotmail.com)

**Introducción.** Describir los conocimientos y prácticas sobre las medidas preventivas de dengue en los pobladores de ciudad afectada por epidemia del dengue post fenómeno de El niño costero, Perú 2018.

**Materiales y métodos.** estudio transversal, recolectando información mediante entrevista usando 2 cuestionarios validados. La muestra se obtuvo con nivel de confianza del 95%, proporción esperada 29,1%, precisión de 4.5%, y población de 8210 casas; resultando una muestra de 375

**Resultados.** población principalmente por mujeres (73,7%), edad promedio de 42,5 años, 41,8% secundaria completa, 54,5% amas de casa. El medio de obtención de información más frecuente fue el Centro de salud (48,7%). El 21,1% manifestaron conocer la enfermedad, 75% conocen la transmisión por zancudo y 86,1% saben que el zancudo se reproduce en aguas estancadas. Además 69,2% reconocen los síntomas de la enfermedad. El 9,7% conocen medidas para eliminar criaderos, mientras el 20,5% reconocieron medidas para evitar ser picado por el mosquito. El 83,2% manifestaron conocer el abate y su uso. Los síntomas más identificados por la población fueron fiebre, dolor de cabeza, dolor de huesos y/o articulaciones y dolor muscular.

**Conclusiones.** Los conocimientos en prevención de dengue fueron escasos y las prácticas evaluadas fueron insuficientes en la población de Tumán.

#### 261. Lactato como predictor de mortalidad en pacientes con virus de inmunodeficiencia humana adquirida que ingresan a la unidad de cuidado intensivo del Hospital Santa Clara.

Lucero S, Pulido J, Vergara E, Universidad El Bosque, Hospital Santa Clara. [slucero@gmail.com](mailto:slucero@gmail.com)

**Introducción.** La infección por el Virus de Inmunodeficiencia Humana (VIH) representa un problema de salud pública, entre los principales motivos de admisión a la unidad de cuidados intensivos (UCI) descritos en la literatura en pacientes con síndrome de inmunodeficiencia adquirida son: la insuficiencia respiratoria con posterior uso de ventilación mecánica, choque séptico y Síndrome de distrés respiratorio agudo. El lactato en paciente séptico es un importante factor pronóstico de mortalidad, por ejemplo, en el 2008 en Uganda se realizó un estudio prospectivo en pacientes con VIH-1 en donde se midieron ambulatoriamente los niveles de lactato, los cuales se asociaron con peores desenlaces; en nuestro país no contamos con observaciones similares, por lo que en nuestro estudio evaluamos la relación de la mortalidad y los niveles de lactato en pacientes con VIH ingresados a la UCI, destacado el lactato como marcador pronóstico.

**Materiales y métodos.** Estudio descriptivo unicéntrico entre el enero del 2014 y enero del 2017. Se realizaron análisis univariados y multivariados para identificar factores asociados a muerte y se hizo seguimiento hasta la muerte o el alta de la Unidad de Cuidado Intensivo

**Resultados.** Se recolectaron 109 pacientes ingresados a UCI. La ventilación mecánica, el soporte vasopresor, la criptococosis y el soporte transfusional se asociaron a mortalidad, sin evidencia de una diferencia significativa en los niveles de lactato mayores a 2 mmol/L, aunque evidenciamos que la tendencia del lactato fue mayor en los pacientes que murieron

**Conclusiones.** No hubo una diferencia significativa en los niveles de lactato entre los pacientes que murieron y los que no.

### INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA

#### 262. Efecto de una intervención educativa audiovisual en la identificación de signos de alarma en infecciones respiratorias agudas por cuidadores de niños menores de 5 años, Lambayeque, Perú.

Morante-Villalobos C, Díaz-Vélez C, Dávila-Ó, Postigo- J, Universidad de San Martín de Porres, Hospital Nacional Almonzor Aguinaga Asenjo. Hospital Regional Lambayeque. Hospital Provincial Docente Belén de Lambayeque. [cristiandiazv@hotmail.com](mailto:cristiandiazv@hotmail.com)

**Introducción.** Medir el efecto de una intervención educativa audiovisual en la identificación de signos de alarma en Infecciones Respiratorias Agudas (IRAS) por cuidadores de niños menores de 5 años

**Materiales y métodos.** Estudio longitudinal, prospectivo, experimental; realizado con una muestra de 50 cuidadores de niños entre 2 meses y 4 años que asistieron al Centro de Salud de Mórrope. La intervención educativa consistió en la proyección de un video basado en la estrategia AIEPI (Atención Integral de Enfermedades Prevalentes de la Infancia) desarrollado por la Organización Mundial de la Salud (OMS) y Fondo de las Naciones Unidas para la Infancia (UNICEF), la medición del nivel de conocimientos pre y post-

intervención se obtuvo mediante entrevista, previo consentimiento informado. El análisis estadístico se realizó mediante comparación de proporciones emparejadas, utilizando la prueba de Mc Nemar, al 95% de confiabilidad, con nivel de significancia de  $p < 0,05$ .

**Resultados.** El 90% fueron mujeres, 88% madres, y el grado de instrucción más frecuente fue nivel primario. Los cinco signos de alarma mejoraron en su identificación. El efecto de la intervención educativa, incrementó en un 45% (34,74- 55,25 IC 95%). El signo de alarma taquipnea tiene el mayor porcentaje de efecto tras la intervención con un 66% seguido de tiraje 58% y ruidos agregados 50%; observándose un menor efecto es no bebe con un 24%.

**Conclusiones.** El efecto de la intervención educativa, incrementó el nivel de conocimiento de signos de alarma en IRAS en cuidadores de niños menores de 5 años en el distrito de Mórrope.

### 263. Complicaciones neurológicas en niños con dengue grave en Huila, Colombia.

Esteban P, Panqueba-Salgado J, Benavides-del-Castillo D, Pastrana V, Salgado D, Narváez C, Camacho S, Calvo E, Velandia-Romero M, Castellanos J, Semillero de Investigación ViroLogic; Facultad de Medicina; Universidad El Bosque, Grupo de Parasitología y Medicina Tropical; Universidad Surcolombiana; Neiva; Colombia, Grupo de Virología; Universidad El Bosque. Bogotá; Colombia. castellanosjaime@unbosque.edu.co

**Introducción.** La enfermedad grave por dengue se diagnostica por fuga plasmática severa, hemorragias, o afectación grave del hígado, cerebro o corazón. Colombia es un país hiperendémico con cifras sostenidas de transmisión y enfermedad, sobre todo en menores de 15 años. El objetivo de este trabajo es describir la enfermedad neurológica asociada a dengue en niños del Huila

**Materiales y métodos.** Se estudiaron retrospectivamente 11 pacientes pediátricos con signos de enfermedad febril compatible con dengue y con signos neurológicos que consultaron al Hospital Universitario de Neiva entre marzo de 2011 y julio de 2012. Además de los laboratorios de rutina, se analizaron la citoquímica de LCR y las imágenes diagnósticas para documentar los casos. La infección por dengue se confirmó por serología de IgM e IgG y RT-PCR

**Resultados.** Se detectó RNA viral en todos los sueros, aunque solo se tipificó DENV-1 en tres, nueve fueron infecciones primarias (IgM positivos). Convulsiones tónico-clónicas (73%), alteración del estado de conciencia (27%), irritabilidad (27%) y ataxia (18%) fueron los signos neurológicos más frecuentes. En ninguno se presentó fuga plasmática, choque o compromiso hepático, confirmando el diagnóstico de encefalitis viral. En las 8 TAC, 3 radiografías de tórax y una resonancia analizadas no hubo hallazgos anormales; tampoco se evidenció infección bacteriana o fúngica en el LCR. Ninguno de los individuos falleció.

**Conclusiones.** Se describe por primera vez en Colombia que los signos neurológicos pueden aparecer como parte de la enfermedad grave por dengue, por lo que debe ser incluido dentro de los diagnósticos diferenciales en pacientes con clínica neurológica.

