

CONTENIDO

PRESENTACIONES ORALES

VIROLOGÍA

- O-001 Evaluación del efecto del material particulado (PM10) en neutrófilos humanos expuestos a rinovirus.**
María Camila Loaiza Ceballos **Pág. 19**
- O-002 Biflavonoides aislados a partir de *Garcinia madruno* inhiben el SARS-CoV-2 en pruebas *in vitro*.**
María Isabel Zapata Cardona **Pág. 19**
- O-003 Mecanismo antiviral de los N,N-Dimetil-3,5-dihalo tirosinatos de metilo contra dos arbovirus emergentes de la última década, CHIKV y ZIKV.**
Vanessa Loaiza Cano **Pág. 19**
- O-004 Diferencias en la respuesta inmune de monocitos de sangre periférica a la infección *ex vivo* con dengue virus 2 en individuos inmunes y naïve.**
Paula María Escobar Pereira **Pág. 19**
- O-005 Actividad anti-arbovirus del compuesto derivado de L-tirosina TODB-2M asociada posiblemente a la replicación del genoma viral.**
Vanessa Loaiza Cano **Pág. 20**
- O-006 Perfil transcripcional de células mononucleares de sangre periférica expuestas al SARS-CoV-2: exploración de mecanismos de regulación en cis de componentes de la respuesta inmune.**
Juan Carlos Hernández López **Pág. 20**
- O-007 Evaluación del efecto antiviral de extractos de polisacáridos de *Ganoderma parvulum* y *Lentinus crinitus* contra tres arbovirus de importancia clínica.**
María Daniela Aguirre Avilés **Pág. 20**
- O-008 Análisis del viroma de *Aedes albopictus* (Diptera: *Culicidae*) del departamento de Córdoba.**
Richard Hoyos López **Pág. 20**

MICOLOGÍA

- O-009 Generación de un mutante de *Histoplasma capsulatum* para la proteína transportadora de zinc (ZRT2) mediante el sistema CRISPR/Cas9.**
Carolina Rodríguez Echeverri **Pág. 21**
- O-010 Antifungal activity of pore-forming peptide C14R against clinical isolates of *Candida albicans* and *Candida auris*.**
Carolina Firacative **Pág. 21**
- O-011 Monitoreo de niveles séricos de antifúngicos en un centro de referencia en Colombia: experiencia de 2019 a 2023.**
Juan David Zapata Serna **Pág. 21**
- O-012 Identificación morfológica y genómica de aislamientos de *Aspergillus spp.* y de genes ortólogos involucrados en la producción de proteínas alergénicas.**
María Camila Zuleta González **Pág. 21**
- O-013 CRISPR/Cas9 como estrategia para edición genética en *Paracoccidioides spp.***
Susana Torres Morales **Pág. 22**

- O-014 Secuenciación de genoma completo de aislamientos de *Paracoccidioides restrepiensis* con tecnología de secuenciación de tercera generación.**
Santiago Marín Carvajal **Pág. 22**
- O-015 Identificación molecular de aislamientos de *Sporothrix spp.* por PCR especie específica y secuenciación.**
Erika Andrea Sánchez Cifuentes **Pág. 22**
- O-016 Bombas de eflujo como mecanismo de resistencia a azoles en levaduras del género *Malassezia*.**
Juan Camilo Galvis Marín **Pág. 22**

MEDICINA TROPICAL Y PARASITOLOGÍA

- O-017 Detección del genotipo MST-61 de *Coxiella burnetii* en leche bovina en Córdoba: riesgo potencial para la salud pública.**
Verónica Contreras Cogollo **Pág. 22**
- O-018 Prevalencia de la deficiencia de glucosa-6-fosfato deshidrogenasa en una región endémica de malaria de Colombia: implicaciones para la cura radical de *Plasmodium vivax*.**
Lina Marcela Zuluaga-Idárraga **Pág. 23**
- O-019 Malaria en pueblos indígenas de la Costa Pacífica colombiana. Prácticas y conocimientos ancestrales.**
Suatny Dayana Gutiérrez Asprilla **Pág. 23**
- O-020 Dinámica de la leishmaniasis cutánea en el departamento de Córdoba: un enfoque epidemiológico, inmunológico y entomológico.**
Yeiner Miguel Espitia Delgado **Pág. 23**
- O-021 Primera evidencia molecular y microscópica de *Dirofilaria immitis* en murciélagos del departamento de Córdoba.**
Catty Martínez Bravo **Pág. 23**
- O-022 Enfermedades infecciosas en indígenas Embera Dobida del departamento del Chocó. Estudio descriptivo transversal.**
Santiago Ramírez Cantillo **Pág. 24**
- O-023 Identificación racional de proteínas antigénicas para el diagnóstico de toxocariasis humana.**
Isabella Cortés López **Pág. 24**
- O-024 Brote de malaria urbana: intervención en el asentamiento Miraflores bajo en Armenia, Quindío – Colombia, desde octubre 2022 hasta marzo 2024.**
Nicolás Ledesma García **Pág. 24**

EPIDEMIOLOGÍA Y CONTROL DE INFECCIONES

- O-025 Impacto de la pandemia de COVID-19 en la prevalencia de *Treponema pallidum* en donantes de sangre en un banco de sangre de Medellín, 2019-2022.**
Melissa Fernández Rendón **Pág. 24**
- O-026 Impacto de las Infecciones Asociadas a la Atención en Salud (IAAS) en la supervivencia de un año en adultos sometidos a trasplante cardíaco en una institución en Colombia.**
Marcela Gutiérrez Londoño **Pág. 24**

<p>O-027 Pasado, presente y futuro de los aislamientos provenientes de orina de adultos atendidos en instituciones de la red GERMEN 2014-2023, con proyección a 2030. Julián Camilo Galvis Ayala Pág. 25</p>	<p>O-042 Cáncer en personas viviendo con VIH (PVV) en el aseguramiento en Colombia. Paula Andrea Daza Criollo Pág. 28</p>
<p>O-028 Integrative predictive modeling of COVID-19 hospitalization risk in Colombia: genomic, demographic, and clinical insights. Julián Gallego García Pág. 25</p>	<p>O-043 Incidencia acumulada de VIH y sus factores asociados en donantes de sangre de un banco de Medellín-Colombia, 2017-2023. Valeria Benítez Cadavid Pág. 29</p>
<p>O-029 Infecciones Asociadas a la atención en Salud (IAAS) en trasplante pulmonar en un centro colombiano: características clínicas y microbiológicas. Marcela Gutiérrez Londoño Pág. 25</p>	<p>O-044 Subpoblaciones de células B y de células plasmáticas en pacientes VIH+ tratados con TAR y su relación con variables clínicas de la enfermedad. Laura Daniela Rubio Méndez Pág. 29</p>
<p>O-030 Utilidad de una prueba molecular para el tamizaje de pacientes de alto riesgo de colonización por bacilos gramnegativos productores de carbapenemasas, impacto en aislamientos hospitalarios. Ana Isabel Rodríguez Pág. 25</p>	<p>OFC-001 Prevalencia de mutaciones asociadas a resistencias (MAR) a antirretrovirales en Colombia - encuesta nacional 2021-2023. Andrés Felipe Zapata Marín Pág. 29</p>
<p>O-031 Actividad antimicrobiana de una pintura contra <i>Staphylococcus aureus</i> resistente a metilicina y <i>Escherichia coli</i> productora de BLEEs, luego de procesos desinfección repetitivos evidencia su utilidad para el control de IAAS. Erika Rodríguez Pág. 26</p>	<p>ITS</p>
<p>O-032 PCR múltiple para la identificación etiológica de síndromes infecciosos en una institución de alta complejidad de Colombia, 2019-2024. Diana Paola Buitrago Gómez Pág. 26</p>	<p>O-045 Relaciones entre la morbilidad y la mortalidad por Mpox y el índice de desarrollo humano (IDH) a nivel mundial durante la epidemia de 2022-2024. Alfonso J. Rodríguez Morales Pág. 29</p>
<p>RESISTENCIA BACTERIANA</p>	<p>O-046 Relación entre citología y prueba de VPH-AR en canal anal, para el tamizaje de cáncer anal en mujeres con antecedentes de NICII, NICIII y cáncer cervicouterino en Medellín-2024. Leicy Judith Martínez Pág. 30</p>
<p>O-033 Validación de la prueba rápida modificada para detección del Efecto Inóculo a Cefazolina (CzIE) en <i>Staphylococcus aureus</i> sensible a la metilicina (MSSA) de bacteriemia recolectados en hospitales de Norteamérica y Latinoamérica. Lina Paola Carvajal Pág. 26</p>	<p>O-047 Infección por VPH de alto riesgo y neoplasia intraepitelial anal en mujeres con antecedentes de neoplasia cervicouterina, Medellín-2024. Lucía Stella Tamayo Acevedo Pág. 30</p>
<p>O-034 Biopelícula radicular dental como reservorio de resistencia antimicrobiana. Ana María Suarez Ortegón Pág. 26</p>	<p>O-048 Incidencia acumulada de los virus de la hepatitis B y C en donantes de sangre repetitivos de un banco de Medellín, 2017-2023. Yara Alejandra Gil Ramírez Pág. 30</p>
<p>O-035 Genome-wide association studies for the detection of genetic variants associated with linezolid, bedaquiline, and clofazimine resistance in <i>Mycobacterium tuberculosis</i>. Jeanneth Mosquera-Rendon Pág. 27</p>	<p>INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA</p>
<p>O-036 Resistencia a los antibióticos en aislamientos de <i>Streptococcus pneumoniae</i> causantes de enfermedad neumocócica invasiva en 30 hospitales de Colombia 2017-2023. Aura Lucía Leal Castro Pág. 27</p>	<p>O-049 Vigilancia centinela de meningitis bacteriana en un hospital pediátrico de IV nivel en Colombia, 2016-2024. Jaime Moreno Pág. 30</p>
<p>O-037 Diversidad bacteriana y presencia de genes de resistencia a antibióticos en productos lácteos en la región del Sumapaz, Colombia. Nelson Enrique Arenas Pág. 27</p>	<p>O-050 Mediastinitis postoperatoria en pediatría en un centro de referencia cardiovascular en Colombia 2010-2023. Alberto Rafael Vargas García Pág. 30</p>
<p>O-038 Evaluación del resistoma rectal de pacientes críticamente enfermos a través de RT-PCR multiplex. Edwin Silva Monsalve Pág. 27</p>	<p>O-051 Pediatric <i>Streptococcus pneumoniae</i> meningitis in Colombia: a comprehensive healthcare and epidemiological analysis. 2017-2022. Omar Huang David Escobar Franco Pág. 31</p>
<p>O-039 Diseminación interregional del clon de alto riesgo ST307 de <i>Klebsiella pneumoniae</i> co-productor de KPC-3 y NDM-1 en diferentes hospitales de Colombia. Sandra Yamile Saavedra Rojas Pág. 28</p>	<p>O-052 Impacto de la implementación de vacunas en la distribución de serotipos de enfermedad neumocócica invasiva en Colombia. 2017-2023. Jaime Patiño Niño Pág. 31</p>
<p>O-040 Detección de <i>Enterobacter cloacae</i> resistente a ceftazidima/avibactam mediado por blaKPC-33. Deisy Abril Pág. 28</p>	<p>O-053 Resultados del neurodesarrollo en niños preescolares y escolares del Atlántico con exposición prenatal al virus zika. Sarah Mulkey Pág. 31</p>
<p>VIH</p>	<p>O-054 Impacto del serotipo 3 en la enfermedad neumocócica invasiva pediátrica en Colombia (2017-2022). ¿Qué ha pasado después de la pandemia de COVID-19? Germán Camacho Moreno Pág. 32</p>
<p>O-041 Calidad de vida relacionada con salud en pacientes con VIH/Sida de centros de atención del grupo VIHCOL, Colombia 2024. José Antonio Pardo Rada Pág. 28</p>	<p>O-055 Disminución en la abundancia de <i>Bifidobacterium spp.</i> posterior al uso de antibióticos en niños menores de 3 años en una institución de salud de Bogotá. Javier Escobar Pérez Pág. 32</p>

O-056 **Infección fúngica invasora de brecha en niños que reciben voriconazol profiláctico.**
Andrea Restrepo G. **Pág. 32**

O-072 **Caracterización y desenlaces del Síndrome post-COVID-19 en una población colombiana.**
Carlos Arturo Álvarez Moreno **Pág. 36**

OTROS TÓPICOS

MICOLOGÍA

O-057 **Expresión diferencial de citoquinas pro- y anti-inflamatorias en monocapas y esferoides (organoides) de fibroblastos y macrófagos humanos infectados con *Histoplasma capsulatum*.**
Carolina Rodríguez Echeverri **Pág. 32**

O-073 **Desarrollo de un esferoide pulmonar humano para el análisis de la expresión génica del biofilm de *Cryptococcus neoformans*.**
Marcos William De Lima Gualque **Pág. 36**

O-058 **Seroreactividad y prevalencia de marcadores infecciosos en donantes voluntarios y repetitivos de un banco de sangre del departamento del Atlántico, Colombia. 2017-2023.**
Hernán Argote **Pág. 33**

O-074 **Criptococosis en Colombia: factores de riesgo, datos de la vigilancia 2017-2023.**
Patricia Escandón **Pág. 36**

O-059 **Uso de antibióticos y cáncer colorrectal de aparición temprana: metaanálisis de estudios de casos y controles.**
Andrea Alexandra Jaramillo Marín **Pág. 33**

O-075 **Impacto clínico del uso de láser CO2 fraccionado ginecológico en vulvovaginitis candidiásica recurrente.**
Juan David Plata Puyana **Pág. 37**

O-060 **Bacterioma de quirópteros en zonas agrícolas del departamento de Córdoba, Colombia.**
Evelin Garay Montalvo **Pág. 33**

O-076 **Susceptibilidad a antifúngicos y fungicidas de aislamientos clínicos, animales y ambientales de *Fusarium* y *Neocosmospora* de Colombia bajo el enfoque de una sola salud (One Health).**
Valeri Sáenz **Pág. 37**

O-061 **Agentes potencialmente patógenos aislados de la paloma doméstica (*Columba livia*) en dos municipios de Cundinamarca, Colombia.**
Víctor Manuel Acero Plazas **Pág. 33**

MICOBACTERIAS

O-062 **Prevalencia molecular del virus de la leucemia felina en tres ciudades colombianas.**
Ana Sofía Mejía Villada **Pág. 34**

O-077 **Tuberculosis en las comunidades Embera Dobida del Chocó. Conocimientos y prácticas ancestrales.**
José Mauricio Hernández Sarmiento **Pág. 37**

O-063 **Prevalencia molecular del virus de la inmunodeficiencia felina en tres ciudades colombianas.**
María José Arenas González **Pág. 34**

O-078 **Desarrollo e implementación de un modelo de Machine Learning para el diagnóstico de lepra.**
Héctor Serrano-Coll **Pág. 37**

O-064 **Análisis del transcriptoma de roedores de Córdoba revela bacterias y parásitos importantes para la salud pública.**
Ketty Esther Galeano Anaya **Pág. 34**

O-079 **Caracterización epidemiológica, clínica y diagnóstica de los pacientes con tuberculosis meningea en dos centros de referencia de Medellín-Antioquia en el periodo 2015-2021.**
María Alejandra Flores Cárdenas **Pág. 37**

O-065 **Cuantificación de títulos de anticuerpos neutralizantes contra SARS-CoV-2 y sus variantes utilizando partículas lentivirales pseudotipadas.**
Brian Alejandro Cáceres Munar **Pág. 34**

O-080 **Tuberculosis en población pediátrica en un hospital de referencia: cambios en diagnóstico y tratamiento en cohorte 2017-2022.**
Lina María González Avellaneda **Pág. 38**

VIROLOGÍA CLÍNICA

MEDICINA TROPICAL Y PARASITOLOGÍA

O-066 **Prevalence, characteristics and temporal trends of respiratory syncytial virus infections: a five-year analysis at Cali, Colombia.**
Natalia Moreno Angel **Pág. 34**

O-081 **Determinación de las regiones de unión de la proteína de alto peso molecular 3 de roprotrias de *Plasmodium vivax* (PvRhopH3) a reticulocitos humanos.**
Daniel Eduardo Gutiérrez Ortigón **Pág. 38**

O-067 **Determinación de agentes virales en pacientes que presentan síndrome febril agudo con sospecha por Dengue de la frontera nororiental colombo-venezolana.**
Marlen Yelitza Carrillo Hernández **Pág. 35**

O-082 **Evaluación del efecto de moléculas derivadas del núcleo pirazol, pirazolina y tiazolidinonas frente al crecimiento de *Toxoplasma gondii* en un modelo *in vitro*.**
Alejandro Zamora Vélez **Pág. 38**

O-068 **Establecimiento de un modelo de infección de DENV-2 *in vitro*, mediado por el mecanismo de potenciación dependiente de anticuerpos.**
Jorge Enrique López Dubon **Pág. 35**

O-083 **Caracterización de la red de diagnóstico de toxoplasmosis en Colombia 2022-2023.**
Liliana Jazmín Cortés Cortés **Pág. 38**

O-069 **Detección de virus respiratorios en cavidad oral de pacientes con infecciones respiratorias agudas (IRA) en el HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia.**
Andrés Felipe Ospina Barragán **Pág. 35**

O-084 **Evaluación *ex vivo* de péptidos de *Toxoplasma gondii* restringidos a haplotipos HLA-I en células mononucleares de sangre periférica de individuos con toxoplasmosis crónica-asintomática en Colombia.**
Mónica Vargas Montes **Pág. 38**

O-070 **Función pulmonar pre y post infección por el virus SARS-CoV-2 en pacientes ambulatorios y hospitalizados con COVID-19 de la cohorte PURE-Colombia.**
Heider Lozada Ramos **Pág. 35**

O-085 **Evaluación del efecto de la fracción derivada de *Tabebuia rosea* sobre el estadio de bradizoíto de *Toxoplasma gondii* en un modelo celular *in vitro*.**
Jesica Alejandra Palacio Rodríguez **Pág. 39**

O-071 **Entendiendo el rol de *A. albopictus* como vector de arbovirus en Colombia.**
Juan Sebastián Mantilla Granados **Pág. 36**

O-086 **Aproximación a los mecanismos de acción de péptidos antimicrobianos de la familia de las cruzioseptinas contra diferentes estadios de *Trypanosoma cruzi*.**
Daniel Andres Pardo Rodríguez **Pág. 39**

O-116	Comportamiento epidemiológico de virus respiratorios, en menores de 5 años entre 2019 a 2022, en una institución pediátrica de referencia. Diana Li Zeng	Pág. 46
O-117	Hallazgos histopatológicos placentarios y resultados neonatales tras la exposición intrauterina al virus del zika. Sarah Mulkey	Pág. 46
O-118	Infección por <i>S. aureus</i> que requiere ingreso a Unidad de Cuidado Intensivo Pediátrico (UCIP): resultados preliminares de un estudio multicéntrico Staphylored Colombia 2023. Iván Felipe Gutiérrez Tobar	Pág. 47
O-119	Características clínicas en niños con infecciones osteoarticulares agudas hematógenas por <i>Staphylococcus Aureus</i> sensible y resistente a la meticilina. Álvaro Hoyos Orrego	Pág. 47
O-120	Epidemiología y microbiología de las infecciones asociadas a dispositivos en una UCI cardiovascular pediátrica. Ana María Montoya Duque	Pág. 47

INFECTOLOGÍA ADULTOS

O-121	Características genómicas de <i>Campylobacter jejuni</i> asociados a gastroenteritis y sepsis en cuatro pacientes. Edna Caterin Rodríguez Cárdenas	Pág. 47
O-122	Caracterización clínica, perfil microbiológico y desenlaces de pacientes con colangitis aguda en un hospital universitario de alta complejidad en Bogotá, Colombia. Cándida Rosa Díaz Brochero	Pág. 48
O-123	Caracterización clínica de pacientes adultos con infección neumocócica en un centro de alta complejidad del suroccidente de Colombia durante un periodo de 10 años. Duván Arley Galindes	Pág. 48
O-124	Duración de la terapia antibiótica posterior a drenaje exitoso por colangiopancreatografía retrógrada endoscópica en adultos con colangitis aguda: estudio de cohortes retrospectivo. Cándida Díaz Brochero	Pág. 48
O-125	Impacto de las bacterias orales en la integridad y viabilidad de la barrera hematoencefálica: explorando el eje bacterias orales-cerebro. Yormaris Castillo	Pág. 48
O-126	Unveiling a broader STI spectrum: the advantages of multiplex PCR for Transgender women's health. José David Ramírez Ayala	Pág. 49

ITS

O-127	Etiología de la proctitis asociada a infecciones de transmisión sexual (ITS), en hombres que tienen sexo con hombres (HSH). Santiago Estrada Mesa	Pág. 49
--------------	---	----------------

INFECTOLOGÍA ADULTOS

O-128	Impacto en infecciones del torrente sanguíneo de accesos vasculares centrales (ITS-AC) secundario a implementación de la desinfección pasiva de puertos libres de aguja en un hospital de IV nivel. Elsa Yasmin Vente	Pág. 49
--------------	---	----------------

PROA - OTROS TÓPICOS

O-129	Análisis descriptivo de la tamización de pacientes colonizados por Enterobacterales productores de carbapenemasas en una institución de cuarto nivel de complejidad: años 2017-2023. Angela Pescador	Pág. 49
O-130	Características y desenlaces asociados a la bacteriemia por enterobacterias resistentes a carbapenémicos en pacientes con cáncer. María José López	Pág. 50
O-131	Herramienta sistematizada como parte de un Programa de Optimización de Uso de Antimicrobianos (PROA) de última generación: desde su desarrollo e implementación hasta datos de impacto en gestión en una clínica pediátrica en Bogotá, Colombia. Iván Felipe Gutiérrez Tobar	Pág. 50
O-132	Sistematización de WHONET con Python para el análisis de aislamientos microbiológicos en Infecciones del Tracto Urinario (IVU) en Pediatría: integración al Programa de Optimización de Uso de Antimicrobianos (PROA) para la optimización de las recomendaciones. Iván Felipe Gutiérrez Tobar	Pág. 50
O-133	Impacto de un Programa de Optimización de Uso de Antimicrobianos (PROA) en una unidad neonatal de mediana complejidad en Medellín, Colombia. Juan Gonzalo Mesa Monsalve	Pág. 50
O-134	Optimización de la actividad biológica de péptidos derivados de la lactoferrina bovina: conjugación con motivos no proteicos como estrategia. Daniel Alejandro Castellar Almonacid	Pág. 50
O-135	Evaluación antimicrobiana de silicofosfatos de sodio calcio dopados con cobre contra <i>Staphylococcus aureus</i> y <i>Staphylococcus epidermidis</i> en tejido óseo. Johan Alexander Villada Ramos	Pág. 51
O-136	Bacteriófagos con actividad preferencial contra cepas patógenas de <i>E. coli</i> del filogrupo B2, productoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEE). Lorena Salazar Ospina	Pág. 51

POSTERS

VIROLOGÍA CLÍNICA

P-001	Concordancia en la detección de los virus influenza A, influenza B y rinovirus mediante RT-qPCR en muestras pareadas de hisopado nasofaríngeo y saliva. Luis Miguel Sosa Ávila	Pág. 51
P-002	Circulación diferencial de especies y genotipos/clados de rinovirus en el periodo de pandemia y post pandemia de COVID-19. William Fernando Chaparro Pico	Pág. 51
P-003	Experience with Dengue diagnostic Assay, VIDAS®, in a military hospital from Colombia: utility for differentiate primary and secondary dengue infection. Álvaro Adolfo Faccini Martínez	Pág. 52
P-004	Paramixovirus-1 aviar zoonótico en pacientes adultos con enfermedad febril aguda indiferenciada de la frontera colombo-venezolana. Marlen Yelitza Carrillo Hernández	Pág. 52
P-005	Frecuencia de genotipos de VPH-AR en mujeres de estrato socioeconómico alto que asistieron a una IPS privada en Antioquia, Colombia, durante el 2024. José Luis Torres Suaza	Pág. 52

P-006	Estudio preliminar de la infección natural por arbovirus en mosquitos <i>Aedes aegypti</i> del departamento de Córdoba. Daniela Clímaco Montesino Pág. 52	P-022	Efecto de la fagoterapia combinada con oxacilina contra aislamientos clínicos <i>Staphylococcus aureus</i> resistentes a β-lactámicos dependientes e independientes de genes mec. María Alejandra Mancera García Pág. 56
P-007	Tendencias de circulación del virus respiratorio sincitial en 4 ciudades de Colombia: análisis preliminar de VIRAL Network LATAM. Iván Felipe Gutiérrez Tobar Pág. 53	P-023	Alta especificidad de bacteriófagos y cócteles contra <i>S. aureus</i> sensible (MSSA) y resistente a meticilina (MRSA) pertenecientes al exitoso CC8 y productor de biopelícula. Juan José Velasco Castaño Pág. 56
P-008	Tamizaje de anormalidades y genotipos circulantes del virus del papiloma humano en Cali, Colombia, 2023. Juan David Peláez Martínez Pág. 53	P-024	Nuevas mutaciones en PBP1 y AcrB relacionadas con la resistencia a meticilina en aislamientos clínicos de <i>Staphylococcus aureus</i> sin variantes del gen mec en Colombia. Juan Manuel Matiz González Pág. 56
P-009	Implementación de la ruta de "Ver y Tratar" para el manejo de la infección por Virus del Papiloma Humano (VPH) y lesiones premalignas de cuello uterino en la población colombiana. Luz Amparo Lozano Olivares Pág. 53	P-025	Análisis de resistoma rectal de pacientes colonizados y no colonizados por carbapenemasas mediante PCR e hibridación. Diego Josa Pág. 57
P-010	Relaciones entre la morbilidad por Mpox y el turismo internacional a nivel mundial durante las epidemias de 2022-2024. Alfonso J. Rodríguez Morales Pág. 53	P-026	Caracterización del perfil de resistencia de aislamientos de <i>Salmonella spp.</i> de muestras clínicas y alimentos de Bogotá 2022-2023. Andrea Paola Serrano Sánchez Pág. 57
P-011	A case series of pediatric patients with chronic hepatitis C transmitted by blood components transfusion: a clinical description. María Paula Guerrero González Pág. 53	P-027	Péptidos híbridos derivados de melitina, buforina y/o lactoferricina: obtención y evaluación de la actividad antibacteriana. David Augusto Ramírez Celis Pág. 57
P-012	Manifestaciones clínicas iniciales como marcadores de gravedad e ingreso a UCIP en población pediátrica con infección SARS-CoV-2, en tres instituciones del Atlántico. 2020-2022. Zaira María Sánchez Pág. 54	P-028	Vigilancia genómica de <i>Vibrio cholerae</i> en Colombia, 2024. Paula Lucia Díaz Guevara Pág. 57
P-013	Validación del primer kit de enzimas <i>in house</i> para el diagnóstico de COVID-19 desarrollado en Córdoba, Colombia. Manuela Beltrán Contreras Pág. 54	P-029	Mecanismos moleculares de diseminación de carbapenemasas en <i>Klebsiella pneumoniae</i> en dos ciudades colombianas (2018 – 2021). Nalleth Bolano Pág. 58
VIH			
P-014	Efectividad de un programa de profilaxis preexposición (PrEP) en la vida real en un centro de atención en Bogotá, Colombia. Cindy Alejandra Bonilla Pág. 54	P-030	Medición del consumo de antibióticos en pacientes adultos: comparación entre dosis diaria definida y duración de tratamiento. Laura Rendón Valencia Pág. 58
P-015	Utilidad de la carga viral única para detectar falla virológica en pacientes con VIH durante los primeros dos años de tratamiento antirretroviral. Ana Marcely Pérez Casanova Pág. 54	P-031	Caracterización de Enterobacteriales productoras de carbapenemasas en unidades de cuidados intensivos de un hospital de tercer nivel en Cali, Colombia. Mónica Fernández Pineda Pág. 58
P-016	ITS en pacientes del programa PrEP de la IPS Infectoclínicos S.A.S. de la ciudad de Bogotá Colombia en el año 2023. Laura Sofia Quintero Ferro Pág. 55	P-032	Género Piper: conocimiento de las propiedades antimicrobianas y antioxidantes para el desarrollo de nuevos fármacos. Janneth Liliana Peláez Villegas Pág. 58
RESISTENCIA BACTERIANA			
P-017	Respuesta clínica de sofosbuvir velpatasvir en retratamiento de la infección por virus de la hepatitis C por reinfección o recaída en pacientes que viven con VIH. Sandra Milena Gualtero Pág. 55	INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA	
P-018	Efecto clínico, inmunológico y virológico del tratamiento con inhibidores de integrasa en personas que viven con VIH. Natalia A. Taborda Pág. 55	P-033	Caracterización clínica de las infecciones por <i>Staphylococcus aureus</i> en pediatría: resultados preliminares de estudio multicéntrico Staphylored Colombia 2023. Mayra Zulay Jaimes Sanabria Pág. 59
P-019	Comparación metagenómica de la microbiota anorrectal de HSH con VIH y sin VIH por medio de análisis bioinformático. Paula Natalia Hernández Trujillo Pág. 55	P-034	Caracterización clínica, epidemiológica y microbiológica de la enfermedad neumocócica invasiva en pacientes mayores de 5 años. ¿Una oportunidad de prevención? Estefanía Pulido Pág. 59
RESISTENCIA BACTERIANA			
P-020	Detección rápida de carbapenemasas en hisopados rectales mediante nefelometría láser, espectrometría de masas e inmunocromatografía. Paola Trujillo Pág. 56	P-035	Caracterización clínica y microbiológica de la meningitis bacteriana aguda por <i>Streptococcus pneumoniae</i> en Colombia durante el periodo de vacunación masiva con PCV10 (2017-2022) en medio de la pandemia de COVID-19. Alejandro Restrepo Cedeño Pág. 59
P-021	Identificación de genes asociados a resistencia a tetraciclinas en bacterias transmitidas por vectores en caninos y felinos de Medellín, Colombia. Carolina Ríos Úsuga Pág. 56	P-036	Evaluación <i>in vitro</i> de la actividad antimicrobiana de diferentes antibióticos innovadores y genéricos de uso pediátrico. Ana María García Cepero Pág. 60
		P-037	Resurgimiento de <i>Mycoplasma pneumoniae</i> en pediatría e infección severa: estudio multicéntrico en la era post-pandemia en Colombia. Iván Felipe Gutiérrez Tobar Pág. 60

P-038	Diferencias regionales en cuanto a la enfermedad neumocócica invasiva pediátrica en Colombia tras la introducción de PCV10 (2017-2022). Germán Camacho Moreno	Pág. 60	P-054	Frequency, distribution and antifungal sensitivity profiles of <i>Candida spp.</i> involved in Candidemia, GERMEN antimicrobial resistance surveillance network, Colombia 2018-2022. María Cristina Luna López	Pág. 64
MEDICINA TROPICAL Y PARASITOLOGÍA					
P-039	Patrones histopatológicos identificados en biopsias de piel con leishmaniasis tegumentaria: una serie de casos en Colombia. Lucero Katherine Aristizabal Parra	Pág. 60	P-055	El extracto etanólico de hojas <i>Anacardium occidentale</i> L inhibe el crecimiento y proliferación de <i>Candida albicans</i> y <i>Candida auris</i> a través del aumento de ROS y la disfunción mitocondrial. Luis Fernando Quejada Sánchez	Pág. 64
P-040	Perfil de parásitos intestinales de perros domésticos en la ciudad de Barranquilla, Colombia. Luz Adriana Sarmiento Rubiano	Pág. 61	P-056	Evaluación de un método para la identificación directa de levaduras del género <i>Candida</i> a partir de botellas de hemocultivo utilizando la metodología EM MALDI-TOF. Gina Nairobi Patiño Acevedo	Pág. 64
P-041	Prevalencia de <i>Cryptosporidium</i> y <i>Cyclospora</i> en niños con enfermedad diarreica aguda en Armenia, Colombia: un estudio observacional. Jessica Triviño Valencia	Pág. 61	P-057	Análisis de la virulencia de aislamientos clínicos de <i>Candida spp.</i> de pacientes con candidiasis vulvovaginal recurrente. Jeiser Marcelo Consuegra Asprilla	Pág. 64
MICOBACTERIAS					
P-042	Caracterización epidemiológica de los focos activos de malaria en el Caribe colombiano 2008-2020. Luis Acuña Cantillo	Pág. 61	P-058	Identificación y susceptibilidad de micobacterias no tuberculosas en el servicio diagnóstico de la Corporación para las Investigaciones Biológicas CIB, 2010-2024. Ángela Fernández	Pág. 65
P-043	Reactivación de la enfermedad de Chagas en pacientes post-trasplante: lineamientos nacionales para su seguimiento. Maryi Lorena Segura Alba	Pág. 61	P-059	Genomic and phenotypic characterization of two <i>Mycobacterium abscessus</i> complex isolates in Medellín, Colombia. Uriel Hurtado Páez	Pág. 65
P-044	Efecto de la respuesta autoinmune sobre la anemia y la trombocitopenia en niños coinfectados con <i>Plasmodium vivax</i> y geohelminths en Córdoba Colombia. María Fernanda Yasnot	Pág. 62	P-060	Análisis sociodemográfico de la mortalidad por tuberculosis meningea en Colombia. Jairo Antonio Cárdenas Londoño	Pág. 65
P-045	Efecto de la infección por <i>P. vivax</i> sobre las citoquinas y quemoquinas y su rol en los grados de trombocitopenia. Marian Marcela Muskus	Pág. 62	EPIDEMIOLOGÍA Y CONTROL DE INFECCIONES		
P-046	Efectividad del tratamiento de trimetoprim - sulfametoxazol en la ciclosporidiasis: un metanálisis. Luis Felipe Mosquera Solano	Pág. 62	P-061	Impacto de la implementación de una estrategia multimodal para la contención de los Microorganismos Productores de Carbapenemasas (MPC) en un hospital pediátrico de cuarto nivel en Bogotá, Colombia. Sandra Liliana Romero Torres	Pág. 65
P-047	Evaluación del efecto <i>in vitro</i> de 3-1H-indol-3-il-pirazoles sobre <i>Toxoplasma gondii</i>. Derly Lorena Vanegas Suárez	Pág. 62	P-062	Impacto de la estrategia de identificación de colonización por Microorganismos Productores de Carbapenemasas (MPC): experiencia en un hospital universitario de referencia en Bogotá, Colombia. Martha Carolina Valderrama Ríos	Pág. 66
P-048	Síndrome febril tropical en pacientes del Hospital Militar Central: enero 2023 a mayo 2024. Hernán Darío Vergara Samur	Pág. 62	P-063	Predictores de mortalidad en pacientes con COVID-19 grave: experiencia de la unidad de cuidados intensivos en un centro de referencia colombiano. Carlos Rebolledo Maldonado	Pág. 66
MICOLOGÍA					
P-049	Actividad antifúngica e inmunomoduladora del péptido LL37-1 en el tratamiento de la candidiasis vulvovaginal: un estudio <i>in vitro</i> e <i>in vivo</i>. Maicol Mauricio Suarez Velandia	Pág. 63	P-064	Prevalencia y prácticas de higiene de manos entre pacientes en un hospital de alta complejidad en Medellín. Julián Felipe Ramírez Osorio	Pág. 66
P-050	Langmuir-Blodgett study of the interaction between lipid of mycelial and yeast phases of <i>Histoplasma capsulatum</i> (Hc) of clinical and environmental isolates with Amphotericin B (AmB). Pedronel Araque Marín	Pág. 63	P-065	Factores ambientales y sociales de las comunidades, relacionados a la frecuencia de casos de dengue en Tuluá, Valle del Cauca en el año 2023. Nicolás Delgado Garcés	Pág. 66
P-051	Caracterización de infecciones por <i>Cryptococcus spp.</i> en adultos atendidos en un hospital de cuarto nivel. Alejandra Contreras Torres	Pág. 63	P-066	Desarrollo de un modelo de predicción multivariable diagnóstico de un resultado positivo de SARS-CoV-2 RT-PCR en trabajadores de la salud con sospecha de infección por SARS-CoV-2 en entornos hospitalarios. Sandra Liliana Valderrama Beltrán	Pág. 66
P-052	Histoplasmosis: una infección fúngica relevante no necesariamente asociada a inmunosupresión. Silvia Juliana Duran Sánchez	Pág. 63	INFECTOLOGÍA ADULTOS		
P-053	Distribución de frecuencia y susceptibilidad antifúngica en especies de <i>Candida spp.</i> de candidemias en Antioquia, Colombia 2017-2023. Eliana Andrea Saldarriaga Quintero	Pág. 64	P-067	Caracterización de una cohorte de pacientes con bacteriemia asociada al catéter de hemodiálisis en un hospital de la ciudad de Medellín. Mariana Montoya Castillo	Pág. 67

P-068	Hepatitis por dengue: características epidemiológicas, clínicas y desenlaces en un centro de cuarto nivel de atención del sur colombiano. Daniela Perdomo	Pág. 67	PROA
P-069	Caracterización de la diversidad genética en aislamientos colombianos de <i>Porphyromonas gingivalis</i>. Nathaly Andrea Delgado Salgado	Pág. 67	P-084 Implementación del Programa de Optimización del Uso de Antimicrobianos (PROA) en pacientes adultos en el Hospital Universitario San Rafael de Tunja durante el periodo junio 2023 a julio 2024. Santiago Sánchez Pardo
P-070	Comparación entre RT qPCR y métodos tradicionales en la identificación de la colonización nasofaríngea por <i>Streptococcus pneumoniae</i> en adultos con comorbilidades. André Emilio Viñán Garcés	Pág. 67	P-085 Impacto económico y microbiológico de la implementación del Programa de uso Optimizado de Antimicrobianos (PROA) en Clínica CES. Natalí Uribe Pulido
P-071	Prevalence of <i>Pseudomonas aeruginosa</i> in patients with ICU-related respiratory infections: a secondary analysis of the European Network for ICU-Related Respiratory Infections (ENIRRI). Cristian C. Serrano Mayorga	Pág. 68	P-086 Identificación de prescripción inadecuada de antibióticos durante la implementación de un Programa de Optimización de Antimicrobianos (PROA) en una institución de alta complejidad. Juan Nicolás Contreras Contreras
P-072	Un panel de PCR múltiple para neumonía en pacientes críticamente enfermos con neumonía no demostró reducción de la mortalidad: un estudio de Cohorte. Luisa Fernanda Riaño Sánchez	Pág. 68	P-087 Reacciones adversas a medicamentos en Unidad de Cuidados Intensivos (UCI): una oportunidad para el Programa de Optimización de Antimicrobianos (PROA). Oscar Johan Narváez Anganoy
P-073	Risk factors for <i>Pseudomonas aeruginosa</i> in ICU-Related Respiratory Infections. An analysis from the European Network for ICU-Related Respiratory Infections (ENIRRI) study. Cristian C. Serrano Mayorga	Pág. 68	P-088 Impacto del Programa de Optimización de Antimicrobianos (PROA) en el indicador de ajuste oportuno de la terapia antimicrobiana: experiencia en un hospital universitario de referencia en Bogotá, Colombia. Martha Carolina Valderrama Ríos
P-074	Experiencia de infección por dengue en pacientes oncológicos en un hospital de tercer nivel en Colombia. Daniela Vinuesa Obando	Pág. 68	P-089 Impacto en la adherencia al protocolo "código sepsis" en un hospital de IV nivel en Colombia. Lina Marcela García
P-075	Caracterización de adultos con aislamiento de <i>Stenotrophomonas maltophilia</i> en una institución de alta complejidad entre 2019 y 2023. Valeria Gómez Sepúlveda	Pág. 69	P-090 Eficiencia hospitalaria de un Programa de Optimización de Antimicrobianos (PROA) pediátrico en un hospital de IV nivel. Ana María Monsalve
P-076	Detección de genes de resistencia por PCR múltiple en una institución de alta complejidad de Colombia, 2019-2024. Diana Paola Buitrago Gómez	Pág. 69	P-091 PROA VID: 6 años de indicadores de impacto en la práctica clínica y la seguridad del paciente. Gustavo Eduardo Roncancio Villamil
P-077	Bioactive IL-1B is a strict local cytokine in infectious inflammation. A potential follow-up biomarker and therapeutic target in chronic inflammation? Juan Olivella-Gómez	Pág. 69	VACUNACIÓN
P-078	Diversidad del microbioma pulmonar asociada con la mortalidad hospitalaria en pacientes intubados admitidos en la UCI. Ingrid G. Bustos Moya	Pág. 69	P-092 Comparación de la respuesta humoral a una vacuna inactivada contra SARS- CoV-2 (Coronavac®) en un esquema de vacunación convencional (0-4 semanas) versus extendido (0-≥5 semanas). María José Amaya
P-079	Tuberculosis gastrointestinal en países de las Américas: revisión sistemática de literatura 2014-2023. Jhon Steven Castaño Orozco	Pág. 69	P-093 Pregnancy outcomes following unintentional exposure to tak-003, a live-attenuated tetravalent dengue vaccine. Mauricio Bernal
INMUNOSUPRIMIDOS NO VIH			P-094 Tendencias en la frecuencia de verrugas genitales tras la vacunación contra el Virus del Papiloma Humano (VPH) en Colombia. Fernando De La Hoz Restrepo
P-080	Mortalidad intrahospitalaria en pacientes adultos inmunodeprimidos con neumonía adquirida en la comunidad ingresados en la UCI. Juan Camilo Olivella	Pág. 70	EPIDEMIOLOGÍA Y CONTROL DE INFECCIONES
P-081	Biomarcadores inflamatorios en pacientes con lupus eritematoso sistémico en urgencias. Daniela Perdomo	Pág. 70	P-095 Calidad del agua en comunidades indígenas del Chocó: un desafío para reducir las enfermedades infecciosas gastrointestinales y de la piel. Luisa Fernanda Guzmán Sánchez
P-082	Características clínicas y factores asociados a mortalidad en bacteriemia por <i>Stenotrophomonas maltophilia</i> en población oncológica. Julían Andres Hoyos Pulgarín	Pág. 70	P-096 Flebitis infecciosa e infecciones del torrente sanguíneo asociada al uso de catéter venoso periférico en el Hospital San Vicente Fundación de Medellín. María Patricia Ortiz
P-083	Impacto de la inmunosupresión en los resultados clínicos de pacientes críticos con neumonía. Natalia Sanabria Herrera	Pág. 70	P-097 Manejo y control de brote por rotavirus en una unidad neonatal de una institución de alta complejidad en la ciudad de Medellín Paula Andrea Salazar Patiño

- P-098** **Epidemiología de la meningitis en el departamento de Sucre, 2023.**
Diana Paola Palencia Sánchez **Pág. 74**
- P-099** **Infección por el virus varicela zoster (VZV) en el departamento de Sucre, 2023.**
Diana Paola Palencia Sánchez **Pág. 74**
- P-100** **Cambios de la microbiota ambiental en la Unidad de Cuidados Intensivos (UCI) adultos en un hospital colombiano cuatro años después de su ocupación 2018-2022.**
Jinnethe Cristina Reyes Manrique **Pág. 74**
- P-113** **Caracterización de agentes etiológicos de infecciones respiratorias agudas en población pediátrica de un hospital infantil en Cartagena de Indias durante el segundo periodo del 2022.**
Margarita María Ochoa Díaz **Pág. 77**
- P-114** **Vigilancia epidemiológica de la sífilis gestacional y congénita, Antioquia, 2021 – 2022.**
Natalia Arango Serna **Pág. 78**

MEDICINA TROPICAL Y PARASITOLOGÍA

- INFECTOLOGÍA ADULTOS**
- P-101** **Factores de riesgo para infección por microorganismos diferentes a *Escherichia coli* en pacientes adultos con pielonefritis aguda adquirida en la comunidad hospitalizados.**
Mariana Pimiento Díaz **Pág. 74**
- P-102** **Desarrollo de un modelo de puntuación basado en LASSO para predecir la mortalidad a un año en pacientes con neumonía grave adquirida en la comunidad en cuidado crítico.**
Natalia Sanabria Herrera **Pág. 75**
- P-103** **Factores asociados a mortalidad en pacientes oncológicos con bacteriemia por enterobacterias productoras de carbapenemasas.**
Julián Andres Hoyos Pulgarín **Pág. 75**
- P-104** **Bacteriemia y respuesta proinflamatoria tras tratamiento no quirúrgico y antibióticos coadyuvantes en pacientes con síndrome coronario agudo reciente.**
Diana Marcela Castillo **Pág. 75**
- P-105** **Factores asociados con el uso de cefepime vs piperacilina/tazobactam en pacientes con neumonía adquirida en la comunidad admitidos en la unidad de cuidados intensivos.**
Cristian Camilo Serrano Mayorga **Pág. 75**
- P-106** **Seroprevalencia de sífilis en donantes de sangre en un centro de referencia colombiano.**
David Esteban Castro Restrepo **Pág. 76**
- P-107** **Identificación y comparación del microbioma respiratorio inferior mediante cultivo convencional y secuenciación del Gen 16S rRNA en pacientes intubados con y sin neumonía asociada a la ventilación.**
Ingrid Gisell Bustos Moya **Pág. 76**
- P-108** **Impacto del tiempo de ajuste de antimicrobianos en pacientes con bacteriemia por bacilos Gram negativos y tasa de filtración glomerular disminuida.**
Gerardo Antonio Muñeton **Pág. 76**
- P-115** **Validación de la espectroscopia de FT-IR para la identificación de *Cryptosporidium spp.* en muestras de agua.**
Juan Felipe Ramírez Giraldo **Pág. 78**
- P-116** **Desenlaces clínicos de la enfermedad de chagas en pacientes del Hospital Militar Central: un estudio de cohorte retrospectivo (2014-2024).**
Hernán Darío Vergara Samur **Pág. 78**
- P-117** **Caracterización del dengue en el municipio de Ibagué, 2020-2023: un análisis especial del dengue grave.**
Daniel Alejandro Hincapié Urrego **Pág. 78**
- P-118** **Evaluación de dos métodos para la recuperación de formas parasitarias de *Blastocystis sp.* en muestras de agua.**
Gloria Deicy Muñoz Sánchez **Pág. 78**
- P-119** **Diagnóstico molecular de virus y protozoos en agua e higiene relacionado a diarrea en menores de 5 años en Ciénaga, Magdalena-Colombia año 2023: estudio de casos y controles.**
Jamith Ricardo Maestre Garzón **Pág. 79**
- P-120** **Evaluación de la expresión del gen CCL20 en un modelo *ex vivo* de células mononucleares de sangre periférica humana (PBMC) infectadas con *Toxoplasma gondii* RH.**
Luz Andrea Aranda Arango **Pág. 79**
- P-121** **Interacción molecular entre compuestos del extracto etanólico de *Ocotea tessmannii* y la cruzipaina de *Trypanosoma cruzi*.**
María Alejandra Gil Martínez **Pág. 79**

RESISTENCIA BACTERIANA

- INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA**
- P-109** **Manifestaciones clínicas de gravedad y codetección viral en infección respiratoria aguda baja.**
Ofelia Pérez Lopera **Pág. 76**
- P-110** **La pandemia COVID-19 y su efecto en la infección por adenovirus en niños: un estudio comparativo de antes y después.**
Diana Li Zeng **Pág. 77**
- P-111** **Características epidemiológicas, clínicas y microbiológicas de las infecciones por *Staphylococcus aureus* en pediatría en dos instituciones de salud de Santander.**
José Antonio Vargas Soler **Pág. 77**
- P-112** **Caracterización de pacientes con tuberculosis congénita y perinatal probable, atendidos en centros de cuarto nivel en Medellín, Colombia entre 2020– 2023.**
Catalina Arango Ferreira **Pág. 77**
- P-122** **Caracterización genómica de aislamientos colonizadores nasales de *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (MRSA) de pacientes en Unidades de Cuidados Intensivos (UCIs) de hospitales en Colombia.**
Catalina Orejuela **Pág. 79**
- P-123** **Explorando el potencial antimicrobiano y antioxidante de extractos de plantas etnobotánicas de Antioquia-Colombia contra bacterias patógenas transmitidas por alimentos.**
Ana María Mesa Vanegas **Pág. 80**
- P-124** **Factores de riesgo relacionados con la infección por bacterias multirresistentes en neonatos hospitalizados en unidad de cuidados intensivos en dos instituciones de Barranquilla enero 2021-marzo 2022.**
Zaira María Sánchez **Pág. 80**
- P-125** **Susceptibilidad de Enterobacterales en pacientes con diabetes mellitus y pielonefritis aguda adquirida en la comunidad en Colombia.**
Julián Antonio Niño Godoy **Pág. 80**
- P-126** **Caracterización microbiológica y genómica de aislamientos clínicos en un hospital de tercer nivel de complejidad en Bogotá, Colombia.**
Paula Lucía Díaz Guevara **Pág. 80**
- P-127** **Investigaciones genómicas sobre enterobacterias resistentes a carbapenémicos en Europa utilizando *Escherichia coli* como ejemplo.**
Valentina Valenzuela Dallos **Pág. 80**

INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA

- TCO-007** **Impact of molecular diagnostic techniques on the Acute Respiratory Infection Sentinel Surveillance Program, Antioquia, Colombia, 2022.**
 María Angelica Maya Restrepo **Pág. 87**
- TCO-008** **Detection of a novel Adenovirus C89 genotype and re-emergence of B3 associated to severe acute respiratory infections outbreak in children, in Antioquia, Colombia, 2022.**
 María Angelica Maya Restrepo **Pág. 88**
- TCO-009** **Clinical rules for bacterial pneumonia. A systematic review and diagnostic test metaanalysis.**
 Laura Valencia Valencia **Pág. 88**

ECONOMÍA DE LA SALUD Y SALUD PÚBLICA

- TCO-010** **Toxoplasmosis congénita, una enfermedad desatendida. Evaluación del cumplimiento de las guías de práctica clínica colombianas.**
 Mauricio Daniel Carrascal Petro **Pág. 88**
- TCO-011** **Gasto de bolsillo de familias de pacientes pediátricos con drepanocitosis que reciben vacunación complementaria en el Caribe colombiano.**
 Carlos Alberto Pérez Yepes **Pág. 88**

OTROS TÓPICOS

- TCO-012** **Com_Y1bF una nueva familia de proteínas modulando la patogenicidad y virulencia de *Staphylococcus aureus*.**
 Zayda Lorena Corredor Rozo **Pág. 89**

RESISTENCIA BACTERIANA

- TCO-013** **Frecuencia de venta de antibióticos sin prescripción médica en droguerías de Medellín, Colombia 2023.**
 Luis Felipe Higueta Gutiérrez **Pág. 89**
- TCO-014** **Effect of inappropriate treatment in adult patients with community-acquired acute pyelonephritis on empirical treatment with cephalozolin.**
 Laura Cristina Nocua Báez **Pág. 89**

EPIDEMIOLOGÍA HOSPITALARIA Y CONTROL DE INFECCIONES

- TCO-015** **Increased mortality in patients with healthcare-associated infections in a Colombian cohort with COVID-19: A multicenter study.**
 Sebastián Alejandro Mackenzie Martínez **Pág. 89**

INFECTOLOGÍA ADULTOS

- TCO-016** **Evaluación de protocolos de hemocultivos, ¿Cuál es el aporte de una segunda botella anaerobia?**
 Paula Cristina Vergara Aguilar **Pág. 90**

MICOLOGÍA

- TCO-017** **Frecuencia de Aspergilosis Invasiva en pacientes con neoplasia hematológica formulados con voriconazol en el Instituto Nacional de Cancerología del 01 de enero de 2014 al 31 de diciembre de 2016.**
 Gabriel Alonso Rodríguez Caicedo **Pág. 90**

VIROLOGÍA

- TCO-018** **Diseño *in silico* y evaluación de la seguridad e inmunogenicidad de vacuna basada en péptidos para Morbillivirus en ratones con el virus del distemper canino (CDV) como modelo viral.**
 Santiago Rendon Marín **Pág. 90**

PRESENTACIONES EN POSTER

EPIDEMIOLOGÍA HOSPITALARIA Y CONTROL DE INFECCIONES

- TCP-001** **Mediastinitis: una complicación inusual en cirugía cardiovascular pediátrica. Serie de casos y revisión de la literatura.**
 Laura Isabel Manosalva Arciniegas **Pág. 90**
- TCP-002** **Impacto de implementación de un equipo especializado en terapia vascular en infecciones por catéter venoso central en pacientes pediátricos: Estudio de cohortes antes y después en un centro de referencia.**
 Sandra Lilita Romero Torres **Pág. 91**

INFECTOLOGÍA ADULTOS

- TCP-003** **Post covid syndrome and conditions associated with COVID-19: characterization, model of care and clinical outcomes in Colombia.**
 Carlos Arturo Álvarez Moreno **Pág. 91**
- TCP-004** **FilmArray® neumonía en pacientes con neumonía adquirida en la comunidad: Perfil epidemiológico en un hospital de tercer nivel en Medellín - Colombia, 2020 - 2023.**
 Natalia Henao Piedrahita **Pág. 91**
- TCP-005** **Linezolid vs estándar de tratamiento para la bacteriemia por *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina: un estudio de cohorte retrospectiva en la ciudad de Bogotá.**
 Carlos Ernesto Moreno Ramírez **Pág. 91**
- TCP-006** **Análisis de supervivencia a neuroinfección en pacientes hospitalizados en un centro de alta complejidad de Ibagué entre 2022 y 2023.**
 Karen Tatiana Sánchez **Pág. 92**

INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA

- TCP-007** **Uso racional de vancomicina en una unidad de cuidado intensivo neonatal en Bogotá: Experiencia del Hospital San José – Reporte preliminar.**
 Nataly Rodríguez **Pág. 92**
- TCP-008** **Descripción de las características epidemiológicas y clínicas de los pacientes pediátricos con infección osteoarticular en dos hospitales de Bogotá.**
 Laura Camila Parra Cárdenas **Pág. 92**
- TCP-009** **Caracterización de episodios de neutropenia febril en población pediátrica con enfermedad hemato-oncológica del Hospital Militar Central en los años 2017 – 2021.**
 Laura Carolina Cárdenas Morón **Pág. 92**
- TCP-010** **Implementación clínica del sistema Filmarray® en el diagnóstico de la meningitis/encefalitis en pacientes pediátricos en tres instituciones de la costa norte de Colombia durante el 2019 - 2020.**
 Zaira María Sánchez **Pág. 92**

MEDICINA TROPICAL Y PARASITOLOGÍA

- TCP-011** Viabilidad de *Cryptosporidium spp*, *Giardia sp* y *Cyclospora cayatanensis* en muestras de agua del río Quindío, Colombia.
Fabiana María Lora Suarez **Pág. 93**
- TCP-012** Coinfecciones y curso clínico no usual en niños y adolescentes con dengue atendidos en una institución de salud de Bucaramanga entre 2018 al 2020.
Luis Miguel Sosa Ávila **Pág. 93**
- TCP-013** Western Blot y su desempeño diagnóstico para toxoplasmosis congénita: un metaanálisis.
Sebastián Serna Rivera **Pág. 93**
- TCP-014** Descripción del aporte de un software a la lectura del western blot para el diagnóstico de toxoplasmosis congénita en el primer mes de vida.
María Antonia Restrepo Duque **Pág. 93**

MICOBACTERIAS

- TCP-015** Caracterización fenotípica y molecular de colonias de *Mycobacterium tuberculosis* resistentes a D-cicloserina seleccionadas *in vitro*.
Alejandra Osorio **Pág. 94**
- TCP-016** Identification of genetic variants in spontaneous *in vitro* mutants of *Mycobacterium tuberculosis* H37Rv resistant to meropenem/clavulanic acid.
Mónica Gómez **Pág. 94**

MICOLOGÍA

- TCP-017** Caracterización de la respuesta inmune *in situ* en mucosa vaginal de pacientes con candidiasis vulvovaginal recurrente.
Ángel González **Pág. 94**
- TCP-018** Características clínicas, microbiológicas y desenlaces de la candidiasis invasora en adultos en un hospital de alta complejidad.
Alexander Salinas Cesar **Pág. 94**
- TCP-019** Sinergia Antifúngica: Explorando el mecanismo de acción de la combinación de extractos vegetales y péptidos sintéticos como potentes alternativas terapéuticas contra *Candida spp*.
Yerly Vargas Casanova **Pág. 94**
- TCP-020** Candidemia en 3 instituciones de alta complejidad de Bogotá (Colombia) 2017-2021 Cohorte retrospectiva.
Santiago Sánchez Pardo **Pág. 95**
- TCP-021** Características clínicas, microbiológicas e imagenológicas de las infecciones fúngicas invasoras en pacientes críticamente enfermos no hematológicos de una institución de alta complejidad en la ciudad de Bogotá.
José Yamit Niquefa Velásquez **Pág. 95**
- TCP-022** Características epidemiológicas, clínicas de pacientes con enfermedad fúngica invasora en un hospital de tercer nivel en Medellín en el periodo 2014-2020.
Sebastián Barrera-Escobar **Pág. 95**
- TCP-023** Comparación del Candida Score, Score de Ostrosky-Zeichner y Nebraska Medical Center Rule para el diagnóstico de candidemia en pacientes en un hospital de la ciudad de Medellín, Colombia.
Luis Gabriel Salgado Montiel **Pág. 95**

OTROS TÓPICOS

- TCP-024** Enzimas derivadas de bacteriófagos como alternativa para el problema de la resistencia en *S. aureus* y *K. pneumoniae*.
Dayan Lozano **Pág. 96**

- TCP-025** Efecto de los inhibidores de la bomba de protones sobre la fisiología de *Helicobacter pylori*.
Vanesa Blandón Arias **Pág. 96**

PROA

- TCP-026** Penicillin allergy risk characterization based on a measuring algorithm in a high complexity clinic in Medellín 2023-2024.
Isabel Osorio Velásquez **Pág. 96**

RESISTENCIA BACTERIANA

- TCP-027** Cócteles de bacteriófagos con alta especificidad contra clones de alto riesgo de *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos: descripción de características biológicas y estructurales promisorias para su aplicación.
Sara Téllez Carrasquilla **Pág. 96**

VACUNACIÓN

- TCP-028** Percepciones y factores relacionados con la aceptación o rechazo a la vacuna contra la COVID-19 para el desarrollo de una estrategia de intervención psicoeducativa.
Laura Juliana Valderrama Orbeagozo **Pág. 97**
- TCP-029** Vacuna RBD trimérica contra SARS-CoV-2 muestra un posible modelo de gestión para el fortalecimiento de la soberanía biotecnológica en los países en desarrollo.
Luis Flórez **Pág. 97**

VIH

- TCP-030** Pasa a ser OFC-001 ver sesión oral de VIH jueves 2:00 a 4:00 p.m.
- TCP-031** Recordando el viejo síndrome de "AIDS-phobia" después de 40 años de epidemia: una serie de casos.
Natasha Andreina Camejo Ávila **Pág. 97**
- TCP-032** Revisión Sistemática de la Investigación sobre VIH en Venezuela: Lagunas y Oportunidades.
Jesús Morgado **Pág. 97**
- TCP-033** Micosis oportunistas en pacientes con VIH/sida: caracterización de una población en Bogotá, Colombia.
Valeria Gómez Sepúlveda **Pág. 98**
- TCP-034** Mutaciones de resistencia a la terapia antirretroviral en pacientes con VIH en falla virológica en una IPS de la ciudad de pasto del año 2017 al 2021.
Luis Carlos Moreno López **Pág. 98**
- TCP-035** Vitamin D decreases susceptibility of CD4+ T cells to HIV infection by reducing glucose uptake: an In-vitro approach.
John Darío Loaiza Durán **Pág. 98**

VIROLOGÍA

- TCP-036** Desenlaces clínicos de pacientes pediátricos inmunosuprimidos infectados con SARS-CoV-2 en un centro de alta complejidad del suroccidente colombiano en la era prevacunal.
Paola Marsela Pérez Camacho **Pág. 98**
- TCP-037** Desenlaces clínicos de pacientes pediátricos inmunosuprimidos infectados con SARS-CoV-2 en un centro de alta complejidad del suroccidente colombiano en la era prevacunal.
Jaime Alberto Patiño Niño **Pág. 99**
- TCP-038** Caracterización de la población pediátrica SARS-CoV-2/COVID-19 positiva en dos instituciones en la ciudad de barranquilla y una institución en Soledad entre enero y octubre del 2020.
Zaira María Sánchez **Pág. 99**

PRESENTACIONES ORALES

VIROLOGÍA

O-001

Evaluación del efecto del material particulado (PM10) en neutrófilos humanos expuestos a Rhinovirus.