### MICOBACTERIAS

### 264. GeneXpert-MTB/RIF Assay versus Conventional Drug-Susceptibility Test in detecting rifampicin-resistant tuberculosis.

García-Goez J, Pacheco R, Martínez L, Toala A, Pino J, Fundación Valle del Lili- Universidad ICESI. jofergarcia@gmail.com

**Introducción.** Tuberculosis (TB) remains a major global health problem. During 2016 there were 490.000 million cases of multidrug-resistant TB (MDR-TB) and 110.000 rifampin-resistant-TB cases. In the clinical management, accurate detection of MDR-TB is essential. Mycobacterial culture and culture-based phenotypic drug susceptibility (DST) are the reference standard diagnostic test; however, it is time-consuming and may fail to detect low-level drug-resistant strains. Molecular techniques such as GeneXpert-MTB/RIF assay are capable to directly detect the Mycobacterium and the drug resistance with high accuracy, improve efficiency and high sensitivity and specificity (95%, 98%). We aim to quantify the agreement between GeneXpert-MTB/RIF assay and DST in detecting rifampicin-resistant-TB.

**Materiales y métodos.** We conducted a diagnostic performance study. The data was collected retrospectively from de TB database between 2000

-2017. We included patients of all ages with GeneXpert MTB/RIF assay and DST results of the same sample. To quantify agreement between the two tests, Kappa coefficient was calculated and analysed with Landis and Koch scale.

**Resultados.** A total of seventy-seven patients were included. Comparing GeneXpert MTB/RIF assay with DST as the gold standard, we found a sensitivity of 97%(89,6-99,2), and specificity of 45%(21,3-72). The positive-predictive-value was 91%(82,5-96) and the negative-predictive-value was 71%(35,9-91,8). The Cohen's Kappa coefficient was 0,5(0,3-23230,7).

**Conclusiones.** The GeneXpert-MTB/RIF assay in our study demonstrates high sensitivity and positive-predictive-value but low specificity. This test can identify true positive patients in places with high TB transmission. The concordance between GeneXpert-MTB/RIF and DST was moderate.

### EPIDEMIOLOGÍA HOSPITALARIA, INFECCIONES INTRAHOSPITALARIAS Y CONTROL DE INFECCIÓN

### 265. Análisis de la letalidad por dengue en dos hospitales del Seguro Social durante el Fenómeno de El Niño Costero en la costa norte del Perú, 2017.

Burga J, Campos L, Díaz-Vélez C, Medrano-Velásquez O, Soto-Cáceres V, Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo, Hospital Nacional Almanzor Aguinaga Asenjo, Hospital EsSalud Cayetano Heredia, Hospital Regional Lambayeque. cristiandiazv@hotmail.com

**Introducción.** Analizar la letalidad por dengue en dos hospitales del Seguro Social en la costa norte del Perú, 2017.

**Materiales y métodos.** estudio descriptivo retrospectivo, con población conformada por 36 casos letales de dengue, confirmados por prueba de laboratorio o nexa epidemiológico, durante el 2017, realizándose revisión de expedientes clínicos; y entrevista a familiares directos.

**Resultados.** la mayoría perteneció a Piura (80,6%), el 55,6% fueron varones, 61,1% mayores de 60 año y sólo el 16,7% presentó dengue previo. El dolor abdominal, derrame seroso y alteración del sensorio fueron los signos de alarma más frecuentes. El 58,3% presentaron condiciones de riesgo asociado, siendo la hipertensión arterial más frecuente. La mayoría (86,1%) cursó con por lo menos un criterio de dengue grave, siendo el daño orgánico (61,3%) más frecuente. La hidratación y manejo con paracetamol, en más del 60% no se realizaron siguiendo las guías de práctica clínica vigentes. Con las demoras en el proceso de atención, la primera cursó con mayor presencia (mayor al 50%).

**Conclusiones.** la mayoría de casos fueron > 60 años y existe un déficit en la aplicación de estrategias preventivo-promocionales en la población, también en el manejo hospitalario de casos según guías de práctica clínica vigentes.

### FARMACOECONOMÍA

### 266. Costos asociados a la infección de vías urinarias en población adulta causada por microorganismos productores de betalactamasa de espectro extendido en Hospital Militar Central, Bogotá.

Bravo J, Espinal A, Gómez C, Uscategui A, Pescador L, Hospital Militar Central. jbravojeda@gmail.com

**Introducción.** En las últimas décadas ha sido relevante la aparición de cepas de bacterias multi-resistentes haciendo necesario el uso de antibióticos de amplio espectro. A la fecha no existe descripción de costos generados por infección de vías urinarias (IVU) por microorganismos productores de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) en población usuaria del subsistema de salud de las Fuerzas Militares. (FF.MM)

**Materiales y métodos.** Se realizó estudio de análisis de costos. El objetivo principal era determinar los costos médicos directos desde el punto de vista del sistema de salud de FF.MM de hospitalización por IVU en población adulta causadas por microorganismos BLEE en período comprendido entre enero 2012 y diciembre de 2015.

**Resultados.** El promedio de edad en la población fue  $62.7 \pm 19.3$  años. La proporción de pacientes con IVU severa fue 45.9% (68/148). La estancia por año tuvo una tendencia al aumento en especial en los dos últimos años del estudio. El costo total promedio de las pruebas diagnósticas fue de \$887.750  $\pm$  418.700 COP (USD 306  $\pm$  144,37). El costo promedio anual de las intervencio-

nes terapéuticas para el tratamiento de IVU fue \$4.148.487 pesos (USD 1430). El costo de promedio/día de los antibióticos utilizados para el tratamiento de IVU fue 135.606 ± 240.741 COP (USD 46,76 - 83,01).

**Conclusiones.** Es evidente la necesidad de estudios en población de FF.MM de Colombia que permitan establecer factores de riesgo y estrategias diagnósticas tempranas para implementarse en guías institucionales con el fin de reducir el costo asociado al diagnóstico y tratamiento de IVU adquirida en la comunidad.

#### INFECCIÓN POR VIH-SIDA

##### 267. Violencia de pareja en la mujer que vive con VIH y que es atendida en un programa de atención integral en VIH en Bogotá. Fase I, 2017.

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

**Introducción.** En el contexto de violencia en VIH están implicadas consecuencias en todos los ámbitos para la mujer, que incluyen la pérdida de apoyo, rechazo social, abandono, violación de confidencialidad, y aumento en el estigma a la persona diagnosticada. En Colombia no hay datos que exploren esta situación en el ámbito cultural propio del país.

**Materiales y métodos.** Diseño analítico transversal que identificó las características que componen la violencia contra la mujer con VIH en la ciudad de Bogotá.

**Resultados.** De las 223 mujeres encuestadas, el 33,6% [IC95% 27-40%] presentaron violencia de pareja de cualquier tipo, física o no física; solo violencia física 21,9% [IC95% 16-27%], y violencia no física 31,8% [IC 95% 26-38%]. Para la violencia de pareja no física se encontró dependencia con ser mujeres separadas o en unión libre (32,4 y 28,2%, p<0,001), con una composición familiar nuclear(42,3% p=0,041), o si la mujer tenía un aporte económico de 100% en el hogar (33,8% p=0,001). Mientras que la violencia física se informa como más frecuente en mujeres separadas (46,9% p<0,001), en parejas con hijos (89,8% p=0,042), familia monoparental (49% p<0,001), en mujeres que se encuentran sin pareja (42,9% p=0,013), y con aporte económico en el hogar del 100%(38,8% p=0,001).

**Conclusiones.** Este es el primer estudio latinoamericano que define la violencia de pareja en la mujer con VIH en un horizonte temporal, estudios en la región definen prevalencias del 37.3 al 59.8% a lo largo de la vida, siendo en nuestra muestra del 33,6%, similar a las poblaciones donde la prevalencia de VIH es mayor que la de nuestro país.

##### 268. Loss of T-cell multifunctionality and TCR-Vβ repertoire against EBV associates with worse prognosis-clinical parameters in HIV+ patients.