Loaiza-Ceballos M, Gómez-Gallego D, Hernández-López J. Universidad de Antioquia, Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín.
mariaac.loaiza@udea.edu.co

Introducción. Los contaminantes del aire afectan gravemente la salud, entre estos, el material particulado (PM10) está formado por partículas con diámetro entre 2,5µm y 10µm que puede ingresar al tracto respiratorio, atraer células inmunes y provocar fenómenos inflamatorios y citotóxicos que alteran la función pulmonar y hacen más susceptible a infecciones por virus respiratorios. El objetivo de este estudio fue evaluar la respuesta inflamatoria inducida por el PM10 de la ciudad de Medellín, en neutrófilos expuestos a Rhinovirus (RV), además de evaluar el efecto de la exposición a PM10 en la carga viral de RV en células A549. **Materiales y métodos.** Diseño experimental *in vitro*. El potencial citotóxico se determinó mediante la técnica MTT, la cuantificación de las citoquinas proinflamatorias IL-1β y TNFα por ELISA y el ARNm de la molécula ICAM-1 por medio de RT-PCR. Para esto se realizaron estímulos con diferentes concentraciones de PM10 y RV en neutrófilos y células A549. **Resultados.** Los resultados demuestran que la exposición a PM10 en concentraciones menores a 10µg/mL, no desencadena fenómenos citotóxicos significativos en neutrófilos, pero al estar expuestos a PM10 y Rhinovirus sí evidencia aumento de IL-1β y el ARNm de ICAM-1, al igual que la carga viral de Rhinovirus especialmente en neutrófilos y células expuestas a mayores concentraciones de PM10. **Conclusiones.** Estos resultados demuestran que la exposición a PM10 y Rhinovirus puede favorecer la aparición de complicaciones durante la infección viral, relacionadas principalmente con el desarrollo de estados proinflamatorios y por el aumento de la carga viral del virus.

O-002

Biflavonoides aislados a partir de *Garcinia madruno* inhiben el SARS-CoV-2. en pruebas *in vitro*.

Zapata-Cardona M, Monsalve-Escudero L, Tabares-Guevara J, Osorio E, Zapata-Builes W, Aguilar-Jiménez W. Universidad de Antioquia. Medellín.
mariaisab5@gmail.com

Introducción. Debido a la escasez de opciones terapéuticas para COVID-19, investigamos las propiedades antivirales de tres biflavonoides obtenidos a partir de extractos de *Garcinia madruno* y sus efectos contra el SARS-CoV-2 en dos líneas celulares. **Materiales y métodos.** Se evaluó la citotoxicidad de Volkens Flavone, Fukoside y Morelloflavone (concentraciones desde 100 µM) sobre las líneas celulares Vero E6 y A549 transfectadas con receptor ACE2 y TMPRSS2 por 48 horas, mediante el ensayo de MTT. Se utilizó una estrategia de pre-co-post tratamiento para la evaluación antiviral de los compuestos (concentraciones 1,6-12,5 µM) contra el linaje ancestral B.1 y la variante ómicron (BA.1.1) del SARS-CoV-2 (MOI 0.01). La cuantificación de partículas virales infecciosas se realizó por ensayo de plaqueo. Se utilizó Cloroquina (100 µM) como control de inhibición viral. Además, se evaluó la afinidad de unión de los compuestos *in silico* contra las proteínas virales Spike, RdRp y 3CL pro. **Resultados.** La viabilidad de las células vero E6 no se afectó en presencia de los tres biflavonoides evaluados a concentraciones inferiores o iguales a 100 µM. Volkensiflavone, Fukoside y Morelloflavone demostraron la capacidad de inhibir las partículas virales infecciosas de B.1 en hasta un 99%,

80% y 53,7%, respectivamente, a las concentraciones evaluadas. Los compuestos tuvieron una energía libre de unión favorable con las tres proteínas virales. **Conclusiones.** Nuestros resultados sugieren que compuestos naturales como Volkensiflavone, Fukoside y Morelloflavone tienen un efecto antiviral sobre el ciclo replicativo del SARS-CoV-2 *in vitro*. Ensayos adicionales permitirán dilucidar el posible mecanismo de acción involucrado y su efecto sobre variantes de este virus.

O-003

Mecanismo antiviral de los N,N-Dimetil-3,5-dihalotirosinatos de metilo contra dos arbovirus emergentes de la última década, CHIKV y ZIKV.

Loaiza-Cano V, Pardo-Rodríguez D, Santander-Zárate M, Vázquez C, Pastrana-Restrepo M, Cordo S, García C, Galeano E, Cala-Molina M, Martínez-Gutiérrez M. Grupo de Investigación en Ciencias Animales – Grica - Universidad Cooperativa de Colombia, Metabolomics Core Facility – Metcore, Universidad de los Andes, Laboratorio de Estrategias Antivirales - Universidad de Buenos Aires, Grupo de Productos Naturales Marinos - Universidad de Antioquia. Medellín.
vanessa.loaiza@udea.edu.co

Introducción. En la última década los virus Zika y Chikungunya (ZIKV y CHIKV) generaron grandes epidemias tras su aparición en América. Se identificaron dos compuestos con actividad antiviral contra ambos virus, pero se ha ahondado poco sobre su mecanismo de acción. El objetivo de este estudio es identificar el mecanismo de acción antiviral de compuestos dihalogenados derivados de L-Tirosina contra aislados clínicos de CHIKV y ZIKV. **Materiales y métodos.** Se probaron dos compuestos (uno dibromado y otro diclorado) frente a ZIKV y CHIKV. Se evaluaron las estrategias pre-tratamiento, post-tratamiento y virucida. La infección se cuantificó por plaqueo, qPCR, cell-ELISA e IFI (microscopía confocal). Se realizó metabolómica no dirigida mediante RP-LC/QTOF-MS de células infectadas con/sin pre-tratamiento. **Resultados.** Los principales mecanismos anti-ZIKV fueron la actividad virucida no relacionada con la fusión, la reducción de proteína y genoma viral principalmente en post-tratamiento. El mecanismo anti-CHIKV, tuvo mayor efecto en pre-tratamiento reduciendo en más de 1 log las PVI, pero sin relacionarse con la reducción de proteína o el genoma viral en esta estrategia, tampoco con las etapas tempranas de la infección (adhesión o internalización). Se evaluó, entonces, el efecto sobre los cambios metabolómicos de la célula infectada con CHIKV y pre-tratada. Se encontraron cambios principalmente en el metabolismo de lípidos y aminoácidos de las células pretratadas-infectadas con ambos compuestos frente a las células infectadas posiblemente modulando la respuesta UPR y autofagia. **Conclusiones.** El mecanismo de acción de los compuestos es dependiente del modelo viral, mientras en ZIKV se comportaron como antivirales de acción directa (DAA), en CHIKV fueron dirigidos al hospedero (HDA).

O-004

Diferencias en la respuesta inmune de monocitos de sangre periférica a la infección *ex vivo* con dengue virus 2 en individuos inmunes y naïve.

Escobar-Pereira P, Toloza-Beltrán P, Restrepo-Chica J, Collins M, Rojas-Gallardo D, Jiménez-Posada E, Tabares-Villa F, Padilla-Sanabria L, Cardona-Ospina J. Universidad del Quindío, Instituto para La Investigación en Ciencias Biomédicas; Sci-help. Universidad de Emory, Universidad de Berkeley, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira.
paula.escobar@uam.edu.co

Introducción. El dengue representa una amenaza significativa para la salud pública, con una inmunopatogénesis compleja, especialmente en infecciones secundarias, donde la inmunidad previa influye en la severidad y naturaleza de la respuesta inmune. Este estudio investigó la respuesta de monocitos

de sangre periférica (PBMCs) según su inmunidad previa al dengue, caracterizando diferencias en la respuesta inmune a la infección *ex-vivo* con DENV 2

Materiales y métodos. Se realizó un estudio transversal en Pereira, Risaralda, en donde se clasificaron 14 sujetos en dos grupos según su inmunidad previa al dengue. Se cultivaron PBMCs, se evaluó su respuesta a DENV 2 utilizando citometría de flujo para analizar el fenotipo celular, Luminex para medir la producción de citoquinas, y se evaluó la carga viral en el sobrenadante de cultivo al tercer día post-estimulación con DENV 2

Resultados. Se encontró que los individuos con inmunidad previa presentaron mayor expansión de linfocitos, no atribuible a células T, reducción de monocitos y de expresión del HLA-DR. Los individuos naïve mostraron respuesta temprana con niveles altos de interleuquinas proinflamatorias (IL-4, IL-6, GM-CSF, IL-10, IL-13), que desaparecieron al tercer día post-infección. Al día 3, los PBMCs de sujetos con inmunidad previa mostraron niveles mayores de IL-2, IL-6 y VEGF- α , y menor carga viral en sobrenadante, correlacionada con mayor producción de IL-13

Conclusiones. Este estudio permitió identificar diferencias en la respuesta celular de PBMCs de individuos inmunes y naïve a DENV en un modelo de infección *ex-vivo* e identificar características de la respuesta asociadas a menor carga viral en el sobrenadante. Estos hallazgos contribuyen al entendimiento de la inmunopatogénesis del dengue.

O-005

Actividad anti-arbovirus del compuesto derivado de L-tirosina TODB-2M asociada posiblemente a la replicación del genoma viral.

Loaiza-Cano V, Vázquez C, Pardo-Rodríguez D, Arroyave-Saldarriaga A, Pastrana-Restrepo M, Cordo S, García C, Galeano E, Martínez-Gutiérrez M. Grupo de Investigación en Ciencias Animales – Griza - Universidad Cooperativa de Colombia, Laboratorio de Estrategias Antivirales - Universidad de Buenos Aires, Metabolomics Core Facility – Metcore - Universidad De Los Andes, Grupo de Productos Naturales Marinos - Universidad de Antioquia. Medellín.
vanessa.loaiza@udea.edu.co

Introducción. Se ha reportado la co-circulación de los arbovirus DENV, ZIKV y CHIKV. Ante la ausencia de antivirales es importante encontrar uno que tenga actividad frente a los tres. Se planteó identificar el potencial antiviral de cuatro compuestos O-Metilados di-halogenados derivados de L-Tirosina y tiramina contra tres arbovirus de importancia en la salud pública.

Materiales y métodos. Cuatro compuestos análogos dihalogenados derivados de L-Tirosina y tiramina fueron evaluados contra DENV-2/S16803, ZIKV/Col y CHIKV/Col en células VERO. Se buscó el posible mecanismo de acción *in vitro* del compuesto más promisorio evaluando la proteína y genoma viral por cell-ELISA, qPCR, microscopía confocal; las partículas virales infecciosas (PVI) se cuantificaron por plaqueo. La fusión se evaluó con liposomas fluorescentes. El acoplamiento y dinámica molecular con proteínas virales se evaluó por Autodock Vina® y GROMACS.

Resultados. TODB-2M fue el único compuesto que inhibió a los tres modelos virales. El mecanismo en DENV-2/S 16803 se relacionó con el pre-tratamiento (reducción de la fusión) y el post-tratamiento (ensamblaje del complejo proteico); en ZIKV/Col, con la actividad virucida, y disminución de proteína viral; en CHIKV/Col principalmente la actividad fue en POST-tratamiento sobre las PVI y proteína viral. En todos los modelos virales, redujo las copias genómicas/ml virales, concordando con los resultados *in silico*, donde las mejores energías de unión y complejos más estables se obtuvieron con al menos uno de los dominios de la polimerasa viral.

Conclusiones. TODB-2M es un compuesto con actividad anti-arbovirus, con varios mecanismos de acción dependientes del virus, pero su reducción del genoma viral fue transversal a todos los modelos evaluados.

O-006

Perfil transcripcional de células mononucleares de sangre periférica expuestas al SARS-CoV-2: exploración de mecanismos de regulación en cis de componentes de la respuesta inmune.

Marín-Palma D, Fernández G, Taborda N, Hernández J. Universidad Cooperativa de Colombia, Universidad de Antioquia, Corporación Universitaria Remington. Medellín.
juankhernandez@gmail.com

Introducción. A pesar de los avances en la vacunación, el SARS-CoV-2 sigue planteando una amenaza para la salud pública mundial. Por esto, es fundamental profundizar en los mecanismos de patogénesis de la COVID-19, en particular, su asociación con procesos inflamatorios, que permitan identi-

car posibles blancos terapéuticos.

Materiales y métodos. Este estudio analizó los perfiles transcripcionales de células mononucleares de sangre periférica (CMSP) obtenidas de donantes sanos tras la exposición *in vitro* al SARS-CoV-2 usando la tecnología RNA-sequencing.

Resultados. Nuestros resultados evidencian que el SARS-CoV-2 regula la expresión de 790 genes, incluyendo 733 genes que corresponden a ARNm y 57 a ARN no codificantes (lncRNA, con funciones reguladoras). Los principales procesos biológicos involucrados fueron la respuesta inmune, el metabolismo de lípidos y carbohidratos, la señalización intracelular y la proliferación celular. Entre estos, la respuesta inflamatoria agrupa la mayoría de los genes regulados con un aumento en la expresión de quimiocinas involucradas en el reclutamiento de linfocitos, neutrófilos y monocitos. Adicionalmente, la exposición al SARS-CoV-2 aumenta la expresión de factores de transcripción asociados con las vías inflamatorias (ej. JUN, RELB, NFKB2), y de lncRNA involucrados en la regulación en cis de diferentes genes.

Conclusiones. En conjunto, nuestros resultados indican que el SARS-CoV-2 puede regular la expresión de múltiples genes relacionados principalmente con la respuesta inflamatoria. Entre estos los lncRNA establecen un mecanismo en la regulación de la respuesta inmune frente al virus y podrían estar contribuyendo al desarrollo de las formas graves de COVID-19, constituyendo un posible blanco terapéutico, que requiere investigación adicional.

O-007

Evaluación del efecto antiviral de extractos de polisacáridos de *Ganoderma parvulum* y *Lentinus crinitus* contra tres arbovirus de importancia clínica.

Aguirre-Aviles M, Loaiza-Cano V, López-Legarda X, Segura-Sánchez F, Martínez-Gutiérrez M. Universidad de Antioquia, Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín.
daniela.aguirre@udea.edu.co

Introducción. Los arbovirus son un problema de salud pública a nivel mundial. No disponemos de terapias aprobadas, por lo tanto, la naturaleza es una fuente para su búsqueda. Se evaluó el efecto antiviral de intra-(IPS) y exopolisacáridos (EPS) de los hongos *Ganoderma parvulum* (G) y *Lentinus crinitus* (L) contra DENV, ZIKV, CHIKV

Materiales y métodos. Se evaluó citotoxicidad sobre células VERO por MTT junto con la disminución de partículas virales infecciosas en DENV-2/S16803, ZIKV/Col y CHIKV/Col en estrategias antivirales: combinada, pretratamiento, postratamiento, ensayo virucida. Se identificaron copias genómicas/mL por RTqPCR y proteínas virales por Cell ELISA

Resultados. En pretratamiento la inhibición de DENV fue 66,1% (LIPS), ZIKV de 51,5% y 59,6%, 98,1%, y 80,9% (LEPS, LIPS, GEPS y GIPS); en CHIKV mayores al 81,0% todos los extractos. En postratamiento, las inhibiciones, en DENV del 38,0% y 39,5% (LIPS y GIPS); en ZIKV del 80,5%, 91,9%, 98,6%; 98,1% (LEPS, LIPS, GEPS, GIPS); y en CHIKV todos los extractos inhibieron más del 97,0%. Finalmente, en el ensayo virucida se observaron inhibición en ZIKV en más del 85% con todos los extractos; Y en CHIKV, LEPS y LIPS inhibieron (67,1% y 62,5%). Se observó inhibición de copias genómicas/ml en CHIKV e inhibición de producción de proteínas virales en todos los arbovirus

Conclusiones. En DENV se observa actividad de IPS en pasos previos y posteriores a la internalización de partículas virales infecciosas, en ZIKV y CHIKV se presenta con todos los extractos. Solo con CHIKV se observa inhibición de copias genómicas. También se evidencia inhibición de producción de proteínas virales en los arbovirus.

O-008

Análisis del viroma de *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) del departamento de Córdoba.

Hoyos-López R, Atencia-Pineda M, Alemán M, Vertel C, Echeverri D, Martínez C, Gastelbondo B, Arrieta G, Mattar S. Universidad de Córdoba. Montería.
richardhoyos@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. El reciente reporte de *Aedes albopictus* en 5 municipios del departamento de Córdoba podría ser la causa para el aumento de casos de Dengue, Zika y otros arbovirus. La identificación de la diversidad viral tiene importancia en el equilibrio y control de los virus patógenos en los mosquitos vectores.

Materiales y métodos. Entre marzo-junio 2023, se recolectaron mosquitos en los municipios de Planeta Rica, Pueblo Nuevo, Montelíbano, Ayapel y Puerto Libertador. Los especímenes fueron preservados en N2 líquido y se hicieron pools con 50 individuos (previa identificación). El ARN extraído fue secuenciado por NGS con el equipo MGI DNBseq® PE 150. El análisis bioinformático se realizó mediante las plataformas DIAMOND y MEGAN, y la

identificación de contigs virales se realizó con el NCBI para ARN virus (Riboviria). **Resultados.** 355 mosquitos fueron identificados como *Aedes albopictus* y agrupados en 5 pools. La secuenciación y posterior análisis bioinformático identificó 10 virus. Los más prevalentes en el viroma fueron: Chibugado, *Aedes phasmavirus*, Longgank, Guato, *Aedes aegypti* to virus 1, *Aedes aegypti* to virus 2, Verdadero virus y un flavivirus sin clasificar. **Conclusiones.** La diversidad viral es considerablemente menor a la registrada en la población de *Aedes albopictus* en estudios realizados en la ciudad de Medellín. Sin embargo, se evidencian similitudes como el registro de virus insecto-específicos promisorios para la modulación de la competencia vectorial y la transmisión del virus Dengue por esta especie. Financiación: Agradecimientos al Ministerio de Ciencia y Tecnología (Colombia) – Proyecto N° 601 de 2022 – código 91722.

MICOLOGÍA

O-009

Generación de un mutante de *Histoplasma capsulatum* para la proteína transportadora de zinc (ZRT2) mediante el sistema CRISPR/Cas9.

Rodríguez-Echeverri C, Chechi J, Gómez Ó, López A, Torres-Morales S, Hernández O, Pelleschi-Taborda C, González A. Universidad de Antioquia, Universidad de São Paulo. Medellín. carolina.rodriguez@udea.edu.co

Introducción. *Histoplasma spp.* invade células fagocíticas usándolas como nicho. La replicación de las levaduras requiere la absorción de nutrientes, particularmente iones metálicos, incluido el zinc. Varios genes están asociados con la absorción de este nutriente por parte de *Histoplasma* que ha desarrollado diversos mecanismos para sobrevivir en el hospedero. El objetivo de este trabajo fue generar un mutante de *Histoplasma* para un gen asociado a la adquisición de zinc mediante el sistema de edición CRISPR-Cas9. **Materiales y métodos.** Se cultivó *Histoplasma* en medio HMM tratado con un quelante de zinc o suplementado con ZnSO₄. Posteriormente, los genes implicados en la adquisición de zinc se analizaron mediante qPCR para seleccionar un gen candidato. Para la construcción del sistema CRISPR/Cas9 se utilizó el vector PTS 1222-gZRT2 que contiene un promotor del gen que codifica la proteína fijadora de calcio y el gen de resistencia a la higromicina. La transformación fúngica estuvo mediada por *Agrobacterium tumefaciens* que portaba el vector modificado. Los mutantes obtenidos se seleccionaron en medio BHI+higromicina después de 120 horas de incubación. **Resultados.** Se obtuvo un mutante para el gen ZRT2. Estos hallazgos se validaron mediante el crecimiento del hongo en medio selectivo BHI suplementado con higromicina. Además, los análisis de la PCR convencional y la qPCR revelaron la presencia de dos bandas (posibles alelos) del gen ZRT2 y una disminución significativa en su expresión, respectivamente, en la cepa mutante. **Conclusiones.** La implementación del sistema CRISPR/Cas9 permitió generar un mutante de *Histoplasma* para ZRT2, el cual actualmente se está evaluando mediante modelos *in vitro* e *in vivo*.

O-010

Antifungal activity of pore-forming peptide C14R against clinical isolates of *Candida albicans* and *Candida auris*.

Vélez N, Argel A, Kissmann A, Alpizar-Pedraza D, Escandón P, Rosenau F, Ständker L, Firacative C. Universidad Del Rosario. Universidad De Ulm – Alemania, Centro de Investigación y Desarrollo de Medicamentos – Cuba, Instituto Nacional De Salud. Bogotá. cfiracative@gmail.com

Introduction. Invasive candidiasis is a global public health problem as it poses a significant threat in hospital-settings. The aim of this study was to evaluate C14R as a potential antimicrobial peptide against the prevalent opportunistic yeast *Candida albicans* and the emergent multidrug-resistant yeast *Candida auris*. **Materials and methods.** Antifungal susceptibility testing of C14R against 99 *C. albicans* and 105 *C. auris* clinical isolates from Colombia was determined by broth microdilution. Fluconazole was used as a control antifungal. Synergy between C14R and fluconazole was assessed in resistant isolates. Assays against fungal biofilm and growth curves were carried out. Morphological alterations of yeast cell surface were evaluated by scanning electron microscopy. A permeability assay verified the pore-forming ability of C14R. **Results.** Overall, *C. albicans* and *C. auris* were susceptible to C14R. Notably, none of the evaluated isolates grew at the highest peptide concentration (200 µg/ml). Synergistic effects were observed between the peptide and fluco-

nazole. C14R affects biofilm and growth of *C. albicans* and *C. auris*. Cell membrane disruptions were observed in both species after treatment with C14R, which forms pores in *C. albicans*' membrane. **Conclusions.** C14R has a potent antifungal activity against clinical isolates of *C. albicans* and *C. auris*, with capacity to disrupt *Candida* membranes. The absence of correlation between susceptibility to C14R and resistance to fluconazole indicates the peptide's potential effectiveness against fluconazole-resistant strains. Our results suggest the potential of C14R, a pore-forming peptide, as a treatment option for fungal infections, such as invasive candidiasis, including resistant strains.

O-011

Monitoreo de niveles séricos de antifúngicos en un centro de referencia en Colombia: experiencia de 2019 a 2023.

Zapata-Serna J, Berrio-Medina I, Zuluaga A, Naranjo-Preciado T. Corporación Para Investigaciones Biológicas CIB. Medellín. judzase@gmail.com

Introducción. El monitoreo terapéutico de medicamentos (TDM) es crucial para tratar infecciones fúngicas invasivas. Ajustar dosis basándose en TDM mejora la eficacia, previene toxicidad y reduce morbilidad, hospitalización y costos médicos. Este estudio tiene como objetivo evaluar los niveles de voriconazol, itraconazol y posaconazol realizados en el centro de referencia nacional. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo y retrospectivo de resultados de muestras de suero de pacientes remitidas al laboratorio de Micología Médica y Experimental de la Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB) para la medición de niveles de voriconazol, posaconazol e itraconazol mediante cromatografía líquida de alta resolución (HPLC), entre enero de 2019 y diciembre de 2023. **Resultados.** De las 491 muestras recibidas, se cuantificaron los niveles séricos de voriconazol en 316 muestras, de posaconazol en 131 muestras y de itraconazol en 44 muestras. Solo el 41% (201/491) de las muestras evaluadas mostraron niveles terapéuticos adecuados. El 53% (259/491) presentaron niveles sub terapéuticos y el 6% (31/491) mostraron niveles supra terapéuticos. A 93 pacientes se les ajustó la dosis basándose en los resultados iniciales, logrando que el 83% (77/93) alcanzaran niveles terapéuticos adecuados. **Conclusiones.** La medición de niveles séricos de antifúngicos es esencial para mejorar los resultados en pacientes con infecciones fúngicas invasivas. Nuestro estudio demuestra que, en nuestro país, menos del 50% de los niveles son adecuados, lo que resalta la importancia en la práctica clínica de garantizar la implementación de una estrategia de monitoreo y ajuste, para optimizar el tratamiento y mejorar los desenlaces de los pacientes

O-012

Identificación morfológica y genómica de aislamientos de *Aspergillus spp.* y de genes ortólogos involucrados en la producción de proteínas alergénicas.

Zuleta-González M, Gómez-Guzmán O, Misas E, Torres-Morales S, Rúa-Giraldo A, García-Cepero A, Hernández-Ruiz O, López-Gacia A. Unidad de Biología Celular y Molecular y Escuela de Microbiología - Facultad de Ciencias Farmacéuticas y Alimentarias - Universidad de Antioquia, Grupo de investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA). Medellín. maria.zuleta@udea.edu.co

Introducción. *Aspergillus spp.* es un género de hongos ambientales asociado con infecciones sistémicas y reacciones alérgicas. Su clasificación taxonómica ha estado en constante actualización provocando una pérdida de resolución con las metodologías tradicionales. *A. fumigatus* ha sido conocida como la especie patógena y productora de alérgenos más común. Sin embargo, para las demás especies, el conocimiento es limitado. El objetivo fue identificar genómicamente aislamientos de *Aspergillus spp.* que se encuentran en el cepario del grupo de Biología Celular y Molecular de la CIB-UdeA y determinar la presencia de genes alérgenos ortólogos. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo en donde se realizó secuenciación del genoma completo de 81 aislamientos. La identificación genómica fue llevada a cabo mediante: i) BLASTn web utilizando cuatro genes y ii) árbol de especies inferido por OrthoFinder. Además, realizamos una predicción de la capacidad alérgica basada en análisis de ortología. **Resultados.** El uso de genes marcadores y análisis filogenómico permitió la identificación a nivel de especie para el 64,2 % y 100 % de los aislamientos, respectivamente. *A. fumigatus*, *A. flavus* y *A. niger* fueron las especies más comunes y registramos por primera vez en nuestra región: *A. hortae*, *A. uvarum*, *A. spinulosporus*, *A. sydowii*, *A. westerdijkiae*, *A. amoenus* y *A.*

rhizopodus. El análisis de ortología mostró una amplia presencia de alérgenos ortólogos en especies no-fumigatus. **Conclusiones.** Este estudio presenta un enfoque novedoso para clasificar y profundizar en el conocimiento de la capacidad alergénica de este género fúngico, además reportamos las secuencias del genoma de aislamientos de *Aspergillus* de nuestra zona geográfica.