Hernández D, Valderrama S, Gualtero S, Hernández C, López M, Herrera M, Solano J, Fiorentino S, Quijano S,  
Pontificia Universidad Javeriana, Hospital Universitario San Ignacio.  
sandra.valderrama@gmail.com

**Introducción.** The Epstein - Barr virus (EBV) is an oncogenic virus associated with the development of aggressive and poor prognosis B-cell lymphomas in patients carrying the Human Immunodeficiency Virus (HIV+ patients).

**Materiales y métodos.** The aim of this study was to evaluate *in vitro* the frequency, phenotype, functionality, and distribution of TCR clonotypes for EBV-specific T-cell subpopulations (naïve, memory, effector) in 56 HIV+ patients at different clinical stages of disease and 6 HIV+ patients with B-cell lymphoma, and to evaluate their association with clinical variables of prognostic value.

**Resultados.** A significant decrease was observed in all subpopulations of EBV-specific CD4+ T cells from HIV+ patients at stage 3 and with B-cell lymphoma. EBV-specific effector CD8+ T cells, particularly effector memory cells, were also reduced in HIV+ patients with B-cell lymphoma. Furthermore, in all HIV+ patients, these cells were unable to produce IFN-γ and lacked multifunctionality. The TCR-Vβ repertoire, important in protection against EBV in healthy individuals, was less diverse in HIV+ patients; this was due to a lower frequency of TCR-Vβ2+, Vβ4+, Vβ7.1+, Vβ9+, Vβ13.6+, Vβ14+, Vβ17+, and Vβ22+ CD4+, and Vβ14+ and Vβ17+ CD8+ T cells. HIV+ patients with a positive plasma EBV load (EBV+HIV+) had a significant decrease in TNF-α+ and multifunctional TNF-α+/IL-2+ and TNF-α+/IFN-γ+ CD8+ T cells.

**Conclusiones.** All these findings suggest that HIV+ patients have significant alterations in the immune response to EBV (a poor-quality immunity) that can favor the viral reactivation, increasing this way the risk for developing EBV-associated B-cell lymphomas.

##### 269. Prevalencia y tipo de mutaciones presentes en pacientes VIH-1(+) con resistencia a inhibidores de integrasa en dos centros de Bogotá, Colombia.

León S, Sussmann O,  
ACAC, MSD. leon\_sebastian@hotmail.com

**Introducción.** No existe información epidemiológica en Colombia acerca del poco pero creciente inicio de la presencia de resistencia a inhibidores de integrasa en pacientes con VIH-1. Datos internacionales reportan las primeras cifras de resistencia a este grupo de medicamentos.

**Materiales y métodos.** Conocer la prevalencia y tipo de mutaciones a inhibidores de integrasa en pacientes con genotipo de resistencia en dos instituciones de VIH en Bogotá, Colombia

**Resultados.** Se recolectaron 23 genotipos de resistencia para inhibidor de integrasa. La población total era de 6265 pacientes y de estos, 376 estaban con esquema acompañado de INSTI, por lo que se calculó una prevalencia de resistencia adquirida a INSTI de 4.52% (IC95%: 2.42-6.62). Las mutaciones mayores más frecuentes fueron N155H y E92Q en 6 pacientes (31.5%).

**Conclusiones.** Conclusiones: Los resultados de este estudio se comparan con la data presentada por grupos internacionales, tanto en prevalencia como en presencia de mutaciones, sin embargo el número de pacientes es reducido y es difícil extrapolarlo a la población general.

#### MICOLOGÍA

##### 270. Susceptibilidad antifúngica y virulencia de aislamiento clínicos Colombianos de *Cryptococcus neoformans*.

Vélez N, Parra-Giraldo CM, Escandón P, Gomez P,  
Instituto Nacional de Salud, Pontificia Universidad Javeriana.  
nordavelez@gmail.com

**Introducción.** Estudios han demostrado diferentes características fenotípicas relacionadas con la virulencia de *Cryptococcus neoformans*, revelando su importancia en la patogenicidad. El propósito de nuestra investigación es evaluar la relación de la susceptibilidad o resistencia a antifúngicos y la capacidad patogénica de aislamientos clínicos de *C. neoformans*

**Materiales y métodos.** Se seleccionaron 29 aislamientos clínicos de *C. neoformans* según el desenlace clínico y origen geográfico del paciente. La patogenicidad se evaluó en el modelo de *G. mellonella* se emplearon controles de alta (H99) y baja (JEC21) patogenicidad, se determinó el tamaño capsular antes y después de la inoculación, así como la capacidad fagocítica, la actividad enzimática, el tipo de pareja sexual, y micro-dilución para determinar la susceptibilidad a tres antifúngicos se siguieron las recomendaciones de CLSI.

**Resultados.** El 100% de los aislamientos fueron sensibles a anfotericina B, el 6.8% SSD (MIC≥16-32µg/ml) a fluconazol y resistentes (MIC≥4µg/ml) a voriconazol, respectivamente. La mortalidad en *G. mellonella* fue de 8 días (p<0,05); 5 aislamientos presentaron media de supervivencia de 2 y 3 días comparables con H99 (p <0,01). El promedio de fagocitosis general fue de 22% (V.max 76% y V. min 8%), el tamaño capsular después de la inoculación aumentó 2.84µm. El 97.3% de los aislamientos fueron pareja sexual alfa. La actividad enzimática fue alta en 41.3% (proteasas) y 37.9% (fenoloxidasas).

**Conclusiones.** No se encontró una característica fenotípica específica que determinara un perfil de alta o de baja patogenicidad. Los aislamientos que fueron SDD a fluconazol y resistentes a voriconazol presentaron una alta mortalidad en *G. mellonella*.

#### MICROBIOLOGÍA

##### 271. Utilidad del lactato en líquido cefalorraquídeo como biomarcador de meningitis bacteriana

Celis A, Ospina S, Becerra M,  
Hospital Universitario de San Vicente Fundación.  
aleida.celis@gmail.com

**Introducción.** La meningitis bacteriana es una enfermedad de alta letalidad y su epidemiología es variable dependiendo de la edad, del agente causal y de la presencia de ciertos factores de riesgo en cada paciente. De acuerdo

con la Organización Mundial de la Salud la meningitis bacteriana es un problema de salud pública teniendo en cuenta que es la causante de alrededor de 241.000 muertes al año en el mundo.

**Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo de corte transversal para la evaluación de una prueba diagnóstica, conformado por 103 pacientes con sospecha clínica de meningitis bacteriana y a los cuales se les solicitó: lactato, citoquímico y cultivo bacteriano en líquido cefalorraquídeo durante el año 2014. La meningitis fue clasificada como confirmada, compatible y descartada.

**Resultados.** Se incluyeron 103 pacientes, de los cuales el 69% eran hombres. La edad promedio fue de 37 años (DS  $\pm$  22). La concentración de lactato en líquido cefalorraquídeo fue mayor en los pacientes con meningitis bacteriana confirmada que en aquellos con descartada ( $p < 0,001$ ). Con un punto de corte de 4,0 mmol/L, se obtuvo una sensibilidad de 91% (95% IC 81-100%) y una especificidad de 92% (95% IC 84-99%).

**Conclusiones.** El lactato en líquido cefalorraquídeo es un biomarcador rápido, sensible y específico para el diagnóstico de meningitis bacteriana al usar 4,0 mmol/L como valor discriminante.

## RESISTENCIA BACTARIANA

### 272. In a KPC endemic region carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* infections are associated with the previous use of broad-spectrum antibiotics and a significant reduction in survival times.

Cienfuegos A, Ocampo A, Sierra P, Ramirez F, Restrepo C, Del Corral H, Jiménez JN,  
Universidad de Antioquia, IPS Universitaria.  
vanessa.cienfuegos@gmail.com

**Introducción.** This study is aimed at identifying risk factors for carbapenem-resistant *K. pneumoniae* (CRKP) infections and estimating the impact of resistance in all-cause 30-day mortality in patients in a KPC-endemic region.