O-013

CRISPR/Cas9 como estrategia para edición genética en *Paracoccidioides spp.*

Torres-Morales S, López-García A, Gómez-Guzmán O, Hernández-Ruiz O, McEwen-Ochoa J. Universidad de Antioquia, Corporación Para Investigaciones Biológicas CIB. Medellín.
susana.torres@udea.edu.co

Introducción. *Paracoccidioides spp.* es el agente causal de la PCM; una enfermedad endémica en América Latina. El conocimiento sobre los eventos moleculares implicados en su patogenicidad y virulencia es limitado debido a la dificultad para editar sus genes a través de las técnicas tradicionales. En este trabajo se empleó el sistema CRISPR/Cas9 para editar el gen GP43, cuya proteína posee una alta actividad antigénica. **Materiales y métodos.** Como estrategia se utilizaron complejos de ribonucleoproteínas sintéticos (RNPs) para dirigir el sistema CRISPR/Cas9 al gen GP43 de *P. restrepiensis* ATCC 60855. La especificidad del corte fue comprobada *in vitro*, la transformación de las blastoconidias se realizó mediante electroporación y finalmente la edición fue evaluada por western blot de la glicoproteína gp 43. **Resultados.** La especificidad de los RNPs fue confirmada *in vitro* y la ausencia de expresión de la glicoproteína gp 43 observada en ensayos de western blot, lo cual confirma la interferencia en el proceso de transcripción del gen realizada por el sistema CRISPR/Cas9. **Conclusiones.** El sistema CRISPR/Cas9 es una tecnología prometedora para el estudio genético de *Paracoccidioides spp.* La complejidad biológica de este hongo hace necesario optimizar la estrategia para permitir una mayor eficiencia y reproducibilidad. Sin embargo, este resultado es el primer acercamiento a obtener mutaciones sobre otros genes que ayuden a comprender a mayor profundidad la patogenicidad de *Paracoccidioides spp.* y el desarrollo de la PCM. Adicionalmente realizar estas modificaciones genéticas permitirán estudiar a profundidad moléculas o producir aislamientos no patógenos que puedan ser empleados como vacunas.

O-014

Secuenciación de genoma completo de aislamientos de *Paracoccidioides restrepiensis* con tecnología de secuenciación de tercera generación.

Marín-Carvajal S, Sánchez-Cifuentes E, Giraldo-Goez M, Jiménez-Álzate M, McEwen-Ochoa J, Gómez-Guzmán O. Corporación Para Investigaciones Biológicas CIB, Universidad de Antioquia. Medellín.
santiago.marinc31@gmail.com

Introducción. *Paracoccidioides* es un hongo termo dimórfico causante de la paracoccidioidomycosis, una micosis restringida a Latinoamérica. La especie *P. restrepiensis*, ha sido encontrada casi exclusivamente en Colombia. Los genomas han permitido comprender la estructura, función y taxonomía del género *Paracoccidioides*; sin embargo, el genoma de *P. restrepiensis* permanece incompleto, debido a limitaciones técnicas de la secuenciación inicial con tecnología Illumina. La finalidad del estudio es evaluar el genoma completo de aislamientos de *P. restrepiensis* mediante tecnología de secuenciación Oxford Nanopore (ONT). **Materiales y métodos.** Se seleccionaron 3 aislamientos de *P. restrepiensis* (Pb 339, ATCC 60855, PbCNH), se les realizó extracción de ADN con el método fenol:cloroformo. Se prepararon librerías con el kit SQK LSK 109 y se secuenciaron en un MinION de ONT (celda de flujo R10.4.1). Las lecturas crudas fueron analizadas con FastQC y ensambladas de novo con Flye. El control de calidad de los ensamblajes se realizó con Quast. **Resultados.** En *P. restrepiensis* Pb 339 se obtuvieron 390,163 lecturas crudas (mediana Q score de 16). El ensamblaje se obtuvo en 1183 fragmentos (338,261 pb el más largo), con un tamaño del genoma de 28,8 Mb. El N50 del ensamblaje fue de 54,521 pb y la cobertura promedio fue de 15X, métricas que arrojan información sobre su buena calidad e integridad. El ADN de ATCC60855 y PbCNH se está preparando para secuenciar. **Conclusiones.** El genoma de referencia de *P. restrepiensis* puede ser actualizado utilizando las secuencias obtenidas con ONT. Estos ensamblajes ayudarán a completar información faltante o fragmentada del genoma de referencia de este patógeno fúngico.

O-015

Identificación molecular de aislamientos de *Sporothrix spp.* por PCR especie específica y secuenciación.

Sánchez-Cifuentes E, Gómez-Guzmán O, McEwen-Ochoa J, Uran-Jiménez M, Jiménez-Alzate M. Universidad de Antioquia. Medellín.
erikaa.sanchez@udea.edu.co

Introducción. La esporotricosis es la micosis subcutánea más frecuente en Colombia causada por especies del clado clínico del género *Sporothrix*. Métodos moleculares como la PCR y la secuenciación permiten identificar las especies causantes de la esporotricosis. **Materiales y métodos.** En el grupo de Micología Médica de la Universidad de Antioquia, se analizaron 107 aislamientos de *Sporothrix spp.* obtenidos de pacientes con esporotricosis. Para identificarlas se utilizó la PCR específica de especie (PCR-EE). Los resultados de la PCR-EE se compararon con la secuenciación del gen parcial de calmodulina y secuenciación del genoma completo de 6 aislamientos utilizando tecnología Illumina. **Resultados.** La PCR-EE identificó 89 (83,2%) aislamientos como *S. schenckii* y 17 (15,9%) como *S. globosa*, con una concordancia del 100% respecto a la secuenciación del gen parcial de calmodulina. La PCR-EE no pudo identificar el aislamiento UdeA 113 por lo que se realizó secuenciación de su genoma completo y de 5 aislamientos de *S. globosa*, los cuales mostraron similitudes con publicaciones previas. Sin embargo, en el genoma del aislamiento UdeA 113 se encontraron mutaciones de sitio único en las regiones de unión de diferentes cebadores específicos para *S. schenckii* reportados previamente. **Conclusiones.** La PCR EE es un método eficaz para identificar *S. schenckii* y *S. globosa*. Los polimorfismos encontrados en UdeA 113 hace necesario determinar la diversidad genética y la epidemiología de las especies de *Sporothrix* en Colombia. Agradecimientos: Convocatoria CODI 2020-34153

O-016

Bombas de eflujo como mecanismo de resistencia a azoles en levaduras del género *Malassezia*.

Galvis-Marín J, Celis-Ramírez A, Zuluaga-Vélez A, Tabares-Villa F, Sepúlveda-Arias J. Universidad Tecnológica de Pereira, Universidad de los Andes. Pereira.
jcgavis@utp.edu.co

Introducción. El género *Malassezia* comprende levaduras lipodependientes que hacen parte de la microbiota cutánea de humanos y animales. No obstante, pueden producir patologías dermatológicas en cuyo tratamiento se utilizan principalmente azoles. Las pruebas de susceptibilidad *in vitro* han mostrado sensibilidad disminuida a estos antifúngicos. Uno de los principales mecanismos de resistencia a azoles es la expresión de bombas de expulsión, proteínas codificadas, entre otros por el gen ATM 1. El objetivo fue determinar la expresión de bombas de eflujo en aislamientos colombianos de *Malassezia spp.* resistentes a azoles. **Materiales y métodos.** Estudio experimental *in vitro* ejecutado en el laboratorio de Biología Molecular y Biotecnología de la Universidad Tecnológica de Pereira durante 2022 y 2023. Mediante el método de microdilución en caldo en "tablero de ajedrez" se determinó la eficacia de varias concentraciones de azoles e inhibidores de bombas de eflujo en aislamientos de *Malassezia spp.* que tenían identificación molecular y perfil de susceptibilidad antifúngica previa. Se evaluaron los niveles de expresión relativa del gen ATM 1 en aislamientos de *Malassezia spp.* resistentes a fluconazol mediante RT-qPCR. **Resultados.** La Concentración Inhibitoria Mínima (CIM) de itraconazol, ketoconazol y voriconazol disminuyó ante concentraciones sub-inhedoras de haloperidol, prometazina y tacrolimus, mientras esto no sucedió con fluconazol. La expresión del gen ATM 1 fue notablemente mayor en aislamientos resistentes a fluconazol que en los susceptibles ($p < 0,05$), tanto en los expuestos como en los no expuestos al antifúngico. **Conclusiones.** Se puede explicar la resistencia de aislamientos colombianos de *Malassezia spp.* a azoles, principalmente fluconazol, mediante la expresión de bombas de eflujo.

MEDICINA TROPICAL Y PARASITOLOGÍA

O-017

Detección del genotipo MST-61 de *Coxiella burnetii* en leche bovina en Córdoba: riesgo potencial para la salud pública.

Contreras-Cogollo V, Oteo-Revuelta J, Palomar A, Portillo A, Calderón A, González-Tous M, López Y, Sánchez-Lerma L, Mattar S. Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico - Universidad de Córdoba, Laboratorio de Patógenos Especiales Cretav-cibir - Hospital San Pedro - España, 3 grupo de Investigación Grivi. Universidad Cooperativa de Colombia. Montería.
veronicacontreras@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. *Coxiella burnetii* es el agente causal de la fiebre Q, una zoonosis altamente infecciosa catalogada como una de las 13 zoonosis de mayor prioridad mundial. Objetivo. Determinar la infección por *C. burnetii*

en rumiantes del departamento de Córdoba. **Materiales y métodos.** Entre noviembre de 2021 y diciembre de 2023 se realizó un estudio descriptivo prospectivo en 11 municipios del departamento de Córdoba. Se incluyeron 38 fincas ganaderas y 25 de ovinos. Se analizaron 142 muestras de leche de tanque de bovinos e hisopado vaginal de 571 bovinos y 171 ovinos. Se realizó detección molecular mediante PCR utilizando los genes IS 1111 y rpoB de *Coxiella*. Se caracterizaron los genotipos mediante tipificación MST (Tipificación de Secuencias Multiespaciadoras) y se determinó la distribución espacial y áreas de influencia de fincas positivas mediante sistemas de información geográfica. **Resultados.** Se detectó ADN de *C. burnetii* (IS 1111) en un hisopado vaginal bovino (0,17%) y en 14 muestras de leche de tanque (9%) de cinco fincas (13%) ubicadas en Montería (n=4) y Planeta Rica (n=1). El genotipo MST-61 fue identificado en una muestra de leche de tanque. Los análisis espaciales determinaron que las áreas de influencia (0-5 km) de fincas positivas cubren el área urbana de Montería. **Conclusiones.** Este es el primer estudio en Colombia donde se identifica el genotipo MST-61 de *Coxiella burnetii* en leche bovina. *C. burnetii* es un patógeno de importancia en salud pública por su potencial aerosolizable, los efectos en las poblaciones humanas de la región requieren más investigación

O-018

Prevalencia de la deficiencia de glucosa-6-fosfato deshidrogenasa en una región endémica de malaria de Colombia: implicaciones para la cura radical de *Plasmodium vivax*.

Zuluaga-Idárraga L, Ríos-Orrego A, Martínez J, Aguirre-Acevedo D, Tobón-Castaño A, Lopera-Mesa T, Cárdenas I, Olivera M, Cardozo M, Gonzalvez G, Ade M, Montoya R, Venegas E, Mihm H, Herrera S, Hsiang M, Flewelling J, Barat L, Villegas L. Grupo Malaria - Instituto de Investigaciones Médicas - Universidad de Antioquia. Ministerio de Salud y Protección Social. Instituto Nacional de Salud. Pan American Health Organization. Agency For International Development USAID - Bureau For Latin America And The Caribbean. President's Malaria Initiative PMI - Impact Malaria Project. Medellín.
lina.zuluaga@udea.edu.co

Introducción. La deficiencia de glucosa-6-fosfato deshidrogenasa (dG6PD) es una condición genética que se asocia con un mayor riesgo de eventos hemolíticos cuando se usan los fármacos que previenen las recaídas de *Plasmodium vivax*. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio transversal en Quibdó, Colombia en el año 2023, incluyendo tres grupos: población general (Grupo 1; n=1267), comunidades indígenas (Grupo 2; n=194) y pacientes ambulatorios con sospecha de malaria (Grupo 3; n=542). Se determinó el nivel de G6PD mediante una prueba cuantitativa y la infección por *Plasmodium sp.* mediante una prueba molecular. Se calculó la prevalencia de dG6PD y de infección por *Plasmodium sp.* y se exploraron los factores de riesgo para la dG6PD. **Resultados.** La prevalencia de dG6PD fue del 10,4%, 0% y 7,0% en los grupos 1, 2 y 3, respectivamente. La prevalencia de infección por *Plasmodium sp.* fue del 17,8%, 40,7% y 47,8% en los mismos grupos. Entre el grupo 1 y 2, *P. vivax* fue más frecuente que *P. falciparum*, y la mayoría de las infecciones fueron asintomáticas. Ser afrocolombiano (Razón de prevalencia (RP) 6,81; IC 95 % 3,21 – 18,08) y de sexo masculino (RP 1,71; IC 95 % 1,29 – 2,29) fueron factores de riesgo para dG6PD, mientras que la dG6PD resultó en una menor infección por *Plasmodium sp.* (RP 0,41; IC del 95 % 0,25 – 0,63). **Conclusiones.** Para la adopción de cambios en el tratamiento de la malaria por *P. vivax* en Colombia se debe implementar una prueba de G6PD dada la alta prevalencia de deficiencia en población afrocolombiana.

O-019

Malaria en pueblos indígenas de la Costa Pacífica colombiana. Prácticas y conocimientos ancestrales.

Hernández-Sarmiento J, Osorno-Sánchez S, Gutiérrez S, García M, Nieto-Betancurt J, Guzmán L, Montoya-Cedula S, Pérez-Villa M, Duque-Ortiz C, Botero L, Vera C. Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín.
jose_mauricio_h@hotmail.com

Introducción. El Pacífico colombiano es una región con alto riesgo de transmisión de Malaria. El bosque húmedo tropical, la minería artesanal y el cambio climático han aumentado el número de casos de malaria en la región, en donde habitan 70.000 indígenas. El objetivo del presente estudio es el de identificar conocimientos y prácticas de los pueblos indígenas alrededor de la

malaria que puedan alterar el control de la enfermedad. **Materiales y métodos.** Estudio cualitativo con enfoque etnográfico. Dialogamos y entrevistamos indígenas que han tenido malaria y también a los médicos tradicionales encargados de la salud en las comunidades. Utilizamos técnicas de observación participante, diario de campo y entrevistas semiestructuradas. **Resultados.** Entre 2022 y 2023 visitamos cuatro comunidades indígenas estableciendo categorías de conocimiento sobre la malaria. La primera, consideran que es una enfermedad que trajeron los colonos, probablemente a través de la entrega de alimentos. La segunda ven al mosquito como único responsable del origen y transmisión. La tercera, consideran la malaria como enfermedad mixta que requiere tratamiento espiritual por el médico tradicional, y tratamiento occidental con medicamentos. La cuarta es que cuando reciben el tratamiento farmacológico lo comparten con sus familiares. **Conclusiones.** Los indígenas en el pacífico colombiano consideran que la malaria se origina en los mosquitos. No identifican al humano como fuente de infección. Aceptan recibir el tratamiento farmacológico, aunque en ocasiones lo comparten. Es necesario diseñar estrategias educativas comunitarias sobre la transmisión y tratamiento de la malaria en pueblos indígenas para disminuir la incidencia en sus comunidades.

O-020

Dinámica de la leishmaniasis cutánea en el departamento de Córdoba: un enfoque epidemiológico, inmunológico y entomológico.

Espitia-Delgado Y, Urango-Gallego L, Rivero-Rodríguez M, Cochero-Bustamante S, Bejarano- Martínez E, Yasnot-Acosta M. Universidad de Córdoba, Universidad de Sucre. Montería.
yeinerspt@gmail.com

Introducción. Este estudio investiga la dinámica de la Leishmaniasis en Córdoba, enfocándose en características epidemiológicas, respuestas inmunes de los afectados y la composición de vectores. El objetivo principal es identificar las correlaciones entre los factores epidemiológicos y las respuestas inmunes para mejorar las estrategias de control. **Materiales y métodos.** El estudio adoptó un diseño transversal en el Departamento de Córdoba, Colombia, combinando métodos epidemiológicos e inmunológicos para un análisis holístico. Se revisaron registros epidemiológicos entre los años 2012-2023 en la plataforma SIVIGILA y se realizaron pruebas de citometría de flujo para medir las concentraciones de citoquinas, complementado con la captura de vectores usando trampas de luz CDC, con datos y muestras recolectadas desde enero hasta diciembre de 2023. Esta metodología interdisciplinaria permitió correlacionar datos clínicos e inmunológicos con las tendencias epidemiológicas observadas, brindando una comprensión detallada de la dinámica de la Leishmaniasis en la región. **Resultados.** Se identificó una prevalencia alta de formas cutáneas y mucosas de la Leishmaniasis durante los años de estudio. También respuestas inmunológicas caracterizadas por altos niveles de TNF- α e IL-6 en los pacientes. Se confirmó a *Lutzomyia* como el vector predominante en la transmisión y se destacó la prevalencia de *Lu. dissonata* en una comunidad del municipio de Tierralta. **Conclusiones.** El estudio destaca la complejidad de la Leishmaniasis en Córdoba, enfatizando la importancia de estrategias multidisciplinarias de control que integren el análisis de vectores, respuestas inmunológicas y dinámicas epidemiológicas, adaptadas específicamente a las condiciones locales.

O-021

Primera evidencia molecular y microscópica de *Dirofilaria immitis* en murciélagos del departamento de Córdoba.

Martínez-Bravo C, Bertel V, Echeverri D, Calderón A, Guzmán C, López Y, Herrera Y, Arrieta G, Mattar S. Universidad de Córdoba. Montería.
catymilenam@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. La dirofilariasis es una enfermedad parasitaria causada por *Dirofilaria immitis* que afecta a animales domésticos, silvestres y ocasionalmente a humanos. Aunque, los murciélagos albergan varios agentes infecciosos, el papel de estos como hospederos de *D. immitis* es poco estudiado. Objetivo. Determinar la presencia de *Dirofilaria immitis* en murciélagos del departamento de Córdoba. **Materiales y métodos.** Se evaluaron 207 especímenes por frotis sanguíneos para visualización por microscopía y se realizaron extracciones de ADN en corazones, para amplificación del gen COX1 de *D. immitis*. Los productos obtenidos de 150 pb fueron secuenciados por Sanger. **Resultados.** El 7,24% y el 26% de los animales fueron positivos para *D. immitis* por microscopía y PCR, respectivamente. Todos los animales positivos por microscopía fueron positivos por métodos moleculares, los cuales, detectaron

una baja parasitemia. Los murciélagos portadores del parásito pertenecen a la familia Phyllostomidae, la cual, incluye diferentes gremios tróficos y con mayores interacciones ecosistémicas. Los 3 productos secuenciados fueron confirmados por GenBank y el análisis filogenético del gen COX1 evidenció que las secuencias obtenidas provenían de un mismo ancestro común y guardan relación con secuencias detectadas en mosquitos y cánidos, de Grecia, Portugal y USA. Adicionalmente, son las únicas secuencias reportadas en nuestro país para animales silvestres. **Conclusiones.** Los hallazgos son los primeros registrados en Colombia e indican la capacidad de *D. immitis* de infectar hospederos silvestres como los murciélagos y por tanto son incluidos en los ciclos ecoepidemiológicos del homotrópico con potencial zoonótico.

O-022

Enfermedades infecciosas en indígenas Embera Dobida del departamento del Chocó. Estudio descriptivo transversal.

Hernández-Sarmiento J, Ramírez-Cantillo S, Hernández-Arambo P, Villegas S, Vera C, Vanegas J, Estevez J, Gómez H, Lizarazo R. Universidad Pontificia Bolivariana, Universidad CES. Medellín. jose_mauricio_h@hotmail.com

Introducción. En el departamento del Chocó habitan 70.000 indígenas de siete etnias diferentes, siendo la más numerosa los Emberá Dóbida. El propósito del proyecto fue identificar las enfermedades infecciosas más prevalentes para esta población y proponer programas preventivos para estas comunidades. **Materiales y métodos.** Se realiza un estudio observacional descriptivo, de corte transversal, de fuente primaria en el cual se atienden pacientes ambulatorios en tres puestos de atención rurales de una IPS Indígena y en brigadas de salud directamente en las comunidades. **Resultados.** Entre 2022 y 2023 se atendieron 1.881 consultas externas, de las cuales 547 se realizaron directamente en las comunidades, y 1.334 en los puestos de salud de la IPS Indígena. El 61% de las consultas fueron por enfermedades infecciosas. Las más frecuentes fueron: Infección Respiratoria Aguda 30%, Poli parasitismo Intestinal 29%, Síndrome Febril de origen desconocido 14%, infecciones de la piel 13%, Infecciones Gastrointestinales 10%, Malaria 2% e Infecciones del Tracto Urinario 2%. **Conclusiones.** Las enfermedades más prevalentes de la población indígena Embera Dóbida del Chocó son infecciosas. La mayoría de ellas tienen que ver con la calidad del agua de consumo y las condiciones de vida en las comunidades. Es importante dirigir las medidas preventivas para mejorar la calidad del agua de consumo y evitar la contaminación de los cuerpos de agua en las comunidades.

O-023

Identificación racional de proteínas antigénicas para el diagnóstico de toxocariasis humana.

Cortés-Lopez I, Henao-Naranjo M, Isaza-Agudelo J. Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín. isabella.cortes@upb.edu.co

Introducción. La toxocariasis humana es una zoonosis helmíntica causada por *Toxocara canis* o *T. cati*. El diagnóstico de la toxocariasis es complicado debido a la inespecificidad de muchas pruebas disponibles y la alta posibilidad de reacciones cruzadas con otros patógenos. Este estudio busca identificar antígenos secretados específicos de *T. canis* con potencial para serodiagnóstico. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo *in silico* utilizando proteomas de *T. canis* y parásitos infecciosos con clínica similar a la toxocariasis. Se incluyeron únicamente organismos con genomas completamente secuenciados y anotados. Las proteínas fueron agrupadas en grupos ortólogos para identificar proteínas específicas de especie con OrthoMCL, posteriormente, se predijo su potencial antigénico con VaxiJen, su localización celular con Phobius y SignalP y sus niveles de expresión en diferentes estadios con EdgeR. **Resultados.** Se incluyeron 28 parásitos y se analizaron 359.658 proteínas, de las cuales 816 pertenecían exclusivamente a *T. canis*. Se identificaron 1.170 proteínas secretadas y 322 de ellas estaban sobreexpresadas en larvas L3. De estas, 112 mostraron potencial antigénico. Finalmente, tres proteínas (histona H3, TES-26 y una proteína no caracterizada) cumplieron con todos los criterios para ser consideradas antígenos específicos de larvas L3 de *T. canis*. **Conclusiones.** El estudio identificó 3 proteínas secretadas, específicas de *T. canis*, con potencial antigénico posiblemente aplicable a un diagnóstico serológico para la toxocariasis humana, con mayor sensibilidad y especificidad en pruebas como Western blot y ELISA

O-024

Brote de malaria urbana: intervención en el asentamiento Miraflores bajo en Armenia, Quindío – Colombia, desde octubre 2022 hasta marzo 2024.

Ledesma-García N, Valencia-Hernández J, Quintero-Álvarez L, Gómez Marín J. Centro de Investigaciones Biomédicas - Universidad del Quindío, Secretaría de Salud de Armenia. Armenia. niclega@hotmail.com

Introducción. Armenia (Quindío) es considerada como zona no endémica para malaria, no obstante, desde octubre de 2022 se han reportado casos autóctonos concentrados en un asentamiento subnormal. Se describe un brote de malaria urbana el cual actualmente se denomina área de transmisión sostenida. **Materiales y métodos.** Se presentan los casos clínicos confirmados basado en las fichas de notificación de eventos y plataforma SIVIGILA. En conjunto con la realización de salidas de campo para búsqueda activa de casos, captura y caracterización del vector, así como llenado de encuesta epidemiológica. Se amplificó el gen citocromo C oxidasa de los mosquitos y se realizó secuenciación. **Resultados.** La Secretaría de Salud de Armenia recibió reportes de 99 casos de malaria por *P. vivax*, autóctonos con mortalidad de un caso. Las principales complicaciones fueron hepáticas (8) y hematológicas (18); 69% de los casos requirieron hospitalización. Conjuntamente la secuenciación demostró que el vector era *Anopheles calderoni*. Se intervino con jornadas de prevención/educación y la secretaria de salud realizó una intervención química logrando la reducción del 91% en la frecuencia de los casos. El barrio afectado presenta características de riesgo sociodemográfico: presencia de farmacodependencia, habitantes de calle, mala disposición de residuos, carencia de acueducto y alcantarillado, población migratoria, cercanía a una quebrada contaminada y múltiples estancamientos de agua. Adicionalmente, se tamizó IgG para *Toxoplasma* y Dengue en 39 personas de la población; obteniendo que 80% fueron positivos para *Toxoplasma* y 15% para Dengue. **Conclusiones.** Este brote posee la tendencia a convertirse en un foco endémico. Las labores de vigilancia y control continuo son indispensables.

EPIDEMIOLOGÍA Y CONTROL DE INFECCIONES

O-025

Impacto de la pandemia de COVID-19 en la prevalencia de *Treponema pallidum* en donantes de sangre en un banco de sangre de Medellín. 2019-2022.

Cardona-Arias J, Fernández-Rendón M, Higuaita-Gutiérrez L. Escuela de Microbiología - Universidad de Antioquia. Medellín. jaiberth.cardona@udea.edu.co

Introducción. Poco se ha investigado sobre el efecto del COVID-19 en el perfil epidemiológico de algunas infecciones. En esta investigación el objetivo fue evaluar el impacto de la pandemia COVID-19 en la prevalencia de *Treponema pallidum* en los donantes de sangre de la Escuela de Microbiología-UdeA. **Materiales y métodos.** Estudio analítico con 50.561 donantes: pre-pandemia 14.879 donantes, durante la pandemia 9.035 y post pandemia 26.647. Se usó prueba de detección de anticuerpos IgG, IgM e IgA específicos para *T. pallidum*. **Resultados.** La prevalencia de *T. pallidum* fue 0,84% en pre-pandemia, disminuyó a 0,70% durante el aislamiento absoluto se incrementó a 0,94% en la nueva normalidad. Se hallaron diferencias entre el aislamiento absoluto y la nueva normalidad con un aumento del 35% en los casos. En otras variables que evidenciaron un efecto independiente sobre la infección, se halló que la prevalencia de *T. pallidum* fue 31% mayor en hombres que en mujeres, 78% mayor en donantes con edad entre 40-65 comparado con el grupo entre 18-39 años, 70% más alta en donantes de reposición que altruistas y 93% mayor en donantes de sangre total en comparación con los de aféresis. **Conclusiones.** La prevalencia de *T. pallidum* en los donantes evaluados fue menor a las tendencias mostradas en estudios previos, registrando una disminución durante el aislamiento absoluto. Los subgrupos con mayor ocurrencia son hombres adultos y donantes de reposición lo que afianza retos para los programas de donación de sangre suficiente, segura, voluntaria y altruista.

O-026

Impacto de las Infecciones Asociadas a la Atención en Salud (IAAS) en la supervivencia de un año en adultos sometidos a trasplante cardíaco en una institución en Colombia.

Vargas-García A, Gutiérrez-Londoño M, García-Rincón C, Quintero-Ossa A, Gallego-Muñoz C, Ramírez-Giraldo A, Montoya-Duque A, Roncacio-Villamil G. Clínica Cardio Vid. Medellín. avargasg@vid.org.co

Introducción. Dada la escasez de datos sobre las infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS) en trasplantes cardíacos, especialmente en Latinoamérica, este estudio evalúa su prevalencia y efectos en un hospital especializado de Colombia. **Materiales y métodos.** Se analizaron retrospectivamente las historias clínicas de 303 trasplantes realizados en 298 pacientes (5 retrasplantes y 10 trasplantes corazón riñón), investigando la relación entre IAAS y mortalidad. Se aplicó un análisis de supervivencia al año por Kaplan-Meier para evaluar las diferencias en supervivencia entre pacientes con y sin IAAS y se hace una caracterización epidemiológica y microbiológica de las IAAS. **Resultados.** El 18,8% de los trasplantados desarrolló IAAS (56 pacientes con 70 IAAS). Las IAAS más frecuentes fueron las asociadas a invasión (49%) presentándose con una mediana de 10 días post-trasplante. Se presentaron 6 infecciones de herida quirúrgica, de las cuales, 4 fueron mediastinitis. Predominaron las infecciones bacterianas (89%), especialmente por BGN (9,0% MDR). La incidencia de IAAS se asoció significativamente con un tiempo de isquemia superior a tres horas ($p=0,016$). El análisis de riesgo relativo indicó un incremento de mortalidad en pacientes con IAAS (RR 1,7, IC 95%: 1,2-2,4, $p=0,005$). Se encontró una diferencia significativa en la supervivencia, entre pacientes con y sin IAAS, en el primer año, mediante Kaplan-Meier (Log-Rank test $p=0,011$) **Conclusiones.** Las IAAS están asociadas con incremento significativo en el riesgo de mortalidad y reducción de la supervivencia en pacientes trasplantados cardíacos. Este estudio enfatiza la necesidad de optimizar las estrategias de prevención de infecciones y manejo del tiempo de isquemia para mejorar los desenlaces en pacientes de alto riesgo.

O-027

Pasado, presente y futuro de los aislamientos provenientes de orina de adultos atendidos en instituciones de la red GERMEN 2014-2023, con proyección a 2030.

Galvis-Ayala J, Benjumea D, Montaña-Céspedes A, Luna-López M, Ramírez K, Vélez J, Robledo-Restrepo C, Robledo-Restrepo J. Laboratorio Médico De Referencia - Grupo Germen, Antimicrobial Stewardship Center Of Excellence, Biomérieux, Corporación Para Investigaciones Biológicas CIB. Medellín. investigaciones@labmedico.com

Introducción. Las infecciones del tracto urinario (ITU) son causadas por microorganismos que pueden presentar resistencia a los antibióticos como *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* y *Enterococcus faecalis*. Objetivo: Describir las tendencias de la distribución y sensibilidad de microorganismos recuperados desde muestras de orinas de adultos en la red GERMEN (2013-2023) y estimar su proyección al 2030. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de aislamientos recuperados en muestras de orina de adultos con diagnóstico sugestivo de ITU en la red de vigilancia GERMEN-Valle de Aburrá (2014-2023). La valoración de las tendencias se realizó mediante la prueba de Mann Kendall y la pendiente de Sen. Para estimar las proyecciones al 2030 se usaron modelos de regresión lineal. **Resultados.** Se analizaron 130746 aislamientos urinarios, *E.coli* fue el patógeno más frecuente (2023=54,7%), con incremento en la producción de BLEES (2014=12,5%; 2023=21,1%) en el ambiente hospitalario ($p=0,02$; Pendiente=1,2), que podría ser hasta del 31% para el 2030. En *K.pneumoniae* incrementó el porcentaje de sensibilidad a cefepime en servicios de urgencias y ambulatorios ($p=0,01$; Pendiente=1,0) del 76,8% en 2014 al 79,0% en 2023. Los aislamientos urinarios de *E.faecalis* han incrementado, representando el 6,9% en 2023 ($p=0,04$; Pendiente=0,2). La sensibilidad para este microorganismo no cambió en el periodo analizado. **Conclusiones.** La prevalencia de *E.faecalis* y la producción de BLEES en *E.coli* incrementaron en la última década, con persistencia de la tendencia a 2030. El uso de antibióticos (principalmente cefalosporinas de tercera generación) podría estar relacionado con este comportamiento. Deben ajustarse las guías de terapia empírica y dirigida.

O-028

Integrative predictive modeling of COVID-19 hospitalization risk in Colombia: genomic, demographic, and clinical insights.

Gallego-García J, Montoya-Ruiz C, Hernández-Ortiz J, Ciuderis-Aponte K. GHI One Health Colombia, Facultad de Ciencias de la Vida - Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín. Medellín. jugallegog@unal.edu.co

Introduction. The COVID-19 pandemic significantly impacted global health, stressing the need for reliable risk assessment tools, particularly in Colombia's healthcare system. This study aimed to develop predictive models

for COVID-19 hospitalization risk in the Colombian population by integrating SARS-CoV-2 genomic, demographic and clinical data. **Materials and methods.** We conducted a cohort study using data from 275 Colombian COVID-19 patients collected through 2021. Whole-genome sequencing of SARS-CoV-2 and collection of demographic and clinical data were performed. Patients were stratified by hospitalization status, identifying significant predictors using p-values. Univariate and multivariate logistic regression models were applied alongside machine learning models like Support Vector Machines (SVM) and Random Forest (RF). **Results.** Analysis revealed three SARS-CoV-2 clades with no statistically significant difference in hospitalization rates. Stratification by hospitalization outcome showed significant associations with age ($p < 0,01$), chronic lower respiratory diseases ($p = 0,02$), diabetes ($p = 0,03$), and hypertension ($p = 0,04$). 'Abnormalities of breathing' had the highest odds ratio (OR=2,96, 95% CI: 1,02-8,6), while 'Pain in throat and chest' (OR=0,39, 95% CI: 0,16-0,98), 'Disturbances of smell and taste' (OR=0,53, 95% CI: 0,28-0,99), and 'Malaise and fatigue' (OR=0,44, 95% CI: 0,2-0,98) decreased likelihood. SVM and RF models showed high accuracy (AUC: 0,97 and 0,94, respectively). **Conclusions.** This is the first study to investigate the association between SARS-CoV-2 genomic features and clinical outcomes for predicting hospitalization in the Colombian population. Our findings underscore the potential of integrating diverse data types to develop predictive models for COVID-19 hospitalization risk, which can inform clinical decision-making and resource allocation to improve patient outcomes.

O-029

Infecciones Asociadas a la atención en Salud (IAAS) en trasplante pulmonar en un centro colombiano: características clínicas y microbiológicas.

Gutiérrez-Londoño M, Vargas-Rincón A, Botero-Bahamon J, Londoño-Villegas A, Rendón Isaza J, Uribe-Giraldo N, Montoya-Medina C, Celis-Mejía D, Campo-Campo F, Quintero-Ossa A, Zapata-González R, García-Rincón C, Roncancio-Villamil G. Clínica Cardio Vid. Medellín. comitetrasplantes@vid.org.co

Introducción. Las infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS) representan una importante fuente de morbilidad y mortalidad en pacientes trasplantados de pulmón. La escasez de datos específicos en Latinoamérica sobre la epidemiología y microbiología de estas infecciones subraya la necesidad de estudios regionales que orienten estrategias de prevención y manejo. **Materiales y métodos.** Revisión retrospectiva de la cohorte de pacientes que recibieron trasplantes de pulmón entre 2011 y 2023 en la Clínica Cardio VID de Medellín, Colombia. **Resultados.** Se analizaron 110 trasplantes en 107 pacientes con una edad promedio de 49 años (rango 16-67 años). El diagnóstico más frecuente para trasplante fue la enfermedad pulmonar obstructiva crónica (EPOC, 37,3%). Se registraron 69 infecciones en 49 pacientes. El 55% de las IAAS estaban relacionadas con dispositivos invasivos (52% NAV, 33% ITS-LC, 11% eventos infecciosos no NAV asociados a VM; mediana de 10 días desde implante del dispositivo); las infecciones de sitio quirúrgico representaron el 29%. 60% de los receptores ya presentaba cultivos positivos en el momento del trasplante. Se identificó etiología en 94% de las IAAS, siendo 85% de origen bacteriano (74% gramnegativos, 9,4% resistencia a carbapenémicos, 4% productores de betalactamasa de espectro extendido). El uso de ECMO como puente a trasplante y en el postoperatorio junto con la edad por encima de 60 años y ser portador de microorganismos MDR se relacionó con mayor frecuencia de IAAS. **Conclusiones.** Estos hallazgos refuerzan la necesidad de políticas de profilaxis y tratamiento personalizados para optimizar los resultados clínicos en receptores de trasplante pulmonar.

O-030

Utilidad de una prueba molecular para el tamizaje de pacientes de alto riesgo de colonización por bacilos gramnegativos productores de carbapenemasas, impacto en aislamientos hospitalarios.

Rodríguez A, Penagos-Gaviria S, Echeverri Toro L, González Y, Atehortúa-Muñoz S. Colegio Mayor de Antioquia, Hospital Pablo Tobón Uribe. Medellín. satehortuamd@gmail.com

Introducción. Las bacterias multirresistentes son un problema de salud pública a nivel mundial. Se necesitan herramientas que faciliten su rápida identificación para poder implementar medidas de aislamiento hospitalario adecuadas. Se evaluó el rendimiento de la prueba Xpert® Carba-R para la detección de colonización por Enterobacterales resistentes a carbapenémicos (ERC)

en pacientes con factores de riesgo, comparado con el tamizaje convencional y su impacto sobre la duración de los aislamientos de contacto en los pacientes.

Materiales y métodos. Estudio prospectivo observacional analítico realizado en el HPTU entre octubre y diciembre de 2023. Se ingresaron 70 pacientes adultos que por protocolo institucional (requerían aislamiento de contacto empírico por riesgo de colonización por ERC) y se les realizó la prueba molecular Xpert Carba-R en muestra de hisopado rectal. **Resultados.** 70 pacientes, 36 de Urgencias, 34 de UCE. Todos con resultado negativo Xpert Carba-R. El tiempo promedio entre la toma de la muestra y el reporte del resultado fue de 3h12m Xpert vs 37h 22m Cultivo; con un tiempo entre el reporte del resultado y la suspensión del aislamiento de 6h10m para los pacientes con Xpert, disminuyendo en promedio 15 h de tiempo total de aislamiento. Se estimó el costo tarifario promedio ahorrado por aislamiento por paciente, el cual fue de 151 dólares en UCE y de 53 dólares en urgencias, con mejora en el giro cama, debido al informe más oportuno del resultado negativo. **Conclusiones.** El uso de la prueba puede determinar con rapidez la necesidad de aislamiento, mejorar el giro cama y disminuir costos de aislamientos innecesarios

O-031

Actividad antimicrobiana de una pintura contra *Staphylococcus aureus* resistente a metilina y *Escherichia coli* productora de BLEEs, luego de procesos desinfección repetitivos evidencia su utilidad para el control de IAAS.

Gallego-Gómez E, Jiménez-Quiceno N, Pino N, Yepes M, Cifuentes M, Arroyave M, Mesa J, Rodríguez-Tamayo E. Línea de Epidemiología Molecular y Resistencia Bacteriana, Grupo de investigación en Microbiología Básica y Aplicada MICROBA: Universidad de Antioquia, Grupo Diagnóstico y control de la contaminación – GDCON: Universidad de Antioquia, Pintuco. Medellín. andrearrt@gmail.com

Introducción. Las pinturas antimicrobianas (PA) pueden aportar al control de las infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS), incluyendo las causadas por microorganismos resistentes a los antimicrobianos. No obstante, en estos productos generalmente no se evalúa la actividad antibacteriana (AAB) frente a bacterias resistentes y menos considerando los procesos de limpieza y desinfección empleados en hospitales que pueden afectar su desempeño. Este trabajo evaluó la AAB de la pintura "Asepsia Ultra-Acril-Uretano" frente: *Staphylococcus aureus* resistente a metilina (SARM) y *Escherichia coli* productora de BLEEs, luego de los procesos repetitivos de limpieza y desinfección como los realizados en hospitales. **Materiales y métodos.** Mediante entrevistas en hospitales sobre los protocolos de limpieza se definió el desinfectante a utilizar en los experimentos (Klorkleen®) así como el proceso de lavado (200 ciclos repetidos 15 veces). Posteriormente, aplicando la normativa JIS Z 2801, se evaluó la AAB por triplicado en 5 superficies: piezas de prueba con PA sin lavados, piezas de prueba con PA lavadas con Klorkleen®, piezas de prueba con PA lavadas con agua, y finalmente dos superficies sin PA como controles. **Resultados.** La pintura presentó una AAB $R \geq 7$ log para las bacterias evaluadas, señalando una reducción bacteriana del 99,99999%. Esta AAB se mantuvo estable incluso después de los procesos de lavado y desinfección equivalentes aproximadamente a 15 meses de limpieza. **Conclusiones.** Se evidenció la utilidad de la pintura a largo plazo para el control de IAAS. Así mismo, la metodología podría ser utilizada en la evaluación de productos similares. Minciencias Contrato No.137 de 2023.

O-032

PCR múltiple para la identificación etiológica de síndromes infecciosos en una institución de alta complejidad de Colombia, 2019-2024.

Alzate-Carvajal C, Buitrago-Gómez D, Chimá-Lozano C, Páez-Valencia M, Hernández-Ovalle J, Aranzazu-Velásquez M, Osorio-Pinzón J. Clínica San Rafael Pereira. Universidad Libre de Pereira. Institución Universitaria Visión De Las Américas. Pereira. dianapbg21@gmail.com

Introducción. La identificación rápida de agentes infecciosos permite dirigir oportunamente el tratamiento antimicrobiano y, a nivel institucional, contribuye a mejorar el desempeño del PROA. Este estudio pretende caracterizar, mediante PCR múltiple, la etiología de diversos síndromes infecciosos en una institución hospitalaria de Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo en una institución de alta complejidad en Pereira, Colombia. Se incluyeron pruebas de PCR múltiple (FilmArray™BioMerieux) pa-

nel de sepsis, respiratorio, neumonía, gastrointestinal y meníngeo realizados en pacientes hospitalizados entre abril 1 de 2019 a 31 de marzo de 2024. Se realizó estadística descriptiva con frecuencias, proporciones, medidas de tendencia central y dispersión. **Resultados.** Se incluyeron 3165 pruebas de PCR múltiple distribuidas por paneles así: sepsis (945), gastrointestinal (713), respiratorio (595), meníngeo (570) y neumonía (342). Fueron positivos 90,1%, 79,8%, 69,7%, 61,9% y 9,3% de los paneles de sepsis, neumonía, respiratorio, gastrointestinal y meníngeo, respectivamente. Se realizaron 2332 estudios en adultos y 833 en niños con detección de microorganismos en 1473 (63,1%) y 562 (67,4%) paneles, respectivamente. La mediana de edad fue 57 ± 18 años. El panel solicitado con mayor frecuencia en adultos fue el de sepsis y el respiratorio en pediatría. El principal agente detectado en el panel de sepsis fue *E. coli*; en neumonía *K. pneumoniae*; Influenza A en el respiratorio; en el gastrointestinal *E. coli* enteropatógena, mientras que en el meníngeo, *Varicella zoster*. **Conclusiones.** La PCR múltiple permite establecer de forma precisa la epidemiología de diferentes síndromes infecciosos facilitando la toma de decisiones terapéuticas asertivas y el uso prudente de antibióticos intrahospitalariamente.

RESISTENCIA BACTERIANA

O-033

Validación de la prueba rápida modificada para detección del Efecto Inóculo a Cefazolina (CzIE) en *Staphylococcus aureus* sensible a la metilina (MSSA) de bacteriemia recolectados en hospitales de Norteamérica y Latinoamérica.

Carvajal L, Rincón S, Panesso D, Gomez-Villegas S, Singh K, Jacques-Palaz K, Malikzad H, Dziadula J, Miller W, Dingle T, Butler-Wu S, Arias C, Reyes J. Universidad El Bosque, Houston Methodist Research Institution, Brigham And Women's Hospital, University Of Alberta, University Of Calgary. Bogotá. carvajallinap@unbosque.edu.co

Introducción. La Cefazolina se utiliza para infecciones graves por *Staphylococcus aureus* sensible a la metilina (MSSA) debido a su eficacia similar y menores efectos adversos que isoxazolil-penicilinas. Fallas terapéuticas y mortalidad en infecciones severas por MSSA debido al Efecto Inóculo de Cefazolina (CzIE) se han reportado. Sin embargo, este fenotipo no se detecta en el laboratorio clínico. Nuestro objetivo fue realizar la validación de la prueba rápida modificada para detectar el CzIE en MSSA. **Materiales y métodos.** Se evaluaron 99 MSSA de bacteriemia recolectados en hospitales de Latinoamérica (2011-2019; n=30), y Norteamérica (2019, n=69). Se identificó el CzIE por microdilución con inóculo bacteriano estándar 105 UFC/mL y alto 107 UFC/mL (gold standard). Se realizó la prueba rápida para detectar CzIE, según nuestro protocolo publicado, con modificación del uso de sensibilizadores de ampicilina. Se calcularon métricas de rendimiento diagnóstico y la tipificación de BlaZ se realizó utilizando secuenciación del genoma completo. **Resultados.** En comparación con el gold standard, la prueba-modificada mostró sensibilidad y especificidad del 97% y 86%, respectivamente, y precisión del 94%. Los tipos BlaZ predominantes fueron BlaZ-C (70%) y BlaZ-A (27%). Al analizar el rendimiento de la prueba por tipo de BlaZ, BlaZ-C, tuvo sensibilidad del 96% y una especificidad del 82%, con precisión del 91%. En MSSA con BlaZ-A, la sensibilidad y especificidad fueron del 100%. **Conclusiones.** La prueba detectó el CzIE en MSSA de bacteriemia con precisión global del 94% y el uso de sensibilizadores de ampicilina demostró ser una modificación práctica y que ahorra tiempo en la realización de la prueba y no afectó su precisión

O-034

Biopelícula radicular dental como reservorio de resistencia antimicrobiana.

Suárez-Ortegón A, Usuga-Vacca M, Abril-Riaño D, Márquez-Ortiz R, Escobar-Pérez J, Castellanos J, Martignon S. Universidad El Bosque. Bogotá. amsuarez@unbosque.edu.co

Introducción. La biopelícula radicular es una comunidad de microorganismos de la superficie de la raíz dental y potencial reservorio de genes de resistencia. El objetivo de este estudio fue identificar el resistoma presente en biopelícula radicular dental de adultos mayores. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de corte transversal en el que se analizaron muestras de biopelícula radicular (de siete pacientes >60 años), clasificadas según la severidad y actividad de la caries radicular. Se realizó extracción de ADN para secuenciación

meta shotgun (NovaSeq-6000). La calidad de las lecturas fue analizada *in silico*, aquellas con un Phred-score > 20 fueron seleccionadas para la remoción de lecturas de *Homo sapiens*, ensamblaje, asignación taxonómica y detección de genes resistentes. **Resultados.** A partir de 20 muestras de ADN de biopelícula radicular dental se identificaron 19 genes de resistencia antibiótica, 31.6%(6) a β -lactámicos, 36.8%(7) a tetraciclinas, 26.315%(5) a lincosamidas, macrólidos y estreptograminas. Para destacar, se encontró blaKPC-2 y blaKPC-3 para dos muestras con caries activa y genes erm diferenciales de las raíces con caries, de los cuales se destaca ermB que podría indicar la presencia de bombas de eflujo. En muestras con raíz sana, fueron identificados tetA(46) y tetB(46) y cuatro de las muestras no presentaron genes de resistencia. **Conclusiones.** La biopelícula radicular dental puede ser un reservorio de genes de resistencia, que, de acuerdo al uso de los antibióticos, podría promover la selección de aislamientos resistentes y la transferencia horizontal de genes de resistencia.

O-035

Genome-wide association studies for the detection of genetic variants associated with linezolid, bedaquiline, and clofazimine resistance in *Mycobacterium tuberculosis*.

Mosquera-Rendón J, Moreno-Herrera C, Álvarez-Zuluaga N, Realpe T, Robledo J, Hurtado-Páez U. Unidad de Bacteriología y Micobacterias - Corporación Para Investigaciones Biológicas CLB, Grupo de Microbiodiversidad y Bioprospección-microbiop - Universidad Nacional de Colombia, Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín. jmosquerar@unal.edu.co

Introduction. Tuberculosis (TB) is still a major infectious disease and public health problem worldwide. Its situation is worsened by the presence of drug-resistant strains of *Mycobacterium tuberculosis*. A better knowledge of the genetic bases of drug resistance in these bacteria is essential to improve early detection and optimal treatment. This study aimed to implement genome-wide association study (GWAS) approaches to identify genetic variants associated with resistance to these drugs. **Materials and methods.** We sequenced and determined the minimum inhibitory concentrations (MIC) of 57 M. tuberculosis isolates from Colombia combined with genotypic and phenotypic data from 1,708 M. tuberculosis isolates originating from 29 countries of different bioinformatics pipelines. **Results.** We identified mutations in the genes rplC (Cys154Arg) and Rv0678 (Glu49fs) using k-mers and SNPs-Indels based GWAS analysis, in addition, unities in specific genes potentially involved in resistance to linezolid, bedaquiline, and clofazimine. **Conclusions.** Our findings demonstrate the potential of genotype-phenotype analysis and the quantification of the resistance phenotype through minimal inhibitory concentration (MIC) measurements to detect relevant genetic variants and enhance our understanding of resistance to drug resistance mechanisms in *M. tuberculosis*.

O-036

Resistencia a los antibióticos en aislamientos de *Streptococcus pneumoniae* causantes de enfermedad neumocócica invasiva en 30 hospitales de Colombia 2017-2023.

Leal-Castro A, Moreno-Mejía V, Camacho-Moreno G, Patiño-Niño J, Vásquez P, Gutiérrez-Tobar I, Londoño J, Beltrán S, Álvarez-Olmos M, Mariño C, Espinosa F, Rojas J, Arango-Ferreira C, Trujillo M, Díaz-Díaz A, Suárez M, López-Medina E, López P, Coronell W, Chaucanez Y, Mendoza L, Romero A, Toro J, Sosa L, Guerrero-González M, Arias A, Ramos N, Mejía L, Barrero R, Restrepo-Cedeño A, Montañez-Ayala A, Perdomo M. Universidad Nacional de Colombia, Red neumocolombia, HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia, Hospital San Rafael de Facatativá, Fundación Valle de Lili, Clínica Santa María Del Lago, Clínica Infantil Colsubsidio, Clínica Pediátrica - Clínica Universitaria Colsanitas, Clínica Universitaria Colombia, Fundación Cardioinfantil - Instituto de Cardiología, Hospital Militar Central, Hospital Infantil Universitario de San José, Fundación Clínica Infantil Club Noel, Universidad Del Valle, Universidad Libre, Hospital Universitario San Vicente Fundación, Hospital Pablo Tobón Uribe, Hospital General de Medellín, Unidad de Servicio de Salud Tunal, Hospital Universitario San Ignacio, Centro Médico Imbanaco, Hospital Universitario del Valle, Hospital Infantil Napoleón Franco Parejo, Hospital Los Ángeles de Pasto, Grupo Clínica Médicos Valledupar, Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo, Clínica Medilaser, Clínica San Luis de Bucaramanga, Hospital Universitario Erasmo Meoz, Clínica Medical Duarte, Los Cobos Medical Center, Unidad de Servicios de Salud Santa Clara, Hospital Universitario Clínica San Rafael. Bogotá. neumocolombia@gmail.com

Introducción. Algunos aislamientos de *Streptococcus pneumoniae* son resistentes a antibióticos como los betalactámicos y macrólidos que en Colombia, reportan en aumento en los perfiles resistencia. **Materiales y métodos.** Análisis descriptivo secundario de Red Neumocolombia, que recoge prospectivamente niños con enfermedad neumocócica invasiva(ENI) en 30 hospitales desde enero 2017 hasta diciembre 2023. Se analizó la resistencia a penicilina, ceftriaxona, macrólidos, clindamicina, trimetoprim-sulfa y vancomicina según si el aislamiento es meníngeo o no y por serotipos mediante estadística descriptiva. **Resultados.** Se encontraron 738 casos de ENI, 678 con datos de susceptibilidad(86%): 606(89%) no meningeos y 72(11%) meningeos. Para penicilina, aislamientos no meningeos, 103(17%) fueron resistentes y 75(12%) sensibilidad intermedia. En aislamientos meningeos, 25(35%) fueron resistentes. Para ceftriaxona, 57(9.4%) de los aislamientos no meningeos fueron resistentes y 89(15%) sensibilidad intermedia. Entre los aislamientos meningeos, 12(17%) fueron resistentes y 2(3%) sensibilidad intermedia. 380(56%) fueron resistentes a macrólidos, 286(42%) a clindamicina y 287(42%) a trimetoprim-sulfa. Todos sensibles a vancomicina. En conjunto, 178(26%) fueron sensibles a todos los antibióticos y 105(16%) multiresistentes. El serotipo más resistente a penicilina (26%) y ceftriaxona (18%) fue Spn19A, que también mostró multiresistencia del 31% y el 14% fue sensibles a todos los antibióticos. El serotipo más resistente a macrólidos (64%) fue Spn6C. **Conclusiones.** La resistencia a los antibióticos fue similar a los reportes previos realizados en 2008-2016 por la red. Los serotipos Spn19A y Spn6C, con protección vacunal desde 2022, se asociaron a multiresistencia

O-037

Diversidad bacteriana y presencia de genes de resistencia a antibióticos en productos lácteos en la región del Sumapaz, Colombia.

Gómez-Alfonso L, Duque-Zapata J, López-Álvarez D, Abril D, Soto C, Arenas N. Instituto de Biotecnología - Departamento de Ciencias Biológicas Campus Palmira - Departamento de Química - Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ciencias Agropecuarias - Universidad de Cundinamarca, Facultad de Medicina - Universidad de Cartagena. Cartagena. narenas@unicartagena.edu.co

Introducción. La industria ganadera colombiana se ve afectada por las malas prácticas de higiene y el uso inapropiado de antibióticos que devalúa el valor comercial de los productos lácteos e incluso impacta la salud del consumidor. Nuestro objetivo fue identificar la microbiota y los genes de resistencia a antibióticos (ARG) asociados a pequeños predios ganaderos de la región de Sumapaz, Cundinamarca. **Materiales y métodos.** Se muestreó 12 zonas rurales de la región de Sumapaz (5 rutas de distribución) y se extrajo el ADN total de 5 muestras de queso y 5 de leche cruda. Se realizó un análisis metagenómico de escopeta basado en la tecnología Illumina® en 4 muestras. Se analizaron los metagenomas en los programas y bases de datos para la limpieza de secuencias, anotación taxonómica y funcional de la diversidad bacteriana y ARG respectivamente. **Resultados.** Los géneros más abundantes identificados fueron *Clostridium*, *Lactococcus* y *Acinetobacter*. Se detectaron especies patógenas como *A. baumannii*, *S. aureus*, *P. putida*, *E. coli* y *K. pneumoniae* con abundancias relativas bajas (promedio 0,6). La anotación funcional reveló 49 ARG, 33 asociados con resistencia mediada por bombas de eflujo como TETA, TETC y TETK asociados a resistencia a la tetraciclina. También se encontraron CTX y OXA asociados con beta-lactamasas y carbapenemasas (n= 16) en todas las muestras, con valores promedio de cobertura/identidad del 99,9% y 97%, respectivamente. **Conclusiones.** El estudio resalta la necesidad de prevenir el uso indiscriminado de antibióticos en la industria ganadera para reducir el riesgo de propagación de ARG en Colombia.

O-038

Evaluación del resistoma rectal de pacientes críticamente enfermos a través de RT-PCR multiplex.

Silva E, Deisy-Martínez D, Pescador Á, Hurtado L, Trujillo P, Leal R, Hernández P, Torres I, Osorio J, Josa D. Fundación Clínica Shaio. Bogotá. diego.josa@shaio.org

Introducción. La evaluación del resistoma en muestras rectales puede evidenciar la prevalencia y dinámica de diseminación de elementos de resistencia antimicrobiana (RAM). El objetivo de este estudio fue evaluar el resistoma rectal de pacientes críticamente enfermos. **Materiales y métodos.** Estudio prospectivo transversal en una muestra consecutiva por conveniencia. Se empleó

RT-PCR multiplex (MDR flow Chip®) con detección de 56 genes de resistencia en muestras rectales de pacientes en UCI. Se evaluaron 21 genes de betalactamasas (15 carbapenemasas) y genes de resistencia a meticilina, vancomicina, quinolonas, polimixinas, entre otros. **Resultados.** Entre el 1 de abril y el 1 de mayo de 2024 se evaluaron 207 hisopados rectales de 165 pacientes hospitalizados en UCI. Se detectó la presencia de 31 de los 56 genes evaluados. Los elementos de resistencia más prevalentes fueron: blaCMY (58%), sul1 (47%), mefA/E (44%), qnrS (42%) y ermB (38%). Después de blaCMY, las betalactamasas más detectadas fueron blaSHV (20%), blaCTX-M (16%), blaKPC (8%) y blaNDM (6%). El 10% de las muestras tenía detección de al menos una carbapenemasa (codetección KPC/NDM en 5% de muestras). Un 20% de muestras contaban con detección de mecA. Se detectó circulación de cfr (3 pacientes) y vanB (2 pacientes). **Conclusiones.** Encontramos elevada circulación de genes de RAM a sulfas, quinolonas, macrólidos y meticilina. En 20% de muestras se encontraron BLEE y en 10% carbapenemasas, la circulación de carbapenemasas distintas de blaKPC y blaNDM fue infrecuente. Se debe investigar la significación clínica y epidemiológica de la elevada circulación de blaCMY.