**Materiales y métodos.** A prospective case-control and cohort study were conducted in one tertiary-care hospital in Medellín, Colombia from 2014-2015. In the case-control study, cases were defined as patients infected with CRKP and controls as patients infected with carbapenem-susceptible *K. pneumoniae* (CSKP). A risk factor analysis was conducted using logistic regression models. In the cohort study, the exposed group was defined as patients infected with CRKP and the non-exposed group as patients infected with CSKP. A survival analysis using accelerated-failure-time models was performed to estimate all-cause 30-day-mortality.

**Resultados.** A total of 338 patients were enrolled; 49 were infected with CRKP and 289 with CSKP. Among CRKP isolates 29/49 (59.1%) belonged to CG258. Other clones detected were ST25 (n=5) and ST307 (n=4). Risk factors for CRKP infection were previous days of meropenem (OR 1.18, 95%CI 1.10-1.28) and cefepime use (OR 1.22, 95%CI 1.03-1.49), previous use of ciprofloxacin (OR 2.37, 95%CI 1.00-5.35) and urinary catheter (OR 2.60, 95%CI 1.25-5.37). The multivariate accelerated-failure-time model showed CRKP was significantly associated to mortality (RT 0.41, 95%CI 0.22 – 0.76).

**Conclusiones.** These findings support the need to continue strict policies for antibiotic use and careful management of patients with medical devices. Our results also showed CRKP infection significantly reduces survival times. Furthermore, dissemination of recognized hypervirulent clones could add to the list of challenges for antibiotic resistance control.

### 273. Análisis proteómico cuantitativo de cepas de *E. coli* en respuesta al tratamiento con novobiocina.

Arenas N, Williamson J, Schwäemmler V, Douthwaite S,  
Universidad de Cundinamarca, University of Southern Denmark.  
nelson.arenas@gmail.com

**Introducción.** La novobiocina (NOV) es un antibiótico bacteriostático que representa una opción terapéutica para el tratamiento de infecciones con patógenos bacterianos multiresistentes. El objetivo de este estudio fue evaluar la respuesta proteómica de tres cepas de *E. coli* al tratamiento con NOV.

**Materiales y métodos.** Las cepas de *E. coli* B, AS19 y ASD19 se cultivaron aeróbicamente en medio LB a 37 °C durante una hora y fueron tratadas con NOV de acuerdo a su respectiva concentración mínima inhibitoria. Posteriormente, se identificó el proteoma de cada cepa mediante espectrometría de masas (LC-MS) usando un protocolo de marcación TMT. Los análisis se realizaron en los programas Proteome Discoverer y MASCOT contra el proteoma de referencia de *E. coli* en Uniprot.

**Resultados.** La comparación completa del proteoma de las cepas de *E. coli* control y tratadas se caracterizó por un aumento en los componentes del proteosoma, chaperonas, proteínas de choque térmico, componentes de ADN polimerasa propensos a errores, factores de hibernación ribosómicos, respuesta al choque térmico, fosforilación oxidativa, vía pentosa fosfato, ensamblaje flagelar, fosforilación oxidativa y ciclo de Krebs. Mientras que las proteínas ribosómicas, aminoacil-ARNt sintetasas, ARNasas, transportadores ABC, biosíntesis de ATP y la ruta de secreción Sec se regularon negativamente de forma significativa después del tratamiento con NOV. Las cepas de *E. coli* respondieron de manera similar al tratamiento con NOV.

**Conclusiones.** Los cambios observados en el proteoma pueden usarse para definir los puntos clave para la inducción de tolerancia y supervivencia de *E. coli* contra la presión selectiva de aminocumarinas.

### 274. Principales bacterias y patrones de resistencia en perros y gatos en el Valle de Aburrá, Antioquia.

Aguilar F, Vallejo A, Londoño J, Álzate D,  
Clínica Veterinaria Caninos y Felinos; Velódromo. Medellín.  
feranagja.mvz@gmail.com

**Introducción.** Identificar las bacterias y los patrones de resistencia frecuentes en fluidos y secreciones en enfermedades infecciosas en caninos y felinos del Valle de Aburrá.

**Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo, descriptivo, se realizó en área metropolitana de Medellín, 3 laboratorios, Test Lab, Laboratorio de la Universidad de Antioquia y laboratorio universidad CES; cultivos de 2013 al 2015, perros y gatos sin importar edad y sexo, con infecciones bacterianas.

**Resultados.** Se recopilaron 247 datos (220 perros y 27 gatos); 130 cultivos de orina con mayor crecimiento *E. coli* 38%, sensibilidad: ciprofloxacina 57%, amikacina 56% y enrofloxacina 55%, resistencia: ampicilina sulbactam 43%, igual trimetropim sulfá y amoxicilina/ácido clavulánico 41%. 89 de abscesos en piel y tejido subcutáneo, *Staphylococcus* spp 31%, sensibilidad: ampicilina sulbactam 69%, amoxicilina/ácido clavulánico 54%, resistencia: cefalexina 42%, amoxicilina/ácido clavulánico con un 25% y ampicilina sulbactam 23%. 12 de efusión abdominal con mayor crecimiento fue *E. coli* 33%, sensibilidad: amikacina 100% y gentamicina 75%; resistencia: ampicilina sulbactam 75% y enrofloxacina 50%. 13 de lavado broncoalveolar, mayor crecimiento *Staphylococcus* spp 31%, sensibilidad: ampicilina sulbactam 75%, enrofloxacina 75% y amoxicilina/ácido clavulánico 50%; resistencia: amoxicilina/ácido clavulánico 50% y doxiciclina 25%. 3 de efusión pleural: *E. coli* 33.3%. Sensibilidad: ampicilina sulbactam 100% y gentamicina 100%; resistencia: ciprofloxacina 100% y enrofloxacina 100%. 1 dato de líquido cefalorraquídeo con *Staphylococcus* spp 100%. Sensibilidad: ampicilina sulbactam, enrofloxacina y trimetropim sulfá y resistencia: tetraciclina 100%.

**Conclusiones.** Hay información para terapia empírica, pero hay que cultivar. El uso desmedido de ampicilina sulbactam aumenta su ineficacia.

### 275. Factores asociados a la presencia de patógenos productores de betalactamasas de espectro extendido en infecciones urinarias en una clínica privada, Lima, Perú.

Remenik-Zarauz V, Diaz-Velez C, Apolaya M,  
Universidad San Martín de Porres; Lima Perú (USMP). Centro de Investigación en Epidemiología Clínica y Medicina Basada en Evidencias.  
moises.apolaya@gmail.com

**Introducción.** Las infecciones del tracto urinario (ITU) son el segundo motivo más frecuente de atención médica y la resistencia a los antibióticos entre las Enterobacterias Gram-negativas ha aumentado de manera importante en todo el mundo; destacado por la aparición de organismos productores de betalactamasas de espectro extendido (BLEE).

**Materiales y métodos.** Se realizó estudio trasversal analítico, analizando la base de datos de urocultivos de una clínica privada, evaluando factores posiblemente asociados a la presentación de ITU por microorganismo BLEE, como el sexo, la edad, el número de hospitalizaciones e ITU previas.

**Resultados.** Se estudió a 1405 urocultivos positivos, encontrado que el 85,48% fueron de sexo femenino. La edad media de la población fue de 39,98  $\pm$  24,51 años, 24,13% de edad mayor a 60 años, 55,56% habían sido atendidos ambulatoriamente. El 49,18% de los cultivos fue positivo para ITU BLEE, de los cuales 96,58% no habían presentado una ITU previa. Se encontró que existe asociación estadísticamente significativa (0,007;  $p \leq 0,05$ ) entre el sexo y el desarrollo de ITU por microorganismo productor de BLEE, siendo el masculino el

de mayor asociación (OR 1,224; IC 95%; 1,035-1,448). Además, tanto la edad como el número de hospitalizaciones previas, y haber estado en UCI también mostraron asociación. No se encontró asociación entre la presencia de ITU previas. **Conclusiones.** Existe una elevada frecuencia de ITU BLEE y los factores asociados a infección por ITU BLEE fueron el sexo masculino, edad > 60 años y hospitalización previas.

**276. Perfil microbiológico y prevalencia de Infecciones Urinarias en gestantes en Clínica privada de Perú.**

Quiros A, Apolaya M,  
Universidad San Martín de Porres; Lima Perú (USMP). Centro de Investigación en Epidemiología Clínica y Medicina Basada en Evidencias; USMP. moises.apolaya@gmail.com

**Introducción.** La incidencia de ITU en las gestantes es solo un poco más alta que en las mujeres no embarazadas, sus consecuencias, tanto para la madre como para el feto, son graves. Existe un riesgo mucho mayor, de hasta 40%, de progresión a la pielonefritis, y posiblemente un mayor riesgo de pre-eclampsia, nacimiento prematuro y bajo peso neonatal al nacer

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional transversal analítico, en mujeres tuvieron su parto en una clínica privada durante enero del 2016 a diciembre del 2017. Se consideró como criterio de inclusión a quienes tuvieron al menos 06 atenciones prenatales en la Clínica. Se obtuvo resultados de urocultivos y su resistencia antibiótica respectiva. Se hallaron medidas de tendencia central como promedios, desviación estándar y frecuencias.

**Resultados.** De las 1869 gestantes que culminaron su parto en la clínica, 1455 cumplieron criterios de selección. Se encontró 108 pacientes (7.42%) tuvieron ITU con urocultivo positivo. De los microorganismos aislados en el que tuvo mayor frecuencia de aparición fue el *Escherichia coli* con 70 casos (63.64%), siendo resistente principalmente a antibióticos como: ampicilina (60.87%), Ciprofloxacina (34.78%) y norfloxacino (34.78%), y sensible a: amikacina, nitrofurantoina y cefuroxima. Sin embargo, se encuentra que 13 (11.82%) tiene *Escherichia coli* BLEE resistente a las cefalosporinas.

**Conclusiones.** La prevalencia de infección urinaria estuvo dentro de lo esperado en relación a los reportes internacionales. El uro patógeno aislado con más frecuencia fue la *Escherichia coli*, seguido de la *Escherichia coli* BLEE

**VIROLOGÍA**

**277. Inhibición *in vitro* de la replicación del virus de la Hepatitis E usando compuestos diseñados y evaluados por métodos computacionales.**

Quintero-Gil C. Gómez E, Cancela F, Houston D, Mirazo S, Mainardi V, Arbizu J, Parra-Suescún J, López-Herrera A, Ordúz-Peralta S, Grupo Biología Funcional; Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín, Sección Virología; Universidad de la República; Montevideo; Uruguay, School of Biological Sciences; University of Edinburgh; Edinburgh EH9 3BF; United Kingdom, Servicio de Trasplante Hepático del Hospital Central de las Fuerzas Armadas; Montevideo; Uruguay. Grupo de Biodiversidad y Genética Molecular –BIOGEM, Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín. dicquinterogi@una.edu.co

**Introducción.** El virus de la hepatitis E (HEV) es el agente causal de hepatitis viral aguda y no existen tratamientos específicos. Los péptidos antimicrobianos y los compuestos de orégano carvacrol y timol han demostrado ser antivirales. Por tanto, nos propusimos determinar el potencial de interacción de estas moléculas con la proteína de cápside y la RNA polimerasa dependiente de RNA (RdRp) del HEV *in silico* y evaluar *in vitro* su actividad antiviral.

**Materiales y métodos.** Para el aislamiento del HEV se inocularon células A549 con filtrado de heces de un paciente realizando pases durante 41 días. Los péptidos derivados de bacteriocinas y defensas fueron evaluados mediante acoplamiento y dinámica molecular en interacción con la proteína de cápside. Se obtuvo un modelo 3D de la RdRp con I-TASSER y se evaluó su interacción con carvacrol y timol mediante acoplamiento molecular. La citotoxicidad de las moléculas se evaluó mediante MTT y su actividad antiviral fue evaluada por RT-qPCR.

**Resultados.** Se detectó la infección con HEV en células A549. Las interacciones entre los péptidos y la proteína de cápside fueron favorables (-5.4 a -6.5 Kcal/mol). Cinco péptidos inhibieron la replicación entre 35 y 67% a 25 µM. La interacción *in silico* entre los compuestos de orégano y la RdRp fue favorable disminuyeron la replicación viral en 49 y 32% respectivamente.

**Conclusiones.** Los péptidos antivirales interactuaron *in silico* con la proteína de cápside y el carvacrol y el timol con la RdRp. Las moléculas presentaron baja citotoxicidad *in vitro* y disminuyeron la replicación del HEV.

**278. Ensamblaje y liberación del virus Dengue: Controversia sobre la participación de la proteína Alix.**

Morales L, Bueno C, Velandia M, Castellanos J, Chaparro-Olaya J, Universidad El Bosque. limoralesp@unbosque.edu.co

**Introducción.** Explorar la participación de la proteína Alix en la replicación, transcripción, ensamblaje y liberación del virus Dengue (DENV2), así como su interacción con la proteína viral NS3.

**Materiales y métodos.** Células A549 infectadas con DENV2 fueron tratadas con pequeños ARN de interferencia (siRNA) para disminuir la expresión ("knock-down") de la proteína Alix. El "knock-down" se confirmó por qPCR y western blot (WB) y se evaluó su efecto sobre la transcripción, la traducción, el ensamblaje y la liberación viral. También se obtuvo una línea A549 que expresaba una proteína NS3-His-tag recombinante y sobre este sistema se hicieron ensayos de inmunoprecipitación y "pull-down" para detectar la interacción NS3\_Alix

**Resultados.** El "knock-down" de Alix no tuvo efecto en la transcripción o la traducción viral, pero sí en el ensamblaje y la liberación de DENV2. Los resultados de IP y "pull-down" demostraron que "in vivo", hay interacción entre la proteína NS3 y la proteína Alix. En este estudio se estableció que el "knock-down" de Alix sí afecta el ensamble y la liberación de DENV2 en células A549. La interacción NS3\_Alix no fue detectada en ensayos de IP, pero sí en ensayos de "pull-down". Esto sugiere que en los ensayos de IP el anticuerpo anti-NS3 pudo haber enmascarado un sitio de unión importante sobre NS3, del cual dependen las interacciones corriente abajo

**Conclusiones.** De acuerdo a nuestra evidencia, Alix participa en la producción de DENV2 y eso la convierte en un blanco interesante para el estudio de interacciones proteína-proteína, virus-hospedero

**279. Caracterización de la proteína no capsidial 3D, del virus de la fiebre aftosa y producción de anticuerpos policlonales.**

Garcés T, Arbeláez L, Universidad de Pamplona. tatygarces@gmail.com

**Introducción.** Las proteínas no capsidales del virus de la fiebre aftosa se utilizan como marcadoras en la evaluación de animales que han estado en contacto con este virus, a diferencia de los animales que han sido inmunizados ya que por normatividad la vacuna anti-aftosa no debe tener estas proteínas, por lo tanto estos animales no deben presentar anticuerpos contra ellas después de la vacunación. La proteína no capsidial 3D es una RNA polimerasa dependiente de RNA, encargada de la replicación del virus (replicasa viral). El objetivo de esta investigación fue la caracterización del antígeno no capsidial 3D y su producción de anticuerpos policlonales *in vivo*.

**Materiales y métodos.** La proteína 3D se purificó del cultivo de virus inactivo, por cromatografía de intercambio iónico. El resultado fue sometido a electroforesis uni y bidimensional y analizado por la técnica de MALDI-TOF. La proteína 3D purificada, se inoculó en cabras y el suero hiperinmune, fue precipitado y sometido a cromatografía de afinidad para la obtención de inmunoglobulinas-G.

**Resultados.** Se obtuvo la proteína viral con un alto grado de pureza, demostrada en una sola banda de 51 KDa, permitiendo la producción de anticuerpos específicos, confirmando su reacción inmunitaria por medio de inmunodifusión y Western blot.

**Conclusiones.** El proceso de purificación demostró ser eficiente para obtener la proteína en estado nativo y para obtener las inmunoglobulinas específicas, útiles en ensayos inmunoenzimáticos que ayuden a medir la pureza de la vacuna frente al contenido de proteínas no capsidales.