O-039

Diseminación interregional del clon de alto riesgo ST307 de *Klebsiella pneumoniae* co-productor de KPC-3 y NDM-1 en diferentes hospitales de Colombia.

Saavedra-Rojas S, Montilla-Escudero E, Ovalle-Guerro M, Torres-Rodríguez Y, Gutiérrez-Santander M, Barrera-Castiblanco A, Duarte-Valderrama C. Instituto Nacional de Salud. Bogotá.
sysaavedrar@gmsil.com

Introducción. El clon de alto riesgo ST307 de *Klebsiella pneumoniae* es causante de brotes hospitalarios y diseminación de carbapenemasas. Nuestro objetivo es describir las características fenotípicas y genéticas de *Klebsiella pneumoniae* productores de KPC+NDM, asociados a brotes hospitalarios, recibidos en 2023 a través de la vigilancia Nacional por Laboratorio de Resistencia Antimicrobiana liderada por el grupo de Microbiología del Instituto Nacional de Salud. **Materiales y métodos.** En total se recibieron 62 aislamientos de *Klebsiella pneumoniae* co-productores de KPC+NDM asociados a brotes precedentes de ocho hospitales de cuatro departamentos Antioquia, Bogotá, Boyacá y Meta. Se seleccionaron al azar 11 aislamientos de seis instituciones para secuenciación de nueva generación en la plataforma MySeq (Illumina). Los resultados obtenidos fueron analizados usando Kleborate v2.0, Plasmidfinder, TETfinder, IQTree y snpTree. **Resultados.** Se identificaron dos secuencias tipo ST17 (dos aislamientos de una unidad pediátrica de Bogotá) y ST307 (nueve aislamientos). Los aislamientos ST307 se identificaron en Antioquia (un hospital), Bogotá (un hospital), Boyacá (dos hospitales) y Meta (un hospital). Todos los aislamientos de *K. pneumoniae* ST307 (Kpn-ST307) fueron productores de KPC-3 (asociado a Tn4401b), NDM-1 y determinantes de resistencia a aminoglicósidos, quinolonas, fosfomicina y trimetoprim. El análisis filogenético mostró que los aislamientos de Kpn-ST307, se agruparon en un clado caracterizado por presentar un bajo número de diferencias de SNPs (rango de 1 a 24) entre aislamientos de diferentes hospitales y departamentos. **Conclusiones.** Las diferencias son bajas entre aislados sugiriendo rápida y alta capacidad de diseminación de estos clones.

O-040

Detección de *Enterobacter cloacae* resistente a ceftazidima/avibactam mediado por blaKPC-33.

Abril D, Solorzano P, Leal-Castro A, Forero-Hurtado D, Martínez O, Prada L, Vanegas-Gómez N, Escobar-Pérez J. Bacterial Molecular Genetics Laboratory - Universidad El Bosque, Departamento de Patología y Laboratorios - Fundación Santa fe de Bogotá. The IB Institute - Faculty Of Science University Of Technology - Australia. Bogotá.
djabil@unbosque.edu.co

Introducción. Ceftazidima/avibactam (CZA) es una combinación de β-lactámico/inhibidor de β-lactamasa con potente actividad contra β-lactamasas de clase A. El objetivo de este estudio fue determinar los mecanismos de resistencia a CZA en aislamientos clínicos Gram negativos de una institución de salud de Bogotá **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo de corte transversal de aislamientos clínicos de Enterobacteriales y *Pseudomonas aeruginosa* resistentes a carbapenémicos y CZA mediante VITEK®2, recuperados durante 2022. Se confirmó la resistencia a CZA mediante Etest®, la presencia de metalo-β-lactamasas por sinergia con EDTA, la especie bacteriana

y los genes blaKPC, blaGES, blaNDM, blaVIM y blaIMP por técnicas moleculares y la variante de blaKPC mediante secuenciación. Se realizó la secuenciación genómica (NovaSeq-6000) y detección del resistoma de un aislamiento representativo mediante ResFinder-CARD **Resultados.** De los 20 aislamientos clínicos, el 80% (16) fueron resistentes a CAZ/AVI, en su mayoría (68,7%) con una CIM ≥256 µg/mL. El 43,7% (7) de los aislamientos codificaban metalo-β-lactamasas, el 31,3% (5) albergaron blaKPC y el 25% (4) no presentaron ninguno de los genes evaluados. Para la secuenciación genómica se seleccionó un aislamiento de *Enterobacter cloacae* (ST 456), CZA CIM ≥ 256 µg/mL, con 13 genes de resistencia, incluido blaKPC-33 en un Tn4401b. **Conclusiones.** Se realiza la detección por primera vez en Colombia de blaKPC-33, que al ser movilizado por Tn4401, tiene alto potencial de ser transferido a otras especies de Enterobacteriales, siendo fundamental la vigilancia y el uso adecuado de CZA para evitar la diseminación de aislamientos resistentes.

VIH

O-041

Calidad de vida relacionada con salud en pacientes con VIH/Sida de centros de atención del grupo VIHCOL, Colombia 2024.

Pardo-Rada J, Mueses-Marín H, Martínez-Buitrago E, Galindo-Orrego X, Arévalo-Mora L, Mantilla-Suárez M, Alzamora-Sierra D, Sussmann O, Andrade-Sierra J. Grupo VIHCOL, Corporación de Lucha Contra el Sida. Fundación Reviva, Universidad del Valle, Virrey Solís IPS, Vivir Bien IPS, Infectoclínicos IPS. Cali.
jackopardo@gmail.com

Introducción. En conjunto con los objetivos de ONUSIDA, la calidad de vida (CdeV) de las personas que viven con VIH (PVV) es también esencial. Objetivo: Determinar en la cohorte VIHCOL la CdeV relacionada con la salud de las PVV **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo transversal. Participaron 271 PVV ≥18 años, de ambos sexos, con tratamiento antirretroviral ≥6 meses, en control en 4 centros del grupo VIHCOL y que consintieron participar. Información recolectada entre febrero-mayo del 2024. Se indagaron características sociodemográficas y clínicas del VIH, la CdeV se evaluó con la escala WHOQOL-HIV-BREF y la adherencia con el cuestionario SMAQ. Significancia estadística **Resultados.** 77,1% de sexo masculino, edad promedio 38,1 años. Tiempo de diagnóstico VIH=5,5 años RIC(2,2-9,9). La consistencia interna del WHOQOL-HIV-BREF según Cronbach fue 0,94. El 54% declaró estar bastante/muy satisfecho con su salud. Los seis dominios de CdeV en escala de 0-20 en promedio oscilaron entre 14,4 ± 3,8 y 15,2 ± 2,8. Los dominios de CdeV, presentaron correlaciones significativas de -0,52 a 0,38, con soporte familiar, ocupación remunerada, escolaridad, aseguramiento en salud, recuento de células CD4, entorno social en vivienda y preferencia sexual. Ser heterosexual, pertenecer al régimen subsidiado, sin ocupación remunerada, sin apoyo familiar, tener un nivel socioeconómico y educativo bajos, se relacionaron con menores puntuaciones de CdeV. **Conclusiones.** Los resultados soportan la utilidad del cuestionario WHOQOL-HIV-BREF en español y permiten mostrar información de CdeV de PVV en el contexto colombiano. La percepción de las PVV de su CdeV en salud va más allá de aspectos clínicos/terapéuticos. Las características demográficas, sociales y familiares también son determinantes.

O-042

Cáncer en personas viviendo con VIH (PVV) en el aseguramiento en Colombia.

Moreno-Ramírez L, Daza-Criollo P, Losada-Rodríguez L, Valbuena-García A, Acuña-Merchán L. Cuenta De Alto Costo. Bogotá.
pdaza@cuentadealtocosto.org

Introducción. Las personas que viven con el VIH tienen un mayor riesgo de desarrollar ciertos tipos de cáncer, constituyendo una causa importante de mortalidad. El objetivo fue identificar los principales tipos de cáncer reportados en las PVV en el marco del aseguramiento en Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio de corte transversal descriptivo de cobertura nacional. Se incluyeron todas las PVV prevalentes reportadas a la Cuenta de Alto Costo en el periodo 2023 que tuvieron algún tipo de cáncer. Se describieron las características demográficas y clínicas. Se estimó la edad al momento del diagnóstico de cáncer, el tiempo desde el diagnóstico de VIH hasta el cáncer y la frecuencia de muerte. Se consideraron como neoplasias definitivas de SIDA (NDS) el

sarcoma de kaposi (SK), linfoma no hodgkin (LNH) y cáncer de cérvix invasivo (CCI). Los cánceres restantes se etiquetaron como neoplasias no definitivas de SIDA (NNDS). **Resultados.** De las 165.405 PVV prevalentes, 3.306 reportaron algún tipo de neoplasia. Se incluyeron 2.753 casos con diagnóstico de cáncer posterior a la infección de VIH. El SK (22,52%) y LNH (16,49%) fueron los tipos de NDS más frecuentes, seguidos por otros tumores de piel (13,33%) y cáncer colorrectal (14,09%) de las NNDS. Durante el periodo, en las PVV los fallecimientos por todas las causas fueron 154 (5,59%). **Conclusiones.** A medida que aumenta la expectativa de vida de las PVV, se incrementa la aparición de cánceres asociados a la inmunosupresión y a la edad avanzada, tales como el SK, LNH, el cáncer de piel y colorrectal.

O-043

Incidencia acumulada de VIH y sus factores asociados en donantes de sangre de un banco de Medellín-Colombia, 2017-2023.

Cardona-Arias J, Benítez-Cadavid V, Gallego-Ramírez C. Escuela de Microbiología - Universidad de Antioquia. Medellín.
jaiberth.cardona@udea.edu.co

Introducción. La infección por el Virus de la Inmunodeficiencia Humana (VIH) representa un problema mundial debido a las cifras de morbilidad, mortalidad y los altos costos de los tratamientos y los servicios de salud. El objetivo de este estudio fue estimar la incidencia acumulada de VIH y sus factores asociados en donantes de sangre de la ciudad de Medellín - Colombia, 2017-2023. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio longitudinal con 23122 donantes repetitivos de un banco de sangre de Medellín-Colombia. Se utilizó fuente secundaria. Se determinó la incidencia acumulada con su intervalo de confianza del 95%. Se utilizó Chi cuadrado de Pearson, Prueba Exacta de Fisher y riesgos relativos para identificar los factores asociados. **Resultados.** La incidencia acumulada de VIH fue 9,1/10.000 donantes (IC 95%=5,0-13,2). Los subgrupos con mayor incidencia por 10.000 donantes fueron los captados de manera extramural (12,3), menores de 40 años (12,0), hombres (11,3) y donantes altruistas (10,6). **Conclusiones.** Se halló un número relativamente bajo de nuevos casos de VIH en los donantes repetitivos del banco estudiado, identificando los subgrupos con mayor incidencia, lo cual es determinante para implementar nuevas estrategias que permitan garantizar la seguridad de estos grupos prioritarios, y mejorar los sistemas de vigilancia epidemiológica activa de esta infección en población general.

O-044

Subpoblaciones de células B y de células plasmáticas en pacientes VIH+ tratados con TAR y su relación con variables clínicas de la enfermedad.

Rubio-Méndez L, Peñalosa-Catañeda N, Ballesteros-Ramírez R, Solano-Vega J, Cadena-Andrade A, Perdomo-Celis F, Gualtero-Trujillo S, Valderrama-Beltrán S, Cuéllar-Ávila A, Quijano-Gómez S. Pontificia Universidad Javeriana. Hospital Universitario San Ignacio. Bogotá.
laura_rubio@javeriana.edu.co

Introducción. La infección por VIH afecta la cantidad y la funcionalidad de los linfocitos B (LB), aumentando la susceptibilidad a infecciones graves y el riesgo de linfomas B asociados con el virus de Epstein-Barr (VEB). Objetivo: Evaluar la relación entre subpoblaciones de LB y células plasmáticas (CP) en pacientes VIH+ con la carga viral de VEB, el perfil de citocinas y su asociación con características clínicas, incluyendo enfermedades definitivas (EDS) y no definitivas de SIDA (ENDS). **Materiales y métodos.** Se analizaron 140 muestras de sangre periférica de pacientes VIH+ del Hospital Universitario San Ignacio en distintos estadios incluyendo 5 linfomas B y 20 controles sanos. Se evaluaron 23 subpoblaciones de LB mediante citometría de flujo de nueva generación y qPCR para detectar la carga de VEB. Se examinaron 27 citocinas mediante Milliplex Luminex y se asociaron los resultados con las variables clínicas. **Resultados.** El 16,42% de los pacientes presentó EDS y el 70,71% ENDS. El 9,3% fue VEB+, incluyendo los linfomas. Con el avance de la enfermedad hay aumento de IL-3, MIP-1 β , IL-7 y G-CSF ($p < 0,05$) en conjunto con disminución de LB totales, de memoria con cambio de clase (IgA1+, IgA2+, IgG1+ e IgG2+) ($p < 0,05$). El fracaso virológico se correlacionó negativamente con los LB y la carga de VEB, y positivamente con las CP IgA1+, IgA2+ e IgG1+. **Conclusiones.** Pese a la TAR, las EDS y ENDS son complicaciones importantes, con alteraciones significativas de CB/CP, indicando una disfunción inmunitaria persistente que puede contribuir a la progresión de la enfermedad.

OFC-001

Prevalencia de mutaciones asociadas a resistencias (MAR) a antirretrovirales en Colombia - encuesta nacional 2021-2023.

Martínez-Buitrago E, Zapata-Marín A, Rubiano-Perea L, Oñate-Gutiérrez J, García-Gómez J, Álvarez-Payares J, Lenis W, Sañudo L. Fundación Reviva. Cali.
investigaciones@reviva.org.co

Introducción. La guía colombiana de VIH recomienda el uso de inhibidores de integrasa (II) de segunda generación para inicio de tratamiento antirretroviral (TAR); sin embargo, los regímenes con efavirenz son aún los más prescritos. Desde 2016 no se conoce la prevalencia de mutaciones asociadas a resistencias (MAR) pretratamiento en Colombia, generando una brecha para la implementación de las guías. **Materiales y métodos.** Estudio de prevalencia de corte transversal de MAR pretratamiento en muestras de plasma de voluntarios iniciadores o reiniciadores de TAR en Colombia, recolectadas entre julio/2021-octubre/2023 y procesadas en CIENI (México) por técnica de secuenciación de próxima generación del ARN del VIH-1 con umbral de detección del 20%. La muestra se determinó con las tasas de prevalencia de VIH de la Cuenta de Alto Costo 2021. Se utilizó la base de datos Stanford v9.3 para interpretación de las resistencias. **Resultados.** Se incluyeron 483 participantes, 94,3% colombianos, y 12,7% de sexo femenino. Las medianas de edad fueron de 32,4 años, de linfocitos T CD4 de 674 células/uL y de ARN VIH-1 plasmático 213.930 copias/mL. Se detectaron MAR en 119 muestras (24,6%) con mayor frecuencia para ITRNN (18%), con altos niveles de resistencia para nevirapina y efavirenz, 15,4% y 14,1%, respectivamente. La mutación M184V/I se observó en 0,8%, sin detección de MAR para tenofovir. Se detectaron MAR del 2,1% con resistencia intermedia y alta a los II y del 0,2% específicamente para dolutegravir y bictegravir. **Conclusiones.** Nuestros resultados indican una alta resistencia transmitida a efavirenz y nevirapina, y muy baja para los ITRN tenofovir y lamivudina/emtricitabina y para los II de 2ª generación, soportando las recomendaciones de la guía colombiana.

ITS

O-045

Relaciones entre la morbilidad y la mortalidad por Mpox y el índice de desarrollo humano (IDH) a nivel mundial durante la epidemia de 2022-2024.

Rodríguez-Morales A, Bonilla-Aldana D, Cardona-Ospina J. Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Universidad Continental - Perú. Pereira.
ajrodriguezmmmd@gmail.com

Introducción. Se han explorado múltiples aspectos de las recientes epidemias de Mpox (2022-2024); sin embargo, los aspectos socioeconómicos han sido poco evaluados en cuanto a factores epidemiológicos asociados. No se han publicado estudios sobre relaciones entre el índice de desarrollo humano (IDH) y la morbilidad y mortalidad por Mpox. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio ecológico sobre 104 países utilizando datos del IDH del PNUD y los casos, calculando las tasas de incidencia (casos por 100.000 hab.), de los CD y la OMS. Se calcularon tasas de mortalidad (casos/100.000 hab.) y tasas de letalidad (muertes/100 casos). Se evaluaron variaciones anuales de variables y se realizaron modelos de regresión no lineal (exponenciales) en Stata/MP® v.14.0. **Resultados.** Los modelos revelaron asociaciones significativas entre variables epidemiológicas y el IDH. Se observó una mayor incidencia en los países con alto IDH ($r^2=0,4132$; $p < 0,0001$), mientras que las tasas de mortalidad fueron significativamente más bajas en estos países ($r^2=0,1317$; $p=0,0007$). Por el contrario, la tasa de letalidad (%CFR) fue significativamente mayor en los países con un IDH más bajo ($r^2=0,1595$; $p=0,0001$). **Conclusiones.** Estos hallazgos subrayan la influencia significativa de los indicadores socioeconómicos como el IDH en las tasas de incidencia, mortalidad y letalidad de Mpox a nivel mundial, particularmente en los países endémicos. A pesar de las epidemias de 2022-2024, Mpox sigue siendo una condición desatendida en todo el mundo, con un resurgimiento en países como la RD Congo en 2023-2024. Por lo tanto, la necesidad de realizar más estudios sobre múltiples factores epidemiológicos de Mpox es primordial.

O-046**Relación entre citología y prueba de VPH-AR en canal anal, para el tamizaje de cáncer anal en mujeres con antecedentes de NICII, NICIII y cáncer cervicouterino en Medellín-2024.**

Martínez L, Tamayo-Acevedo L. Universidad de Antioquia. Medellín.
leycimar23@gmail.com

Introducción. La prueba de VPH (VPH-AR) se usa en el tamizaje del cáncer cervicouterino (CaCu). Dado que el VPH-AR está vinculado al 90% de los casos de cáncer anal, se sugiere su uso para el cribado de este cáncer. Este estudio busca determinar la relación entre la prueba de VPH-AR y la citología anal en mujeres con antecedentes de NICII, NICIII y CaCu, en Medellín-2024. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo transversal en mujeres con antecedentes de NICII, NICIII y CaCu, diagnosticadas entre los años 2012-2022 en Medellín. Mayores a 18 años, sin quimio, radio y/o braquiterapia. Se les realizó la prueba de VPH-AR COBAS 4800® y citología anal. Se exploró la relación entre estas pruebas por índice de Kappa de Cohen global, por edad y, NICII, NICIII y CaCu, con $p < 0,05$ e IC del 95%. **Resultados.** El estudio contó con 308 participantes desde el inicio hasta el final. La edad media fue de 42 años (DS:9,24). El 53,6% presentó antecedentes de NICII. El 37,7% tuvo VPH-AR anal, siendo otros VPH-AR los más comunes con un 31,8%. El 30,8% presentó alteraciones citológicas en el canal anal, destacando ASC-US con un 21,4%. El índice Kappa de Cohen global fue de 0,161 (IC95%: 0,050-0,271), sin diferencias estadísticamente significativas por edad y NICII, NICIII y CaCu. **Conclusiones.** El grado de acuerdo entre la prueba de VPH y la citología anal fue leve, sugiriendo más estudios analíticos para evaluar la eficacia de la prueba de VPH-AR en el tamizaje del cáncer anal. CODI 2020-34332

O-047**Infección por VPH de alto riesgo y neoplasia intraepitelial anal en mujeres con antecedentes de neoplasia cervicouterina, Medellín-2024.**

Tamayo-Acevedo L, Acevedo-Castro T, Campos-Chacón L, Herrera-Posada D. Universidad de Antioquia. Medellín.
lucia.tamayo@udea.edu.co

Introducción. La neoplasia intraepitelial anal (NIA) está en aumento, particularmente en grupos de riesgo: personas VIH positivas, mujeres con antecedentes de neoplasia intraepitelial cervicouterina (NIC) y cáncer en cuello uterino (CaCu). El VPH-AR es responsable aproximadamente del 90% de casos de NIA. Objetivo: Determinar la prevalencia y factores de riesgo de la infección por VPH-AR y alteraciones citológicas en canal anal, en mujeres con antecedentes de NIC y CaCu. **Materiales y métodos.** Estudio transversal, ejecutado en Medellín, durante el 2021-2023, en 308 participantes con diagnóstico de NIC y CaCu. En simultáneo, en canal anal se realizó citología, interpretada por Sistema Bethesda 2014 y genotipificación de VPH-AR por COBAS® 4800. Se analizaron factores de riesgo relacionados con la infección por VPH y NIA, por medio análisis bivariado y regresión logística, valor de p . **Resultados.** Edad mediana, 41,5 años; 41,6% practicó coito anal, 43,5% no utiliza condón; 12,1% tenía antecedentes de condilomatosis y 9,3% contaban, al menos con una dosis de vacuna; el 53,6% tenía antecedente NIC II, 33,4% NIC III. Prevalencia de VPH anal, 37,1%, predominaron otros genotipos, diferentes al 16 y 18. La prevalencia de NIA fue 30,2%, siendo mayor para ASC-US, 20,0%. La infección por VPH-AR se relacionó con coito anal ($p=0,01$) y no uso del condón ($p=0,009$). **Conclusiones.** La prevalencia VPH-AR en canal anal fue alta, 37,1%, predominaron otros genotipos diferentes al 16 y 18, reportados como los más frecuentes en NIC y CaCu; por consiguiente, se sugiere que en la NIA están involucrados otros genotipos.

O-048**Incidencia acumulada de los virus de la hepatitis B y C en donantes de sangre repetitivos de un banco de Medellín, 2017-2023.**

Cardona-Arias J, Gil-Ramírez Y, Villanueva-Giraldo S, Banquez-Cabarcas D, Higuera-Gutiérrez L. Escuela de Microbiología - Universidad de Antioquia, Facultad de Medicina - Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín.
jaiberth.cardona@udea.edu.co

Introducción. El VHB y el VHC son un problema de salud mundial. Esta investigación determinó la incidencia acumulada y sus factores asociados con el VHB y el VHC en donantes repetitivos de un banco de sangre de Medellín-

Colombia, 2017-2023. **Materiales y métodos.** Estudio longitudinal con 23.122 sujetos. Se empleó como fuente de información secundaria. En banco de sangre utiliza pruebas para VHC, HBsAg y anti-HBc con sensibilidad y especificidad mayor al 95%. Se determinó la incidencia acumulada para cada infección con su intervalo de confianza del 95%. Los factores asociados con la infección se identificaron con la prueba Chi-cuadrado de Pearson y estimación de riesgo relativo cruda y ajustada mediante regresión Log-Binomial. **Resultados.** La incidencia del VHB según HBsAg fue de 1,6 /1000, mientras que según anticore fue de 4,9 /1000. Los factores asociados por anti-core incluyeron la edad, con un riesgo que aumentaba con los años, el sexo, donde los hombres tenían 1,6 veces más probabilidades de infección frente a las mujeres, y el tipo de donación, donde los donantes de reposición tenían 2,3 veces la incidencia hallada en los altruistas. La incidencia acumulada del VHC fue de 2,9/1000, mostrando una asociación con el tipo de donación, siendo más alta en los donantes de reposición (5,6/1000). **Conclusiones.** Se halló un número relativamente alto de nuevas infecciones por el VHB y el VHC en donantes repetitivos y se identificaron algunos grupos con mayor incidencia lo que es relevante para la mejorar y focalizar algunas acciones de salud en hemovigilancia

INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA**O-049****Vigilancia centinela de meningitis bacteriana en un hospital pediátrico de IV nivel en Colombia, 2016-2024.**

Bautista A, Camacho-Moreno G, Jerez D, Perdomo-Rojas M, Moreno J, Maldonado L, Rodríguez Y, Sanabria O, Palacios J, Rojas-Sotelo J, Duarte M, Sabogal E, Jiménez K, Duarte C. Instituto Nacional de Salud, HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia, Universidad Nacional de Colombia, Laboratorio de Salud Pública - Secretaría Distrital de Salud, Grupo de Inmunoprevenibles - Subdirección de Enfermedades Transmisibles - Dirección de Promoción y Prevención - Ministerio de Salud y Protección Social, Promoción de la Salud y Curso de Vida - Organización Panamericana de la Salud. Bogotá.
jmoreno@ins.gov.co

Introducción. La meningitis bacteriana (MB) por *Streptococcus pneumoniae* (Spn), *Neisseria meningitidis* (Nm) y *Haemophilus influenzae* (Hi) es un problema de salud pública en niños < 5 años con MO en el HOMI de 2016 a abril de 2024. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de MB. Casos probables pacientes con resultado citológico de LCR compatible con MB y los casos confirmados por cultivo de LCR o hemocultivo o prueba molecular. Los aislamientos viables se fenotipificaron. Se analizaron variables demográficas y clínicas, incidencia de MB por año y asociación de factores de riesgo con mortalidad o secuelas en pacientes vivos. **Resultados.** Se estudiaron 541 casos sospechosos de MB: 27,6% (n = 124/449) fueron casos probables y 57,2% (n = 71/124) casos confirmados. El 77,7% y el 77,4% de los casos probables y confirmados eran. **Conclusiones.** La vigilancia centinela proporciona información del comportamiento de enfermedades prevenibles por vacunación para tomar acciones en salud

O-050**Mediastinitis postoperatoria en pediatría en un centro de referencia cardiovascular en Colombia 2010-2023.**

Vargas-García A, Ruz-Montes M, Guzmán-Bustamante M, Quintero-Gómez A, Montoya-Duque A, Garcés-Samudio C. Clínica Cardio Vid. Medellín.
avargasg@vid.org.co

Introducción. La mediastinitis es una infección grave del sitio operatorio tras cirugías cardíacas con altas tasas de morbimortalidad y costos económicos considerables. El presente estudio describe las características de pacientes pediátricos con mediastinitis en la Clínica Cardio VID de Medellín entre enero de 2010 y diciembre de 2023. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo descriptivo de 2.963 pacientes menores de 18 años sometidos a cirugía cardíaca. Se seleccionaron 101 pacientes con mediastinitis según definiciones del CDC. Las variables cualitativas se presentaron en frecuencias absolutas y relativas; las cuantitativas, tras pruebas de Shapiro Wilk, en medidas de tendencia central, dispersión y posición. **Resultados.** De 2.963 cirugías, 101 desarrollaron mediastinitis (tasa de 3,4%). La mediana de edad fue 2 meses (10 días - 11 meses), siendo el más joven de 1 día y el mayor de 15 años. 51% fueron varones, 68,3% con estado nutricional normal, y 15,8% prematuros. Predo-

minó RACHS-3 (49,5%). 47,5% salió con el esternón abierto; 9,9% requirió reintervención por sangrado. 86,1% recibió transfusión intraoperatoria y 74,2% postoperatoria. 36,6% tenía dos o más cirugías previas. El diagnóstico postoperatorio fue a los 11 ± 8 días. 34,6% tuvo VIS (Vasoactive Inotropic Scale) > 15 al ingreso a UCI y el 42,5% a las 24 horas. Hubo 127 aislamientos: 19 polimicrobianas y 10 aislados, predominando cocos grampositivos (49,6%). 25% tuvo bacteriemia concurrente, principalmente por gram negativos (42,1%) y hongos (36,8%). **Conclusiones.** Este estudio subraya la necesidad de estrategias preventivas y tratamientos eficaces para reducir la carga de esta infección en la población pediátrica

O-051

Pediatric *Streptococcus pneumoniae* meningitis in Colombia: a comprehensive healthcare and epidemiological analysis. 2017-2022.