**280. Descripción de características demográficas y clínicas de una cohorte de pacientes fallecidos por infección respiratoria aguda en Colombia durante los años 2009 a 2013.**

Amaya H, Barbosa J, Saavedra C, Clínica FOSCAL Internacional, Instituto Nacional de Salud, Universidad Nacional de Colombia. infectologo2@foscal.com.co

**Introducción.** La mortalidad por IRA constituye un problema en salud pública, se planteó analizar una cohorte de individuos que fallecen cumpliendo criterios de ESI, IRAG e IRAG inusitado notificados al Instituto Nacional

de Salud (INS) durante los años 2009 a 2013, con el objetivo de describir las características demográficas y clínicas de los individuos fallecidos, revisar los aislamientos virales y hallazgos histopatológicos de las muestras respiratorias y con la información obtenida generar conocimiento, que contribuya al manejo de la infección respiratoria aguda grave e inusitada en nuestro país

**Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo, retrospectivo, basado en la revisión de fichas epidemiológicas y reportes de estudios de virología e histopatología de muestras respiratorias de individuos fallecidos con diagnóstico de IRA

**Resultados.** De 1604 personas fallecidas se encontró que, 55% fueron hombres, 46,5% de los individuos tenía entre 20 y 59 años. La RT-PCR fue positiva en 18,3% de los casos, los virus más frecuentes fueron: influenza A(H1N1) pdm09 13,9%, A(H3N3) 1,9% e influenza B 0,5%. La letalidad de IRA fue mayor en los individuos que recibieron antiviral o antibiótico OR 2,80 (IC 95% 2,29 - 3,43) y 3,19 (IC 95% 2,63 - 3,86), respectivamente

**Conclusiones.** Virus influenza A(H1N1) pdm09 fue el principal agente identificado en los casos fatales por IRA confirmada por laboratorio durante los años 2009 a 2013, con la mayor letalidad en los individuos entre 20 y 59 años, neumonitis fue el hallazgo histopatológico más frecuente. Se debe aclarar si el inicio de antivirales afecta el pronóstico en los casos graves de IRA

### 281. DC-SIGN, TNF-alpha and FcγRIIA polymorphisms are associated with dengue infection susceptibility and severity.

Parra-Alvarez S, Coronel-Ruiz C, Velandia-Romero M, Delgado-Tirra G, Castellanos J,  
Universidad el Bosque. [sjparra29@gmail.com](mailto:sjparra29@gmail.com)

**Introducción.** Host genetic background can influence the susceptibility or outcome in dengue disease. The aim of this study was to determine the association of functional polymorphisms of DC-SIGN (rs4804803), Fc-gammaRIIA (rs1801274) and TNF-alpha (rs1800629) genes with dengue infection in children living in a Colombian hyperendemic province.

**Materiales y métodos.** Two hundred and thirty individuals were enrolled and serum samples were evaluated and assigned to three study groups: control group (n=37), asymptomatic infection (n=138), and symptomatic infection, either severe dengue (n=7) or dengue with warning signs (n=48). Single nucleotide polymorphisms to genes involved in infection or immune response to dengue were analyzed by PCR or RFLP.

**Resultados.** The DC-SIGN gene polymorphism presence was related with low likelihood of symptoms apparition (DWWVS vs. asymptomatic infection, OR=0.42, p=0.003). Having the FcγRIIA SNP was identified as protective to infection (asymptomatic infection vs control group, OR=1.73, p=0.018), but was identified as a risk factor to have symptoms during infection (symptomatic vs. asymptomatic infection, OR=1.73, p=0.018). TNF-alpha polymorphism was identified as a risk factor to DENV infection (asymptomatic infections vs control group, OR=4.6, p=0.0001), as well as risk factor to present symptoms during infection (OR=2.95 p=0.003). The DC-SIGN plus FcγRIIA genotypic combination was identified as protective factor to dengue infection (OR=0.21, p=0.028). In contrast, the DC-SIGN plus TNF-α SNPs combination was associated with a thirteen more likelihood to develop symptoms during dengue infection (OR=12.92, p=0.0005).

**Conclusiones.** These results proved the association between SNPs in the three immune genes analyzed and susceptibility to dengue infection and severity in Colombian children population.

### 282. Virus del dengue en murciélagos frugívoros de Córdoba.

Calderón A, Guzmán C, Oviedo T, Rodríguez V, Mattar S,  
Universidad de Córdoba. [acalderonr@correo.unicordoba.edu.co](mailto:acalderonr@correo.unicordoba.edu.co)

**Introducción.** El dengue, es la zoonosis más frecuente en zonas tropicales transmitida por la picaduras de artrópodos, se desconoce el rol de los murciélagos en la ecoepidemiología del dengue.

**Materiales y métodos.** Durante el año 2016, fueron capturados 286 murciélagos en Córdoba y Sucre. Se analizaron muestras de tejidos por RT-PCR para detección de flavivirus. Dos especímenes, *Carollia perspicillata* y *Sturnira lilium* capturados en Ayapel y San Carlos (Córdoba) fueron positivas para flavivirus. A partir de órganos fijados en formalina al 10%, se implementó inmunohistoquímica. La recuperación antigénica se hizo bajo presión con Trilogy™ (Cell Marque, Rocklin, USA). Los tejidos fueron cubiertos con anticuerpos policlonales (anti-dengue 1,2,3,4 ab26837 Abcam Cambridge, USA) diluido 1:100 y se incubaron en condiciones de humedad. Posteriormente se adicionó HiDef

Amplifier™ (Cell Marque, Rocklin, USA) y se incubó por 10 minutos, consecutivamente se adicionó HiDef™ HRP Polymer Detector (Cell Marque, Rocklin, USA), y se incubó por 10 minutos. Finalmente, se aplicó el cromógeno Liquid DAB+Substrate Chromogen System™ (Dako, Carpintería, USA) y se coloreó con hematoxilina por 1 minuto. Como controles positivos se usaron tejidos de cerebro de ratones lactantes inoculados intracranalmente con DENV-2.

**Resultados.** La RT-PCR tuvo un 100% de concordancia con la técnica de inmunohistoquímica. Se evidenciaron antígenos de DENV en cerebro, bazo y pulmón en los murciélagos *C. perspicillata* y *S. lilium*.

**Conclusiones.** Los murciélagos reservorios no hematofagos podrían tener un papel importante en la circulación del Dengue. Las técnicas de RT-PCR e inmunohistoquímica son importantes en la ecología del DENV.

### 283. Virus de la encefalitis equina venezolana en murciélagos de Córdoba.

Guzmán C, Calderón A, Oviedo T, Rodríguez V, Mattar S,  
Universidad de Córdoba. [cguzman40@hotmail.com](mailto:cguzman40@hotmail.com)

**Introducción.** El virus de la encefalitis equina venezolana (VEEV) es una enfermedad infecciosa letal con circulación enzoótica. Objetivo. Detectar el VEEV en murciélagos de Córdoba.

**Materiales y métodos.** Durante el año 2016, fueron capturados 286 murciélagos en Córdoba y Sucre. Se analizaron muestras de tejidos por RT-PCR para detección de alfavirus. Dos especímenes, *Artibeus planirostris* y *Sturnira lilium* en Montería y San Carlos (Córdoba) respectivamente fueron positivos para alfavirus. A partir de órganos fijados en formalina al 10%, se implementó inmunohistoquímica. La recuperación antigénica se hizo bajo presión con Trilogy™ (Cell Marque, Rocklin, USA). Los tejidos fueron cubiertos con anticuerpo monoclonal (mouse anti-encefalitis, equine, Venezuelan VEE-HRPTM) diluido 1:100 y se incubaron en condiciones de humedad. Posteriormente se adicionó HiDef Amplifier™ (Cell Marque, Rocklin, USA) y se incubó por 10 minutos, consecutivamente se adicionó HiDef™ HRP Polymer Detector (Cell Marque, Rocklin, USA), y se incubó por 10 minutos. Finalmente, se aplicó el cromógeno Liquid DAB+Substrate Chromogen System™ (Dako, Carpintería, USA) y se coloreó con hematoxilina por 1 minuto. Como controles positivos se usaron tejidos de cerebro de ratones lactantes inoculados intracranalmente con VEEV

**Resultados.** La RT-PCR tuvo un 100% de concordancia con la técnica de inmunohistoquímica. Se evidenciaron antígenos de VEEV en cerebro, bazo y pulmón en los murciélagos *A. planirostris* y *S. lilium*.