Escobar-Franco O, Camacho-Moreno G, Patiño-Niño J, Leal-Castro A, Vásquez P, Castro-Montoya B, Gutiérrez I, Beltrán S, Álvarez-Olmos M, Mariño C, Barrero-Barreto R, Rojas Hernández J, Espinosa F, Arango-Ferreira C, Suárez M, Trujillo-Valencia M, López-Medina E, López P, Coronell-Rodríguez W, Ramos-Rodríguez N, Montañez-Ayala A, Restrepo-Cedeño A, Moreno-Mejía V. Universidad CES, Red neumocolombia, Universidad ICESI, Universidad Nacional de Colombia, HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia, Fundación Valle del Lili, Clínica Infantil Colsubsidio, Clínica Colsanitas, Fundación Cardioinfantil - Instituto de Cardiología La Cardio, Hospital Militar Central, Unidad de Servicios de Salud Santa Clara - Subred Centro Oriente, Fundación Clínica Infantil Club Noel, Hospital Infantil Universitario de San José, Hospital Universitario San Vicente Fundación, Hospital Universitario San Ignacio, Hospital Pablo Tobón Uribe, Centro Médico Imbanaco, Hospital Universitario del Valle, Hospital Infantil Napoleón Franco Parejo, Los Cobos Medical Center. Bogotá. escobar.omar@uces.edu.co

Introduction. Meningitis caused by *Streptococcus pneumoniae* is a significant public health concern worldwide. In Colombia, this infection has posed a considerable burden on both healthcare systems and affected individuals. This abstract presents a comprehensive corresponding analysis of *Streptococcus pneumoniae* meningitis cases in Colombia from 2017 to 2022, coupled with a healthcare cost analysis to shed light on the economic implications of this disease. **Materials and methods.** Based on epidemiological surveillance of notifiable cases to national health entities, clinical records to identify clinical characteristics of cases of *Streptococcus pneumoniae* meningitis during the period 2017 to 2022, a cluster analysis was performed to identify patterns, then a correspondence analysis was performed to assess the impact of vaccine serotypes, with R-based software. **Results.** A total of 55 cases, direct health care costs between \$(476 - 20.732), with a median \$2913 associated with the management of *S. pneumoniae* meningitis cases were analyzed. The results show that there is a correlation between the vaccine serotypes included in PCV13. 19A was a more common isolated serotype with higher costs of both antibiotic treatment and total cost; LOS and ICU were more weight in the model. **Conclusions.** The study underscores the importance of vaccination against *Streptococcus pneumoniae* as a cost-effective strategy to reduce the incidence of vaccinated serotypes and their associated healthcare costs. By integrating real epidemiological data with health care cost analysis, our findings provide valuable information for health care decision makers to develop specific interventions and policies aimed at reducing the burden of meningitis in Colombia.

O-052

Impacto de la implementación de vacunas en la distribución de serotipos de enfermedad neumocócica invasiva en Colombia. 2017-2023.

Patiño-Niño J, Leal-Castro A, Camacho-Moreno G, Moreno V, Vásquez P, Gutiérrez-Tobar I, Londoño J, Beltrán S, Álvarez-Olmos M, Mariño C, Espinosa F, Rojas J, Arango-Ferreira C, Trujillo M, Díaz-Díaz A, Suárez M, López-Medina E, López P, Coronell W, Chaucanez Y, Mendoza L, Romero A, Toro J, Sosa L, Guerrero-González M, Arias A, Ramos N, Mejía L, Barrero R, Restrepo-Cedeño A, Montañez A, Perdomo M. Fundación Valle de Lili, Universidad Nacional de Colombia HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia, Hospital San Rafael de Facatativá, Red Neumocolombia, Clínica Santa María Del Lago, Clínica

Infantil Colsubsidio, Clínica Pediátrica - Clínica Universitaria Colsanitas, Clínica Universitaria Colombia, Fundación Cardioinfantil - Instituto de Cardiología, Hospital Militar Central, Hospital Infantil Universitario de San José, Fundación Clínica Infantil Club Noel, Universidad del Valle, Universidad Libre Seccional Cali, Hospital Universitario San Vicente Fundación, Hospital Pablo Tobón Uribe, Hospital General De Medellín, Unidad de Servicio de Salud Tunal, Hospital Universitario San Ignacio, Centro Médico Imbanaco, Hospital Universitario Del Valle, Hospital Infantil Napoleón Franco Parejo, Hospital Los Ángeles de Pasto, Grupo Clínica Médicos Valledupar, Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo, Clínica Medilaser, Clínica San Luis de Bucaramanga, Hospital Erasmo Meoz, Clínica Medical Duarte, Los Cobos Medical Center, Unidad de Servicios de Salud Santa Clara, Hospital Universitario Clínica San Rafael. Bogotá. neumocolombia@gmail.com

Introducción. La enfermedad neumocócica invasiva (ENI) causa alta mortalidad. El seguimiento de serotipos es importante dada la implementación de vacunas. Este reporte incluye casos de 2017 a 2023, mostrando el impacto de PCV10(2012) y antes de PCV13(2022) **Materiales y métodos.** Análisis descriptivo secundario de la Red neumocolombia, que recoge prospectivamente pacientes pediátricos con ENI admitidos en 30 hospitales de Colombia desde enero 2017 hasta diciembre 2023. Se describen casos con serotipificación por años. Se presentan estancias, frecuencia de ingreso a UCIP y letalidad por serotipo, mediante estadística descriptiva **Resultados.** Se encontraron 738 casos de ENI, se obtuvo serotipo en 378(51%). Los serotipos más frecuentes fueron 19A(52%), 6C(7%), 3(6%), 14(5%) y 6A(3%). La prevalencia de Spn19A varió de 43% en 2017 a 67% en 2022 y 49% en 2023. La prevalencia de Spn6C varió de 7% en 2017 a 8% en 2023. La prevalencia de Spn3 varió de 9% en 2017 a 5% en 2023. La mediana de días de hospitalización, la proporción de ingreso a UCIP y la letalidad de la cohorte fueron 13 días(RIQ 7-21), 53% y 11%, respectivamente. Para Spn19A fueron:13 días(RIQ 7-22), 56% y 7%; para Spn6C: fueron 12 días(RIQ 5-19), 46% y 4%; y para Spn3: fueron 19 días(RIQ 8-40), 80% y 10%. **Conclusiones.** Dada la alta prevalencia de Spn19A y Spn6C, y considerando que Spn3 presenta los peores desenlaces, se apoya la importancia de la implementación de PCV13. Se observa descenso de Spn3 desde 2020 y de Spn19A en 2023. Financiación: ACIN capitulo central, grants independientes Pfizer:No.WI235048,57700237,76564173,76181615

O-053

Resultados del neurodesarrollo en niños preescolares y escolares del Atlántico con exposición prenatal al virus zika.

Mulkey S, Andringa-Seed R, Corn E, Williams M, Peyton C, Arroayve-Wessel M, Podolsky R, Msall M, Berl M, Cure C. Children's National Hospital, Northwestern University, University of Chicago, Biomelab. Washington. sbmulkey@childrensnational.org

Introducción. Niños con exposición prenatal al virus Zika (ZIKV) pueden estar en riesgo de retrasos en el desarrollo, aun sin tener el síndrome congénito por el ZIKV. Pretendemos comparar el desarrollo multidominio de niños con exposición prenatal al ZIKV sin microcefalia y controles sin exposición. **Materiales y métodos.** Nuestro estudio de cohorte prospectivo incluye niños expuestos al ZIKV (Casos, n=48) y dos grupos control (n=118) del Atlántico. Control-1 (n=63) nacieron antes y Control-2 (n=55) después de la epidemia del ZIKV. Control-1 experimentó un retraso en el ingreso escolar relacionado con COVID-19; inscribimos Control-2 que comenzaron la escuela a tiempo. Entre el 11 de octubre de 2021 y 23 de noviembre de 2023- los participantes a los 5-6 años usando Behavior Rating Inventory of Executive Function (BRIEF), Movement Assessment Battery for Children (MABC), y Wechsler Preschool and Primary Scale of Intelligence (WPPSI). Para el análisis de resultados, se utilizaron modelos estándares de regresión y modelos de probabilidades proporcionales para comparar resultados; ajustamos valores p con False Discovery Rate. **Resultados.** Casos fueron evaluados a (media±DE) 5,9±0,2 años; Control-1 a 5,9±0,3 años; Control-1 a 5,2±0,2 años. Las puntuaciones del BRIEF de Control-1 resultaron más elevadas que las de Control-2 y Casos **Conclusiones.** Niños con exposición prenatal al ZIKV presentan diferencias en el funcionamiento cognitivo en edad escolar. Experiencias diferenciales durante COVID-19 pueden afectar los resultados de investigación pediátrica.

O-054

Impacto del serotipo 3 en la enfermedad neumocócica invasiva pediátrica en Colombia (2017-2022). ¿Qué ha pasado después de la pandemia de COVID-19?

Camacho-Moreno G, Moreno-Mejía V, Leal-Castro A, Patiño-Niño J, Vásquez P, Gutiérrez-Tobar I, Londoño J, Beltrán S, Álvarez-Olmos M, Mariño C, Espinosa F, Rojas J, Arango-Ferreira C, Trujillo M, Díaz-Díaz A, Suarez M, López-Medina E, López P, Coronell W, Chaucanez Y, Mendoza L, Romero A, Toro J, Sosa L, Guerrero-González M, Arias A, Ramos N, Mejía L, Barrero R, Restrepo-Cedeño A, Montañez A, Perdomo P. Universidad Nacional de Colombia, HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia, Hospital San Rafael de Facatativá, Red Neumocolombia, Fundación Valle De Lili, Clínica Santa María Del Lago, Clínica Infantil Colsubsidio, Clínica Pediátrica - Clínica Universitaria Colsanitas, Clínica Universitaria Colombia, Fundación Cardioinfantil - Instituto de Cardiología, Hospital Militar Central, Hospital Infantil Universitario de San José, Fundación Clínica Infantil Club Noel, Universidad del Valle, Universidad Libre Seccional Cali, Hospital Universitario San Vicente Fundación, Hospital Pablo Tobón Uribe, Hospital General de Medellín, Unidad de Servicio de Salud Tunal, Hospital Universitario San Ignacio, Centro Médico Imbanaco, Hospital Universitario del Valle, Hospital Infantil Napoleón Franco Parejo, Hospital Los Ángeles de Pasto, Grupo Clínica Médicos Valledupar, Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo, Clínica Medilaser, Clínica San Luis De Bucaramanga, Hospital Universitario Erasmo Meozo, Clínica Medical Duarte, Los Cobos Medical Center, Unidad de Servicios de Salud Santa Clara, Hospital Universitario Clínica San Rafael. Bogotá.
neumocolombia@gmail.com

Introducción. Los serotipos de la enfermedad neumocócica invasiva (ENI) han cambiado tras la introducción de las vacunas conjugadas. En la cohorte 2008-2016 se observó un incremento de Spn3. Este reporte describe el comportamiento actual de Spn3 en la cohorte 2017-2022. **Materiales y métodos.** Análisis descriptivo secundario de Red Neumocolombia, que recoge prospectivamente pacientes pediátricos con ENI admitidos en 30 hospitales de Colombia desde enero 2017 hasta diciembre 2022. Se describe la prevalencia del serotipo y su distribución por edades, años y patologías, además de estancia, ingreso a UCIP y letalidad mediante estadística descriptiva. **Resultados.** De 639 casos de ENI, 329(51,4%) fueron serotipificados y 20(6,1%) eran Spn3, el tercero en frecuencia. El 65%(13) eran menores de 24 meses y el 95%(19) presentaron neumonía, 79%(15) con derrame pleural y 6(31%) necrosantes. Solo 1 caso fue meningitis. La frecuencia fue similar en 2017, 2018, 2019 y 2021 (8%), sin casos en 2020 y 2022. En 18 antibiogramas, 100% fueron sensibles a penicilina y 83% a macrólidos y clindamicina. La mediana de hospitalización fue mayor comparado con toda la cohorte(19 días [RIQ 8-40] vs. 13 días [RIQ 7-21]), así como los ingresos a UCIP (80% vs. 53%), pero con igual letalidad(10% vs. 11%). **Conclusiones.** Aunque la prevalencia de Spn3 es menor en comparación con el periodo 2008-2016 (10,1%), la caracterización actual muestra una mayor incidencia de neumonías, incluyendo casos más complicados, con mayor ingreso a UCIP y mayor estancia hospitalaria, pero con una letalidad similar. Financiación: ACIN capitulo central, grants independientes Pfizer No.WI235048,57700237,76564173

O-055

Disminución en la abundancia de *Bifidobacterium spp.* posterior al uso de antibióticos en niños menores de 3 años en una institución de salud de Bogotá.

Peña-Cárdenas P, Abril-Riaño D, Ramos-Rodríguez N, Mora-Blanco J, Márquez-Ortiz R, Escobar-Pérez J. Universidad El Bosque, Los Cobos. Bogotá.
escobarjavier@unbosque.edu.co

Introducción. En Colombia, las investigaciones sobre microbioma intestinal pediátrico son escasas y los cambios producidos por el uso de antibióticos se desconocen. Por esto, el objetivo de este estudio fue establecer los cambios en el microbioma intestinal de niños menores de 3 años con infecciones bacterianas que requirieron el uso de antibióticos. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio analítico, no aleatorizado, de tipo antes y después de 32 pacientes pediátricos (6 a 35 meses) que requirieron tratamiento antibiótico. Se excluyeron infecciones gastrointestinales. Se recolectaron tres muestras de material

fecal a diferentes tiempos: antes del inicio del tratamiento, al finalizar el tratamiento (7 días) y 30 días después. La diversidad del microbioma fue establecida por secuenciación de los genes 16S-ITS-23S-ARNr usando PacBio. Las lecturas HiFi se analizaron usando SB analyzer-Athena para clasificación de cepas y QIIME2-DADA2 (SILVA-RDP-GTDB) para especie, análisis estadísticos con R y STAM **Resultados.** Los filos Bacillota (firmicutes), Bacteroidota, Pseudomonadota y Actinomycetota fueron los más abundantes al inicio (33,0%, 42,6%, 10,9% y 12,5%, respectivamente). Los dos primeros aumentaron después del consumo de los antibióticos, pero el Actinomycetota fue el que mayor descenso presentó. Para destacar, el uso de antibióticos produjo una considerable disminución de *Bifidobacterium spp.* principalmente *Bifidobacterium pseudocatenulatum* (p=0,0018), una bacteria poco estudiada en Colombia, y que al mes no alcanzó una completa recuperación. **Conclusiones.** La reducción observada de especies benéficas comensales por los antibióticos evidencia la perturbación del microbioma intestinal y la necesidad de evaluar la posible inclusión de probióticos durante o después del tratamiento antibiótico en población pediátrica. Universidad el Bosque PCI-2019-10232

O-056

Infección fúngica invasora de brecha en niños que reciben voriconazol profiláctico.

De La Espriella A, Agretho A, Trujillo M, Díaz A, Restrepo A. Universidad CES, Hospital Serena del Mar, Hospital Pablo Tobón Uribe. Medellín.
avrestrepo@hptu.org.co

Introducción. La Infección Fúngica Invasora (IFI) es una patología con alta morbimortalidad en pacientes hemato-oncológicos. La profilaxis con antifúngicos puede prevenir algunas de éstas; sin embargo, se presentan infecciones de brecha, mientras reciben la profilaxis. Este estudio se realizó con el objetivo de caracterizar pacientes pediátricos con IFI de brecha en una institución de alta complejidad. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo entre 2015 y 2020. Se incluyeron pacientes menores de 15 años con diagnóstico de enfermedad hemato-oncológica. Se revisaron datos de profilaxis antifúngica, diagnóstico de IFI, características clínicas y desenlaces. **Resultados.** De 176 pacientes hemato-oncológicos 24 (13,6%) recibieron profilaxis con voriconazol. La edad promedio fue de 7,7 años y el 75% fueron de sexo masculino. Seis pacientes (25%) presentaron IFI de brecha: 4 aspergilosis (3 posibles, una probable) y 2 fusariosis probadas. Todos los pacientes con IFI presentaron fiebre, acompañada de síntomas gastrointestinales (4/6), respiratorios (3/6), cutáneos (3/6) y osteomusculares en los casos de fusariosis. Entre los pacientes con (n=6) y sin IFI (n=18), no hubo diferencias en edad, sexo, enfermedad de base, inmunosupresión, tratamiento con trasplante. La neutropenia profunda fue más común en los pacientes con IFI (4/6; 66%) que en los pacientes sin infección (4/18; 22%)sin significancia estadística. El tratamiento se realizó con voriconazol y anfotericina B, caspofungina (rescate). Tres pacientes fallecieron. La IFI de brecha es común en niños con neoplasias hematológicas a pesar de la profilaxis, es importante sospecharla en pacientes febriles con neutropenia profunda.

OTROS TÓPICOS

O-057

Expresión diferencial de citoquinas pro- y anti-inflamatorias en monocapas y esferoides (organoides) de fibroblastos y macrófagos humanos infectados con *Histoplasma capsulatum*.

Rodríguez-Echeverri C, De Matos Silva S, De Lima-Gualque M, Rodríguez M, Dezutti J, Soares Mendes-Giannini M, Fusco-Almeida A, González Á. Universidad de Antioquia, UNESP. Medellín.
carolina.rodrigueze@udea.edu.co

Introducción. Actualmente los modelos de cultivo celular tridimensionales (3D) *in vitro* ofrecen la posibilidad de estudiar la patogénesis de las infecciones microbianas. El objetivo de este estudio fue implementar un modelo de esferoides humano utilizando fibroblastos y macrófagos para evaluar la respuesta inmune contra *Histoplasma capsulatum*. **Materiales y métodos.** El modelo esferoide se estableció utilizando las líneas celulares MRC-5 (fibroblastos) y THP-1 (macrófagos) cultivadas en placas de 96 pozos recubiertas con agarosa al 1,5%. Estas células se evaluaron como mono, co-cultivo, monocapa o esferoides inculados con levaduras de *H. capsulatum* (MOI:5). Posteriormente, se

evaluó la expresión de genes que codifican para las citoquinas IL-1 β , TNF α , TGF β 1 e IL-10 mediante qPCR. **Resultados.** Los esferoides no infectados de MRC-5 mostraron un aumento significativo en la expresión de todas las citoquinas evaluadas en comparación con las monocapas infectadas o no infectadas; los esferoides infectados con Histoplasma mostraron una expresión más alta significativa de IL-1 β y TNF α , mientras que TGF β 1 e IL-10 disminuyeron; por el contrario, tanto las monocapas infectadas como los esferoides de células THP-1 mostraron una disminución significativa en la expresión de todas las citoquinas en comparación con las monocapas no infectadas. En esferoides compuestos por células MRC-5 y THP-1, se observó un patrón similar a las MCR-5 para todas las citoquinas analizadas. **Conclusiones.** Histoplasma induce una expresión diferencial de citoquinas en esferoides versus monocapas, lo que sugiere la necesidad de implementar métodos de cultivo celular más confiables como los esferoides, organoides y tejidos funcionales en 3D para estudiar diferentes aspectos de la patogénesis de las infecciones microbianas.

O-058

Seroreactividad y prevalencia de marcadores infecciosos en donantes voluntarios y repetitivos de un banco de sangre del departamento del Atlántico, Colombia. 2017-2023.

Salcedo-Mendoza S, Suárez-Posada D, Argote H, Ávila-De La Hoz R, Bula-Viecco J, Ricaurte-Barrera L, Maestre-Serrano R. Universidad Simón Bolívar, Banco Nacional de Sangre. Barranquilla.
ronald.maestre@unisimon.edu.co

Introducción. Las transfusiones sanguíneas salvan vidas. A pesar de los controles previos como el diligenciamiento de encuestas y la realización de pruebas inmunoserológicas, existe riesgo de transmisión de agentes infecciosos. Se determinó la seroreactividad y prevalencia de marcadores infecciosos en donantes voluntarios y repetitivos de un banco de sangre del departamento del Atlántico durante los años 2017 a 2023. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo, de corte transversal, que incluyó a donantes de sangre, que cumplieran con los lineamientos técnicos vigentes para selección de donantes de sangre en Colombia del Instituto Nacional de Salud. Se estudiaron variables sociodemográficas y variables relacionadas con la seroprevalencia de infecciones transmisibles por vía transfusional (unidades de sangre reactivas) y positividad a marcadores serológicos. Para el análisis de la información se utilizó estadística descriptiva. Todos los análisis se realizaron en el software SPSS versión 23. **Resultados.** Durante el periodo de estudio se recibieron 297.547 donantes, de los cuales, 190.929 (64,2%) eran de sexo masculino y 106.618 (35,8%) mujeres. 183.891 (61,8%) donantes se encontraban entre los 20 y 39 años y 275.398 (92,6%) residían en el distrito de Barranquilla. El 46% de los donantes eran casados, 30,5% divorciados y 20,9% solteros. La tasa de reactividad global por cada 1000 donantes fue de 37,6 (HBSAG: 1,1, HIV: 2,2, Core: 13,9, Chagas:0,6, HTLV: 1,9, sífilis: 19,0, HCV:2,2) y la seroprevalencia global fue de 2,20 por cada 1000 donaciones (HIV:0,86, Core:0,71, Chagas: 0,18, HTLV: 0,38, HCV: 0,07). **Conclusiones.** Se encontró una importante tasa de reactividad y prevalencia de marcadores infecciosos con predominio de sífilis, VIH y hepatitis B.

O-059

Uso de antibióticos y cáncer colorrectal de aparición temprana: metaanálisis de estudios de casos y controles.

Echavarría Ríos A, Jaramillo-Marín A, Cardona-Arias J, Higuera-Gutiérrez L. Universidad de Antioquia. Medellín.
andrea.jaramillo6@udea.edu.co

Introducción. El cáncer colorrectal (CCR) en menores de 50 años ha aumentado drásticamente en los últimos años. La etiología del CCR en este grupo etario aún no está clara, pero se han descrito una amplia variedad de factores de riesgo. Entre ellos, el uso de antibióticos. El objetivo de este estudio es meta analizar el riesgo de CCR en adultos jóvenes expuestos a ciclos de antibióticos. **Materiales y métodos.** Metaanálisis de estudios de casos y controles. Se realizó la búsqueda en 3 bases de datos desde 2010 hasta 2024, se siguió la guía PRISMA y las recomendaciones del instituto Joanna Briggs. Se realizó metaanálisis de efectos aleatorios para las razones de odds (OR), con análisis de Galbraith, Funelt Plot y Forest plot. **Resultados.** Se identificaron 13.164 casos de CCR, 77.592 controles y tres clases de antibióticos (macrólidos, penicilinas, tetraciclinas y cloranfenicol). La OR para macrólidos fue 1,09 (IC 0,97-1,23), la OR para penicilinas fue 1,06 (IC 0,97-1,23) y la OR para tetraciclinas y cloranfenicol fue 1,12 (IC 1,03-1,22). El uso de tetraciclinas y/o cloran-

fenicol incrementan la odds de CCR en 12%. La calidad metodológica de los estudios incluidos es buena, sin embargo, no cumplen todos los criterios de causalidad de Bradford Hill. **Conclusiones.** Las tetraciclinas y el cloranfenicol incrementan el riesgo de cáncer colorrectal en adultos jóvenes; sin embargo, el nivel de certeza es bajo debido a la baja magnitud del efecto y a la ausencia de datos que permitan valorar la dosis respuesta.

O-060

Bacterioma de quirópteros en zonas agrícolas del departamento de Córdoba, Colombia.

Garay-Montalvo E, Hoyos R, Echeverri D, Martínez C, Alemán M, Pérez A, Arrieta G, Mattar S. Universidad de Córdoba. Cereté.
evygaray@gmail.com

Introducción. La identificación del bacterioma en quirópteros es importante en la vigilancia y prevención de las enfermedades zoonóticas **Materiales y métodos.** Entre los meses de octubre y noviembre 2023, se capturaron quirópteros, en los municipios de Tierralta y Cereté en Córdoba, Colombia. Los individuos colectados se identificaron taxonómicamente y las muestras rectales obtenidas se preservaron en N2 líquido. El ARN se extrajo del hisopado rectal y se secuenciaron con el equipo MGI 50. El análisis bioinformático se realizó mediante los softwares DIAMOND y MEGAN, la identificación de contigs bacterianos se realizó con la base de datos de NCBI para ARN bacteriano (Eubacteria) **Resultados.** Se capturaron 24 quirópteros, las especies encontradas en los dos sitios fueron: *Artibius literatus*, *Artibius jamaicensis*, *Phyllostomus discolor*, *Carollia perspicillata*, *Uroderma convexum*, y en menor abundancia *Glossophaga soricina*, el género *Lophostoma* y *Myotis*. La secuenciación identificó 78 bacterias con una mayor prevalencia de microorganismos enteropatógenos, *Salmonella* entérica y *Escherichia coli*. Con menor frecuencia se identificaron *Helicobacter*, *Streptococcus intermedius*, *Klebsiella aerogenes*, *Pasteurella multocida*, *Haemophilus influenzae*, y *Clostridium perfringens*; 23 bacterias no tuvieron clasificación taxonómica **Conclusiones.** Los quirópteros son capaces de mantener en su microbiota bacterias que pueden estar relacionadas con patologías humanas y animales. Por eso es crucial la detección de patógenos en la vida silvestre y su posible transmisión a humanos y animales domésticos Financiación: MINCIENCIAS– Proyecto 601 de 2022, código 91722.

O-061

Agentes potencialmente patógenos aislados de la paloma doméstica (*Columba livia*) en dos municipios de Cundinamarca, Colombia.

Acero-Plazas V, Algarra-Ramírez I, Hernández-Pulido D, Lora-Suárez F, Palacios-García Y, López-Álvarez D, Arenas-Suárez N, Gómez-Ariza L, López-Maldonado J. Asociación Nacional de Médicos Veterinarios de Colombia AMEVEC, ACIN, Fundación Universitaria Agraria de Colombia UNIAGRARIA, PROTOZLAB – GICBE, Facultad de Medicina - Universidad de Cartagena, Alcaldía De Sopó, Alcaldía Municipal De Pacho. Bogotá.
sepulvic@hotmail.com

Introducción. Las palomas son consideradas fauna sinantrópica e invasora las cuales tienen un impacto significativo en salud pública. **Materiales y métodos.** Se recolectaron 10 especímenes de dos municipios de Cundinamarca. Para el aislamiento de microorganismos (solución salina) se realizó siembra directa por estría de agotamiento en agar sangre e incubación durante 48 horas. Al obtener cultivos puros se realizaron nuevas siembras en agar nutritivo, agar sangre y agar PDA para levaduras. Se realizó tinción de Gram y pruebas bioquímicas, luego se implementó el kit API 20E para bacterias Gram negativas. El código obtenido se identificó con el Software APIWEB. Para levaduras se implementó el kit API 20 C AUX, la prueba del tubo germinal y CHROMagar™ Candida. Para la identificación de parásitos de las muestras en formol-salino se procedió con el método de Ritchie y tinción con lugol parasitológico. Finalmente se realizó una tinción Kinyoun. Se contó con aval del comité de bioética y de investigación de la Fundación Universitaria Agraria de Colombia (Uniagraria). **Resultados.** Se identificaron los siguientes agentes: *E. coli* en el 40% de las muestras, *Moraxella spp.* (30%), *Klebsiella spp.* (30%), *Bacillus spp.*, *Aeromonas spp.*, *Pseudomonas spp.* y *Enterococcus spp.*, *Candida glabrata*, entre otros. **Conclusiones.** Las palomas pueden ser reservorios de diversos agentes que pueden diseminarse a través de las heces, lo cual, puede constituirse en un factor de riesgo. Este hallazgo debe motivar a la implementación de estrategias de prevención y control en entornos donde se interrelacionan el hombre, los animales y el medio ambiente bajo el enfoque de “Una Sola Salud”.

O-062**Prevalencia molecular del virus de la leucemia felina en tres ciudades colombianas.**

Mejía-Villada A, Arenas-González M, Ríos-Usuga C, Rendón-Ramos L, Jaramillo-Delgado I, Cardona-Arias J. Universidad de Antioquia, TestMol S.A.S. – Centro de Diagnóstico Especializado. Medellín. jaiberth.cardona@udea.edu.co

Introducción. En Colombia la investigación sobre el Virus de la Leucemia Felina (ViLeF) es incipiente. A pesar de ser uno de los virus de mayor importancia clínica y epidemiológica en gatos domésticos, presentando una distribución mundial, pero con prevalencias muy variables. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de la prevalencia molecular para ViLeF mediante qPCR donde se analizaron 1.708 gatos procedentes de Medellín, Bogotá y Barranquilla entre 2022 y 2023. La información fue recolectada por médicos veterinarios. Se estimó la prevalencia general del virus y prevalencias específicas según edad, sexo y razón, con sus intervalos de confianza del 95%. Las comparaciones bivariadas se realizaron con Chi-cuadrado y razones de odds. Se controlaron variables de confusión con regresión logística. Los análisis se realizaron en SPSS 29.0. **Resultados.** La prevalencia general del ViLeF fue 11,8% (IC95%= 10,3%-13,4%), siendo del 12,3% en Medellín; 9,2% en Bogotá y 18,6% en Barranquilla. Se hallaron diferencias estadísticamente significativas en las prevalencias específicas según la raza y la edad, en razas únicas fue 3,4%, en mezcladas 13,2%; en cachorros 8,3%, en adultos jóvenes 17,3% y en los mayores 8,0%. **Conclusiones.** Se encontró una prevalencia elevada del virus ViLeF y se identificaron los subgrupos con mayor ocurrencia de la infección, esto es determinante para priorizar grupos en la atención clínica, en los programas de vigilancia epidemiológica y en el diseño de investigaciones etiológicas posteriores.