**Conclusiones.** La detección de VEEV en murciélagos no hematofagos, podría tener un papel importante en la ecoepidemiología de las encefalitis. Las técnicas de RT-PCR e inmunohistoquímica son importantes en la identificación del VEEV

## ESPECIAL

### PRESENTACIONES EN POSTER CONCURSO JOVEN INVESTIGADOR

#### INFECCIÓN POR VIH-SIDA

#### TJ1. Caracterización de It cd8+ con perfil folicular circulantes y evaluación de su participación en el control de la replicación del VIH inducido por la terapia anti-retroviral y en el desarrollo de la respuesta humoral

Federico Perdomo Celis. [federico.perdomo@usco.edu.co](mailto:federico.perdomo@usco.edu.co)  
Coautores: Rugeles M, Taborda N, Feria M, Alzate J,  
Grupo Inmunovirología Universidad de Antioquia, Corporación Universitaria Remington, Corporación para Investigaciones Biológicas.

Aunque la terapia antirretroviral altamente activa (HAART) ha disminuido la mortalidad asociada a la infección por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) y el síndrome de inmunodeficiencia adquirida (SIDA), no se ha logrado una cura para esta enfermedad debido a la persistencia de reservorios que se reactivan una vez que se interrumpe el tratamiento. Entre otros factores, la ausencia parcial de linfocitos T (LT) CD8+ dentro del folículo linfóide se ha asociado con la falta de control viral. Sin embargo, una población de LT CD8+ foliculares (LT citotóxicos foliculares [TFC]) y con perfil folicular circulantes en sangre periférica con propiedades antivirales y con potencial capacidad de estimular la respuesta de linfocitos B, fue recientemente descrita, y podrían desempeñar un papel importante durante la infección por el VIH. Esta po-

blación de células T proporciona un nuevo objetivo terapéutico que podría contribuir a la erradicación de reservorios del VIH. De hecho, los LT CD8+ con perfil folicular circulantes se asociaron con el control sistémico del VIH, lo que sugiere que su respuesta podría constituir un nuevo correlato de protección. En éste sentido, se propone estudiar la asociación entre el fenotipo y el perfil transcripcional de los LT CD8+ con perfil folicular circulantes y explorar su papel en el control sostenido de la replicación del VIH inducido por la terapia anti-retroviral, así como su capacidad de estimular la respuesta de linfocitos B. En conjunto, los resultados de este estudio podrían dilucidar el papel potencial de esta población de LT CD8+ en el control de la infección por VIH, con el fin de explorar correlatos de protección y posibles alternativas para la erradicación de reservorios de VIH.

**TJ2. Efecto en la mortalidad y el impacto económico del inicio temprano de la terapia antifúngica en pacientes con criptococosis e infección por VIH en hospitales de Bogotá.**

Anita Montañez Ayala,  
*Universidad Nacional de Colombia. ammontanez@unal.edu.co*  
 Coautores: Cortés JA, Escandón P, Díaz JA, Alzate JP.  
*Departamento de medicina interna, Universidad Nacional de Colombia. Grupo de Microbiología, Dirección de Investigación en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud. Departamento de Farmacia, Universidad Nacional de Colombia. Instituto de Investigaciones Clínicas, Universidad Nacional de Colombia.*

**Introducción.** Se ha descrito en nuestro país a la criptococosis meníngea como la segunda infección oportunista más frecuente que afecta el sistema nervioso central en los pacientes con un diagnóstico de VIH. Estos pacientes requieren de tratamientos complejos y de hospitalizaciones prolongadas (aproximadamente de 14 días), incrementando así los costos de hospitalización y manejo. La letalidad reportada para esta patología en nuestro país es del 49,2%. **OBJETIVO:** Evaluar el impacto del tratamiento temprano sobre la sobrevida en pacientes hospitalizados con infección por VIH y criptococosis invasiva.

**Materiales y Métodos.** Estudio analítico de cohorte prospectiva multicéntrica, se realizará un análisis de los factores que afectan la mortalidad de los pacientes con criptococosis invasiva y VIH, ajustado por inicio temprano antifúngico. El tamaño de muestra se estimó para los parámetros: pacientes con inicio tardío del tratamiento la mortalidad a 30 días esperada es del 60%, pacientes con inicio temprano se puede esperar una reducción de la mortalidad del 70%, mortalidad esperada a 30 días es de 18%. Una relación entre pacientes con inicio temprano/ inicio tardío de 1:4. Un poder de 80%, con nivel de confianza del 95% se estableció una muestra de 80 pacientes, 16 con inicio temprano y 64 sin inicio temprano.

**Resultados.** conocer las características clínicas, microbiológicas y epidemiológicas de los pacientes con aislamientos de criptococosis y VIH. Descripción los factores pronósticos de mortalidad con respecto al inicio temprano y descripción de costos asociados al diagnóstico de estudio.

**Conclusiones.** En desarrollo

**MICOBACTERIAS**

**TJ3. Identificación de una señal inmune exclusiva en personas con infección reciente por *Mycobacterium tuberculosis*. En la búsqueda de nuevos biomarcadores para el diagnóstico de Tuberculosis latente.**

Mariana Herrera Díaz,  
*Universidad de Antioquia.*  
 Coautores: Rueda Z, López L, Keynan Y, McLaren P, Arbeláez M,  
*Universidad de Antioquia, Universidad Pontificia Bolivariana, University of Manitoba, marianah8@hotmail.com*

**Introducción.** tuberculosis e IGRAs presentan dificultades para realizar el diagnóstico de TB latente, por tanto, se están explorando nuevas sustancias inmunes utilizando RNA sequencing.

**Objetivo.** determinar el perfil de citoquinas plasmáticas (CP) y de expresión de genes pro-inflamatorios de las personas privadas de la libertad asociado con TB latente de adquisición reciente y compararlo con personas con TB activa, y personas expuestas a M. tuberculosis sin infección.

**Materiales y métodos.** estudio de cohorte prospectiva en dos Establecimiento Carcelarios de Medellín. Se están incluyendo 120 personas tuberculosis(+), las cuales serán seguidas cada 6 meses con aplicación de PPD, y

durante dos años para detectar infección reciente por M. tuberculosis. Además, se incluyen 40 personas con TB. A todos se les tomará cada 3 meses una muestra de sangre; y en plasma se evaluará la concentración de 18 citoquinas/quimiocinas, y en los mononucleares la expresión de mRNA. Para analizar los perfiles de CP y de expresión genética, se realizarán análisis de componentes principales y un modelo de efectos mixtos.

**Resultados.** encontrar perfiles exclusivos de CP y de expresión genes pro-inflamatorios en los conversores recientes en la PPD.

**Conclusiones.** Esta información podría ayudar a descubrir una señal inmune utilizada como un potencial biomarcador diagnóstico, un factor protector, o un indicador de progresión a infección por M. tuberculosis.

**TJ4. Secuenciación genómica completa para la vigilancia de resistencia antibiótica de *Mycobacterium tuberculosis* en Caldas. Caracterización de uso y desarrollo de un programa piloto de vigilancia departamental**

Johan Sebastian Hernandez Botero,  
 Coautores: Siller F, Galeano M, Arengas I, Maldonado C,  
*Universidad de Manizales, Universidad Católica de Manizales, Observatorio social – Dirección Territorial De Salud De Caldas, Federación Nacional de Cafeteros CENICAFE. Johanhdz03@gmail.com*

**Introducción.** La tuberculosis es una amenaza global en términos de mortalidad y resistencia antibiótica. El presente trabajo, busca examinar la incorporación del análisis de genoma completo en el contexto de la vigilancia tradicional de resistencia antibiótica de *Mycobacterium tuberculosis* en el departamento de Caldas.

**Materiales y Métodos.** Estudio descriptivo de datos genómicos y clínicos derivados del proceso de vigilancia de tuberculosis y de tuberculosis fármaco-resistente en Caldas durante dos meses consecutivos en el segundo semestre de 2018. Serán incluidos casos confirmados por cultivo. Se realizará secuenciación completa de genoma para análisis filogenético y de resistencia de los aislamientos a los antituberculosos.

**Resultados.** Preliminares: Un aislamiento secuenciado como piloto reveló igual resultado al antibiograma, este reporte se obtuvo cuatro semanas antes que el tiempo que demora el reporte del INS. A partir de los resultados completos, se espera poder crear las bases para el desarrollo de un protocolo de vigilancia de tuberculosis complementado con el análisis de genoma completo.

**Conclusiones.** Con estos resultados preliminares, se puede observar la viabilidad del presente proyecto; puesto que se cuenta con las condiciones técnicas y humanas para su desarrollo. El desarrollo de este trabajo, impulsado por tres Universidades y la entidad territorial de salud de la región, permitirá: Sugerir, con base en el perfil de resistencia y filogenia del aislamiento, 1) recomendaciones al médico tratante sobre el manejo farmacológico de los pacientes y sobre el estudio de posibles brotes en cada caso particular; 2) posibles recomendaciones para los esquemas de tratamiento empírico con antituberculosos.

**MICOLOGÍA**

**TJ5. Estudio prospectivo de la incidencia de colonización e infección por *Candida*, genotipificación y perfiles de sensibilidad antifúngica *in vitro* en la UCI del Hospital Universitario Fundación Santa Fe de Bogotá.**

Marcela Guevara Suárez,  
*mi.guevara34@uniandes.edu.co*  
 Coautores: Celis A, Cortés J, Leal A, Restrepo S, Guevara F, Palacios D,  
*Universidad de los Andes, Universidad Nacional de Colombia, Fundación Santa fe de Bogotá.*

**Introducción.** Las infecciones fúngicas invasoras son un problema en aumento debido al incremento de patologías clínicas asociadas a condiciones de inmunosupresión. Las infecciones de torrente sanguíneo asociadas con *Candida* ocupan el cuarto lugar a nivel mundial, asociado a una alta tasa de mortalidad entre el 25% al 60% (Cortés, et al. 2014; da Matta, et al. 2017). El objetivo de este trabajo es: Determinar la incidencia, la epidemiología molecular y el perfil de sensibilidad antifúngica *in vitro* de especies de *Candida* asociadas a colonización o infección en Unidad de Cuidados Intensivos en el Hospital Universitario Fundación Santa Fe de Bogotá.

**Materiales y Métodos.** Para el desarrollo de este proyecto planteamos realizar un estudio prospectivo donde se establecerá: la incidencia de la colonización y de la infección por especies de *Candida*, además de describir las



condiciones clínicas de los pacientes. Por otra parte, se caracterizarán genótipicamente las especies más aisladas de la población de estudio y se establecerán los perfiles de sensibilidad antifúngica *in vitro*.

**Resultados.** Con el fin de ampliar en el conocimiento es estos aspectos, planteamos determinar la incidencia de colonización e infección por *Candida spp.*, genotipificación y la caracterización de los perfiles de sensibilidad *in vitro*.

**Conclusiones.** La información obtenida a partir de este estudio constituirá un aporte importante en el conocimiento a nivel nacional y mundial. Este nuevo conocimiento podrá ser aplicado en la implementación de nuevas estrategias que disminuyan los costos en los tratamientos y mejoren la calidad de vida de los individuos lo cual tiene un impacto a nivel social.

## VIROLOGÍA

### TJ6. Diseño y evaluación de pequeños RNAs de interferencia (siRNA) unidos a partículas lipídicas estables (SNALPs) en la replicación del Virus Dengue mediante un modelo celular *in vitro*.

Carlos Andrés Rodríguez Salazar,  
Coautores: Castaño J, Padilla L, Recalde D,  
Universidad del Quindío. carodriguez@uniquindio.edu.co

**Introducción.** El virus del dengue es un flavivirus envuelto con genoma RNA polaridad positiva; debido a la característica de su ácido nucleico (RNA+) se ha descrito que los siRNA podrían silenciar la expresión su genoma con alta especificidad; sin embargo, estas, moléculas son inestables y requieren de una liberación controlada, por lo cual se considera importante el desarrollo de liposomas estables que permitan el ingreso de los siRNA y su actividad a nivel intracelular, con el fin de inhibir la replicación del virus. Por lo anterior este proyecto tiene como objetivo diseñar y evaluar pequeños siRNA contra el DENV unidos a partículas lipídicas estables (SNALPs) en la replicación del DENV en un modelo celular.

**Materiales y Métodos.** la metodología se realizará mediante la identificación de genomas completos de los 4 serotipos del DENV, se realizarán secuencias consenso, se obtendrán los siRNA mediante el web-BLOCK-iT™RNAiDesigner. Los siRNA seleccionados se encapsularan en liposomas con DSPC: Chol:PEG-C-DMA:DLin-KC2-DMA, posteriormente se evaluarán en modelos celulares: citotoxicidad, hemólisis, capacidad de neutralización y número de copias virales (RT-PCR). Se realizarán 3 ensayos independientes por triplicado obteniendo medias y desviaciones estándar para: controles (-),

grupos tratados y controles(+), identificando el efecto antiviral de los siRNA; las diferencias serán estadísticamente significativas cuando  $p\text{-valor} < 0,05$  empleando una prueba de varianza de una cola.

**Resultados.** Se espera obtener pequeños RNA de interferencia acoplados a nano partículas lipídicas con capacidad de interferir en la replicación del DENV, al menos una publicación internacional, fortalecimiento del grupo de investigación y formación de un doctor en ciencias biomédicas.

**Conclusiones.** En estructuración y ejecución inicial.

### TJ7. Diseño y evaluación de péptidos inhibidores de la interacción proteína-proteína (iPPI) dirigidos contra el dominio III de la Envoltura (ED3) del DENV2

Delia Piedad Recalde-Reyes  
Coautores: Rodríguez R, Padilla L, Castaño J.  
Universidad del Quindío. drecalde@uniquindio.edu.co

**Introducción.** El dengue es una enfermedad endémica que afecta a 50 millones de personas al año; causada por el virus del dengue; la infección por este virus esta mediada por la interacción entre la proteína E del virus y receptores celulares como CD44, CD206 y CD209; por lo cual la inhibición de estas interacciones puede ser un blanco para impedir su invasión. Por ello, se pretende diseñar In-silico iPPI, dirigidos contra el ED3 del DENV2, y evaluar su interacción en la invasión viral.

**Materiales y Métodos.** Se diseñará In-silico iPPI, derivados de los receptores celulares CD44, CD206 y CD209 por medio de Rosetta Online-Server; se seleccionarán los iPPI con mejores energías de unión, se determinarán sus características físico-químicas teóricas; se sintetizaran y evaluarán en modelos celulares: citotoxicidad, hemólisis, capacidad de neutralización y número de copias virales (RT-PCR). Análisis estadísticos: Los ensayos *In vitro* se realizarán por medio de 3 réplicas independientes por triplicado para la obtención de medias y desviaciones estándar, en los siguientes grupos experimentales: control negativo, grupo tratado y control positivo, con el fin de identificar el efecto antiviral de los iPPI; se tomarán diferencias estadísticamente significativas ( $p\text{-valor} < 0,05$ ), empleando una prueba de varianza de una cola (ANOVA).

**Resultados.** Obtener al menos un péptido con capacidad de interferir en la invasión del DENV2, publicación internacional, fortalecimiento del grupo de investigación y formación de un doctor en ciencias biomédicas.

**Conclusiones.** Proyecto en fase de estructuración y ejecución inicial