O-063**Prevalencia molecular del virus de la inmunodeficiencia felina en tres ciudades colombianas.**

Arenas-González M, Mejía-Villada A, Ríos-Usuga C, Rendón-Ramos L, Jaramillo-Delgado I, Cardona-Arias J. Universidad de Antioquia, TestMol S.A.S. – Centro de Diagnóstico Especializado. Medellín. jaiberth.cardona@udea.edu.co

Introducción. El virus de la inmunodeficiencia felina (VIF) es muy importante debido a su distribución mundial; sin embargo, en Colombia los estudios son pocos y centrados en la medición de la exposición o la seroprevalencia. Por lo anterior, el objetivo de este estudio fue determinar la prevalencia molecular de VIF y los factores asociados en gatos domésticos en centros veterinarios de las principales ciudades del país. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de la prevalencia molecular en 1.646 gatos procedentes de Medellín, Bogotá y Barranquilla entre 2022 y 2023. La información clínica fue captada en consultas con médicos veterinarios. Se estimó la prevalencia general del virus y prevalencias específicas según edad, sexo y razón, con sus intervalos de confianza del 95%. Las comparaciones bivariadas se realizaron con Chi-cuadrado y con control de variables de confusión con regresión logística. Los análisis se realizaron en SPSS 29.0. **Resultados.** La prevalencia molecular de VIF fue de 4,7% (IC95%=3,6%-5,7%). Con base en la ciudad de estudio fue 4,2% en Medellín, 5,6% en Bogotá y 9,1% Barranquilla. Los factores asociados fueron la raza, el sexo y la edad con mayor odds ratio para la infección en razas mezcladas (OR=2,6; IC95%=1,1-6,6), machos (OR=2,5, IC95%=1,5-4,1) y ancianos (OR=2,6; IC95%=1,1-6,5). **Conclusiones.** Se encontró una prevalencia molecular relativamente elevada de VIF y se identificaron los subgrupos con mayor ocurrencia de la infección, lo que permite priorizar grupos en la atención clínica, en los programas de vigilancia epidemiológica y en el diseño de investigaciones etiológicas posteriores.

O-064**Análisis del transcriptoma de roedores de Córdoba revela bacterias y parásitos importantes para la salud pública.**

Galeano-Anaya K, López Y, Mattar-Velilla S. Universidad de Córdoba. Montería. kettygaleano@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. Los roedores son huéspedes y reservorios importantes de patógenos zoonóticos con impacto en la salud pública. Entre los agentes etiológicos transmitidos por roedores se encuentran, entre otros, bacterias

y protozoos como *Leptospira interrogans*, *Borrelia burgdorferi*, *Rickettsia sp*, *Bartonella sp*; *Entamoeba coli*, *E. muris*, *Tripanosoma cruzi*, *T. lewisi* y nematodos *Calodium hepaticum*. **Objetivo.** Analizar el transcriptoma de roedores del departamento de Córdoba. **Materiales y métodos.** Entre octubre-2022 y junio-2023, se capturaron 45 roedores de áreas rurales en Córdoba, los especímenes se transportaron en N2 líquido y fueron almacenados a -80°C. Se realizaron "pools" de 5 individuos por género de roedor. Se realizó la secuenciación con el equipo MGI DNBSEQ-G50, para los análisis bioinformáticos se usaron los softwares Galaxy y la asignación taxonómica con la herramienta Diamonds. Los contigs encontrados se compararon con genomas virales del NCBI con BlastN. **Resultados.** El 26,6% (12/45) de los roedores correspondió *Olygoryzomys sp.* el 26,6% (12/45) a *Rattus rattus*, el 13,3% (6/45) a *Proechimys sp*; el 13,3% (6/45) a *Mus musculo*, el 11,1% (5/45) a *Necromys sp* y el 8,8% (4/45) a *Zygodontomys sp.* El metatranscriptoma de los "pool" de roedores, reveló los microorganismos *Erllichia minensis*, *Rickettsia sp.*, *Chlamydia abortus*, *C. trachomatis*, *Vibrio parahaemolyticus*, y *Aspergillus fumigatus*. Se hallaron parásitos como *Brugia timori*, *B. malayi*, *Wuchereria bancrofti*, *Trichinella britovi*, *T. nelsoni*, *T. patagoniensis*, *T. pseudospiralis* entre otras. **Conclusiones.** El estudio encontró microorganismos de relevancia en la salud pública. Los hallazgos demuestran que el control de roedores es clave para evitar la transmisión de enfermedades zoonóticas.

O-065**Cuantificación de títulos de anticuerpos neutralizantes contra SARS-CoV-2 y sus variantes utilizando partículas lentivirales pseudotipadas.**

Cáceres-Munar B, Corredor-Rozo Z, Morantes S, Delgado-Tiria F, Romero M, Castellanos-Parra J, Parra-Avila M. Universidad El Bosque. Bogotá. bcaceres@unbosque.edu.co

Introducción. El seguimiento de los títulos de anticuerpos neutralizantes (TNeu 50) contra SARS-CoV-2, en población vacunada resulta relevante para establecer el grado de protección frente a nuevas variantes del virus. En este sentido, el presente estudio pretende cuantificar los TNeu 50 de individuos vacunados utilizando partículas lentivirales pseudotipadas (PLPs) de SARS-CoV-2 y algunas variantes de interés. **Materiales y métodos.** En un estudio transversal (enero-agosto de 2023), se colectaron sueros (n=43) de individuos que recibieron esquemas completos y/o refuerzos de vacunación contra SARS-CoV-2. Posteriormente, se construyeron PLPs de SARS-CoV-2 y sus variantes utilizando plásmidos que fueron transfectados en células HEK-293 en suspensión. La titulación de las PLPs y la cuantificación de los TNeu 50 se realizó utilizando un sistema de ensayo de luciferasa. Finalmente, las medianas de los TNeu 50 en cada grupo se compararon utilizando el software GraphPad Prism v 10.0. **Resultados.** Los TNeu 50 contra la cepa original de SARS-CoV-2 (CO-SARS-CoV-2) de los individuos vacunados, fueron mayores respecto a los TNeu 50 contra las variantes Gamma (p=0,0462) y Delta (p=0,0001). Por otro lado, los TNeu 50 contra Delta en este mismo grupo de individuos, estaban por debajo del umbral de protección (413,2). Interesantemente, los individuos que recibieron un refuerzo de vacuna basada en ARNm tenían TNeu 50 contra CO-SARS-CoV-2 más altos que aquellos que recibieron un refuerzo con la vacuna basada en virus inactivado. **Conclusiones.** En conclusión, podría ser necesario evaluar el estado de protección de la población frente a las variantes de SARS-CoV-2 que circulan actualmente, como una medida de vigilancia en salud pública. Financiado ATENEA-058-2022

VIROLOGÍA CLÍNICA**O-066****Prevalence, characteristics and temporal trends of respiratory syncytial virus infections: a five-year analysis at Cali, Colombia.**

Rosso F, Vinuesa D, Moreno N, Rebellón D. Fundación Valle Del Lili, Universidad ICESI. Cali. natym_angel@hotmail.com

Introduction. Respiratory syncytial virus (RSV) significantly impacts various age groups, particularly notable in neonates, infants, and the elderly. This study assesses RSV's prevalence, clinical features and clinical outcomes in these populations, focusing on the changes pre- and post-COVID-19 pandemic. **Materials and methods.** This retrospective cohort study was conducted at Fundación Valle del Lili, Cali, Colombia, from 2018 to 2023. It included patients

of all age groups diagnosed with RSV confirmed by PCR, with an analysis of sociodemographic data, comorbidities and clinical outcomes. **Results.** Out of 6,265 respiratory tests, 520 (8,3%) tested positive for RSV, distributed across age groups: 20,97% neonates and infants, 24,76% schoolchildren, 27,71% adults, and 26,56% elderly. Nutritional disorders were the most common comorbidity (16,39%), significantly influencing outcomes and increasing mortality risk sixfold. In neonates, mortality dropped from 9,3% pre-COVID-19 to 1,23% post-COVID-19 ($p = 0,01$). Additionally, this group and older adults experienced higher frequencies of bacterial co-infection, and greater use of antibiotics (30,6%) and steroids (26,4%). In the elderly, after the pandemic there were worse clinical outcomes (higher ICU admission (9,52% to 18%), mechanical ventilation (28,57% to 37,5%) and mortality (4,76% to 8%)). Overall, mortality was 2,88%, with age being a significant risk factor. **Conclusions.** The Covid 19 pandemic produced a change in the behavior of RSV in our population. Patients at extreme ages and with comorbidities had worse clinical outcomes and it is on them where prevention measures should be focused.

O-067

Determinación de agentes virales en pacientes que presentan síndrome febril agudo con sospecha por Dengue de la frontera nororiental colombiano-venezolana.

Carrillo-Hernández M, Muñoz-Díaz C, Ramírez-Gonzales J, Páez L, Ciudoderis K, Moreno-López I, Jaimés L, Corredor R, Ruiz-Sáenz J, Martínez-Gutiérrez M. Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA - Universidad Cooperativa de Colombia, Grupo de Investigaciones Microbiológicas de la Universidad Del Rosario - Universidad Del Rosario, Instituto de Salud Global One-health Colombia - Universidad Nacional de Colombia, Laboratorio Clínico - ESE Hospital Jorge Cristo Sahium, Laboratorio Clínico - Centro de Imagenología y Laboratorio Clínico CEIMLAB, Universidad de Antioquia. Medellín.

marlen.carrillo@udea.edu.co

Introducción. Dentro de los agentes infecciosos capaces de causar el síndrome febril agudo indiferenciado (SFAI) se encuentran los virus. Se determinó la presencia de agentes virales en pacientes con SFAI con sospecha por dengue en la frontera nororiental Colombo-Venezolana. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo mediante un muestreo por conveniencia en 2015-2016, 2018-2020, recolectando 363 muestras de sueros de pacientes con SFAI con sospecha por dengue. A las muestras se les extrajo ARN, se les hizo detección molecular para los géneros Flavivirus y Alphavirus, y a las muestras que resultaron positivas se les realizó detección molecular para las especies de arbovirus circulantes en la región. A las muestras negativas se les efectuaron pre-tratamientos y se secuenciaron mediante Oxford nanopore technologies (ONT) e Illumina. Luego a los datos obtenidos se les realizó asignación taxonómica mediante Centrifuge V1.0.4 y se analizaron con el sistema Genome Detective. **Resultados.** Se logró hallar en el 45,1% de los sueros la presencia de los arbovirus DENV, CHIKV y/o ZIKV, también co-infecciones en el 12,1%. Por ONT e Illumina, se encontró que la familia viral de mayor abundancia fue la Salasmaviridae, seguido Flaviviridae, Poxviridae, Alloherpesviridae, Partitiviridae, Calciviridae y Herpesviridae. Los géneros virales más abundantes fueron Claudivirus, seguido Hepacivirus, Vesivirus, Betapartivirus y Citomegalovirus. Se logró ensamblar e identificar Influenza A virus, Vaccinia virus, Hepatovirus A y Coronavirus. **Conclusiones.** Estos datos demuestran que, adicional a los arbovirus conocidos, algunos agentes virales diferentes pueden estar involucrados como causales del SFAI, pero se necesitan más estudios que permitan comprender la importancia de estos agentes en el SFAI

O-068

Establecimiento de un modelo de infección de DENV-2 *in vitro*, mediado por el mecanismo de potenciación dependiente de anticuerpos.

López-Dubon J, Loaiza-Cano V, Cardona-Ospina J, Ruiz-Sáenz J, Martínez-Gutiérrez M. Universidad Cooperativa de Colombia, Institución Universitaria Visión de las Américas, Universidad de Antioquia. Medellín.

jorge.lopezd@udea.edu.co

Introducción. Se sabe que la severidad de la enfermedad producida por el Virus Dengue (DENV-2) depende, entre otros factores, del serotipo y del mecanismo de Potenciación Dependiente de Anticuerpo (PDA). Teniendo en cuenta que el linaje monocito/macrófago es uno de los blancos primarios del

DENV, el objetivo fue caracterizar la infección de los cuatro serotipos en una línea celular de monocitos adherentes (U937) para establecer un modelo de PDA. **Materiales y métodos.** Las células fueron infectadas con los serotipos DENV-1 a DENV-4 a una MOI de 1 y a las 24, 48, 72 y 96 horas post-infección (hpi) se recolectaron sobrenadantes para cuantificar partículas virales infecciosas (PVI). Adicionalmente se evaluó la viabilidad celular. Por otro lado, cultivos celulares fueron infectados con DENV-2 previamente mezclado con anticuerpos anti-DENV-1, anti-DENV-3 y anti-DENV-4. **Resultados.** Los resultados demuestran una viabilidad celular superior al 80% con los cuatro serotipos DENV luego de 96 hpi. Se observó una mayor producción de (PVI) a las 96 hpi, para los serotipos DENV-1, DENV-2 y DENV-4 con excepción de DENV-3 (72 hpi). Por otro lado, se demostró que, en los cultivos infectados con las mezclas virus-Acs, la presencia de anticuerpos anti-DENV-1, anti-DENV-3 y anti-DENV-4; potenciaron la infección en 6,9, 7,7 y 86,8 veces, respectivamente. **Conclusiones.** Estos resultados indican que la infección de las células U937 (fenotipo adherente) es dependiente de cada serotipo; y que adicionalmente permiten ser usadas como un modelo para estudiar la PDA. Financiación: UCC-INV 2974. MINCIENCIAS-419-2020

O-069

Detección de virus respiratorios en cavidad oral de pacientes con infecciones respiratorias agudas (IRA) en el HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia.

Ospina-Barragán A, Vega-Díaz L, Reina M, Bohórquez-Ávila S, Camacho-Moreno G, Riascos-Orjuela L, Castellanos J, Calvo-Tapiero E. Universidad Nacional de Colombia. HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia, Universidad El Bosque. Mosquera.

aospinaba@unal.edu.co

Introducción. Las infecciones respiratorias agudas (IRA) son una causa importante de morbimortalidad en Colombia; la toma de muestras, en la población pediátrica, puede facilitarse si se obtienen de cavidad oral, acelerando la identificación del(os) agente(s) implicado(s). El objetivo fue detectar virus sincitial respiratorio (VSR), adenovirus (AdV) y virus de Influenza A, mediante RT-qPCR múltiple, en muestras tomadas de cavidad oral de pacientes con IRA en el HOMI y comparar estos resultados con los obtenidos a partir de aspirado nasofaríngeo. **Materiales y métodos.** Es un estudio observacional descriptivo realizado entre febrero y junio de 2024. Se obtuvieron muestras de aspirado nasofaríngeo o muestras de saliva estimulada/ hisopado de mucosa oral. Se utilizó una RT-qPCR múltiple desarrollada en el Instituto de Virología de la Universidad El Bosque. Se analizaron para establecer la concordancia entre los tipos de muestra por medio del coeficiente Kappa y la prueba de Chi cuadrado. **Resultados.** Se incluyeron 20 pacientes, con edades comprendidas entre 1 y 14 años. El comportamiento de la concordancia entre los dos tipos de muestras fue el siguiente: 0,875 para detección de Influenza A, 0,608 para VSR y 0 para adenovirus. La detección fue significativamente mejor en las muestras de cavidad oral para Influenza A ($p < 0,001$), sin diferencias para la detección entre tipos de muestras para VSR ($p > 0,05$) y AdV ($p = 0,9$). **Conclusiones.** Los resultados preliminares muestran que la detección de virus respiratorios en cavidad oral y aspirado nasofaríngeo son comparables, excepto para adenovirus, permitiendo la posibilidad de utilizar saliva como medio diagnóstico. Financiación: Vicerrectoría de investigación Universidad El Bosque (PCI 2023-0035).

O-070

Función pulmonar pre y post infección por el virus SARS-CoV-2 en pacientes ambulatorios y hospitalizados con COVID-19 de la cohorte PURE-Colombia.

Lozada-Ramos H, García L, Martínez-Vega R, Pérez-Mayorga M, López-Jaramillo J, Sarmiento-Dávila J, Hoyos J, Díaz-Páez V. Universidad Santiago de Cali, Universidad de Santander, Universidad Militar Nueva Granada. Cali.

heiler@outlook.com

Introducción. La COVID-19, y otras infecciones virales, han evidenciado un compromiso importante en las pruebas de función pulmonar. No obstante, hay pocos estudios que cotejen dicho impacto antes y después de la infección por SARS-CoV-2. El presente estudio busca comparar la función pulmonar en individuos antes y después de la infección tanto en pacientes ambulatorios como hospitalizados. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio longitudinal con pacientes de la Cohorte PURE-Colombia que hubiesen tenido COVID-19 sintomático, con manejo ambulatorio u hospitalario (sala general, cui-

dado intensivo o cuidado intermedio), entre 1 de marzo de 2020 y 30 de junio del 2023. Para ingresar al estudio los pacientes deberían tener edad ≥ 18 años, diagnóstico de COVID-19 con RT-PCR y tener espirometría previa y posterior al diagnóstico de COVID-19. Se realizó un análisis descriptivo de las variables de interés y diferencia entre medias por medio de una prueba de t de Student. **Resultados.** Se incluyeron 89 pacientes con diagnóstico de COVID-19 y manejo ambulatorio y 15 pacientes que requirieron manejo hospitalario. No hubo diferencia en edad, sexo, régimen de seguridad social o índice de masa corporal. Los individuos hospitalizados tuvieron mayor prevalencia de diabetes, EPOC e HTA. La capacidad vital forzada y el Volumen espiratorio forzado en el primer segundo fue significativamente menor en el control ambulatorio de pacientes que estuvieron hospitalizados ($p < 0,05$). **Conclusiones.** La función pulmonar puede alterarse de manera significativa en individuos que han sido hospitalizados con COVID-19.

O-071

Entendiendo el rol de *A. albopictus* como vector de arbovirus en Colombia.

Mantilla-Granados J, Montilla-López K, Velandia-Romero M, Calvo-Tapiero E, Morales C, De Las Salas-Ali J, Buitrago L, Quintero L, Rúa G, Castellanos-Parra J. Universidad El Bosque, Secretaría de Salud del Cauca, Secretaría de Salud del Vichada, Secretaría de Salud del Meta, Secretaría Municipal de Salud de Armenia, Universidad de Antioquia. Bogotá.
jmantillag@unbosque.edu.co

Introducción. El mosquito *Aedes albopictus* es una especie asiática reportada por primera vez en 1998 en Amazonas, expandiéndose a 20 de los 32 departamentos del país. Sin embargo, aún se sabe muy poco de su papel como vector de arbovirus en Colombia. Por esta razón estudiamos la genética de poblaciones de esta especie en cinco departamentos del país, además de su infección natural por arbovirus y por el endosimbionte Wolbachia. **Materiales y métodos.** Se colectaron larvas, pupas y, en algunos casos, ejemplares adultos de distintos municipios de los departamentos de Antioquia, Cauca, Vichada, Meta y Quindío. Este material se procesó para la caracterización genética de poblaciones a través del gen mitocondrial COI y de microsatélites. Por otro lado, se realizó la detección molecular de Wolbachia y de DENV, ZIKV y CHIKV. **Resultados.** Se encontró la influencia de poblaciones asiáticas, europeas y estadounidenses, así como haplotipos únicos. La infección por la bacteria Wolbachia varió entre el 30 al 93%. Se detectó infección natural en hembras por CHIKV del 26% y por DENV del 11%, estos dos virus también se encontraron en glándulas salivales, así como la detección de CHIKV(18%), DENV(17,9%) y ZIKV(3,1%) en larvas y pupas. **Conclusiones.** Los resultados sugieren múltiples introducciones de esta especie al país, la circulación de virus en estos mosquitos, en especial la detección en glándulas salivales y transmisión vertical, indican su potencial papel como vector de arbovirus, aunque esta puede estar variando asociado a la presencia de Wolbachia y genética poblacional, haciendo más complejas las dinámicas de transmisión en el país

O-072

Caracterización y desenlaces del Síndrome post COVID-19 en una población colombiana.

Álvarez-Moreno C, Reveiz L, Aristizabal C, Quevedo J, Mesa-Rubio M, Arévalo-Mora L, Porras-Villamil J, Padilla M, Rylance J, Firdavs K, De La Hoz I, Arregoces L, Castañeda X, Loaiza S, Correa-Mazuera C, Pinto-Aldana S, Cortés J, Sánchez C, Navarro L, Sánchez J, Martínez V, Linares P, Santana S, Benavides J, Valderrama S, Martínez S, Nocua-Báez L, Chaillon A. Clínica Universitaria Colombia, Clínica Colsanitas, Universidad Nacional de Colombia, PAHO – Washington – Colombia, UNISANITAS, Centros Médicos Keralty, World Health Organization, OPS – Colombia, Hospital Mederi, Hospital Militar Central, Hospital Universitario Nacional, Sanitas - Covid/mis-c, Hospital Engativá, Hospital Universitario San Ignacio. Bogotá.
larevalom79@hotmail.com

Introducción. El Síndrome post-COVID-19 ocurre en un 10-20% y lleva al deterioro en la calidad de vida con persistencia de síntomas. El objetivo de éste estudio fue describir características y desenlaces de una cohorte de pacientes colombianos con síndrome post-COVID-19. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva multicéntrica en 4 instituciones de Colombia entre 2020 y 2023, de adultos con la definición de la OMS para Síndrome post-COVID-19. La fuente de información de datos demográficos, clínicos y desenlaces fue los

registros médicos electrónicos, que fueron consignados en un formato de la OMS. Se realizó un análisis estadístico descriptivo. **Resultados.** Se inscribieron 1.025 pacientes, 55% (566/1.025) fueron mujeres. Un 42,6% (435/1.025). Tenía 46 a 65 años. La mediana de IMC fue 27,6 kg/m². La COVID-19 fue leve en 43,5% (446/1.025) y severa en 28,6% (293/1.025). 41% (420/1.025) ingresó a UCI. 39,5% (405/1.025) estaban vacunados previo a la enfermedad. 1.025 pacientes acudieron a una primera visita después de la COVID-19 en promedio a los 8,7 meses. 944 pacientes fueron a una segunda visita en promedio a los 12,1 meses. El 60,7% (622/1025) en la primera visita y 62,2% (587/944) en la segunda visita informaron sentirse peor que antes en alguna habilidad. De 707 pacientes se obtuvieron datos sobre sintomatología; el 81,2% informó al menos un síntoma persistente, el más frecuente fue fatiga en 64,1% de los casos. **Conclusiones.** En esta cohorte de pacientes colombianos con síndrome post-COVID-19 se encontró un frecuente empeoramiento de la autopercepción de alguna habilidad con sintomatología persistente.

MICOLOGÍA

O-073

Desarrollo de un esferoide pulmonar humano para el análisis de la expresión génica del biofilm de *Cryptococcus neoformans*.

Gualque M, Vaso C, Santos K, Echeverri C, González A, Moroz A, Mendes-Giannini M, Fusco-Almeida A. Núcleo De Proteômica E Micología Clínica; Departamento De Análises Clínicas; Faculdade De Ciências F, Grupo de investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA)- Escuela de Microbiología - Universidad de Antioquia. Araraquara.
willgualque@gmail.com

Introducción. La Organización Mundial de la Salud ha informado sobre la importancia de implementar acciones prioritarias para el control de la infección por *Cryptococcus neoformans*. Lo que sitúa a esta especie, dentro del grupo crítico de hongos con relevancia para la salud pública a nivel mundial. El objetivo de este estudio fue evaluar la interacción hongo-hospedero a través del uso de un modelo de cultivo de tejido pulmonar tridimensional (esferoide 3D) infectado con *C. neoformans* en su forma planctónica y de biofilm. **Materiales y métodos.** Se desarrolló un modelo de esferoide 3D en placas de 96 pozos recubiertos con agarosa al 1,5%. Se co-cultivaron las líneas celulares humanas A549 (epiteliales) y MRC 5 (fibroblastos), posteriormente, se evaluó la expresión de genes que codifican para, Hsp70, antígeno capsular, enolasa y superóxido dismutasa de cobre-zinc (Cu Zn), comparando células fúngicas planctónicas y de biofilm. **Resultados.** Después de 48 horas post-infección, la expresión de genes para CuZn, Hsp70, enolasa y antígeno capsular, aumentó significativamente en los esferoides infectados con biofilm en comparación con aquellos infectados con la forma planctónica. **Conclusiones.** El modelo de co-cultivo pulmonar 3D puede simular infecciones por biofilm de *C. neoformans*. Además, este biofilm activa mecanismos de respuesta más agudos y específicos a la infección, lo que podría contribuir a una mayor resistencia y persistencia del hongo en entornos hostiles. Este estudio fue financiado en parte por la Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 y por la subvención 2021/14839-9 de la Fundación de Investigación de São Paulo (FAPESP)

O-074

Criptococosis en Colombia: factores de riesgo, datos de la vigilancia 2017-2023.

Escandón P, Lizarazo J, Agudelo C, Duarte C, Castañeda E. Instituto Nacional de Salud, Hospital Erasmo Meoz de Cúcuta. Bogotá.
pescandon@ins.gov.co

Introducción. La criptococosis se vigila en Colombia desde 1997 debido a la alta morbi-mortalidad propiciada por la pandemia VIH/sida. El objetivo de este análisis fue determinar los factores de riesgo para la criptococosis en Colombia en los últimos siete años. **Materiales y métodos.** Se analizaron las encuestas recibidas durante el período mencionado. **Resultados.** Se recibieron 735 encuestas de 29 departamentos, 479 (65,1%) pacientes tenían de 26 a 59 años, con relación hombre:mujer de 3:1. El diagnóstico fue realizado por aislamiento del hongo en 730 muestras, 486 LCR y 265 hemocultivos, se confirmaron 656 aislamientos del complejo *Cryptococcus neoformans* y 34 del complejo *C. gattii*. El principal factor de riesgo fue el VIH en 470 (63,9%) pacientes,

en 87 de ellos se registró otra comorbilidad: 39 infecciones oportunistas (19 TBC, 3 COVID), 11 diabetes, 8 cáncer, 6 falla renal, 6 cirrosis y 17 otra condición clínica. En 199 (27,1%) pacientes VIH negativo y 66 (9%) sin dato los factores de riesgo consignados fueron: 37 cáncer, 35 enfermedad autoinmune, 23 diabetes, 22 trasplante, 17 falla renal, 6 cirrosis, 6 COVID, 4TBC, 17 otra condición clínica y 98 sin dato. **Conclusiones.** En este análisis se destaca que los factores de riesgo para la criptococosis en los pacientes colombianos están cambiando: hay una disminución de la infección por el VIH y un aumento de otras patologías con tratamientos inmunosupresores; por tanto, se requiere un alto nivel de sospecha clínica para que el diagnóstico oportuno sea realizado en los pacientes VIH negativos.

O-075

Impacto clínico del uso de láser CO2 fraccionado ginecológico en vulvovaginitis candidiásica recurrente.

Plata-Puyana J, Vélez-Rizo D, González-Isaza P. Fundación Santa Fe de Bogotá, Fundación Cardioinfantil LaCardio. Bogotá. drplatapuyana@gmail.com

Introducción. La vulvovaginitis candidiásica(VVC) recurrente es una de las causas más frecuentes de consulta en ginecología. A pesar de los tratamientos actuales, la recurrencia se ha visto reportada hasta en un 50% de los casos. Nuevas estrategias se han buscado para disminuir las recaídas y al mismo tiempo proveer una mejora de síntomas, el láser de CO2 fraccionado ginecológico se plantea como una opción segura. **Materiales y métodos.** Se tomaron 68 pacientes entre los años 2021 a 2024 quienes consultaron por VVC recurrente. 52 fueron sometidas a láser de CO2 fraccionado y los 16 restantes a tratamiento convencional basado en cremas, tabletas y óvulos. Se evaluó la respuesta a cada tratamiento, la mejoría de síntomas, los cambios al examen ginecológico y se realizó seguimiento entre 1 a 3 años para evaluar la recaída en VVC. **Resultados.** De las pacientes con tratamiento convencional, el 50% presentó mejoría de síntomas y el 60% presentó recaída durante el primer año de seguimiento. Las pacientes sometidas a terapia láser, el 100% refirieron mejoría de las cuales el 78,8% refirieron mejoría con la primera sesión, 19% con la segunda y 2% restante con la tercera. La recaída se presentó en el 18,87% de los casos, la causa más frecuente fue no finalizar las sesiones. Se realizó un análisis bivariado presenta un OR de 0,1550(CI 0,0448 – 0,5364) y un RR de 0,3145(CI 0,1570– 0,6298) con una $p=0,0018$ para prevención de recurrencia **Conclusiones.** La terapia láser CO2 se considera una opción segura en pacientes con recurrencia a pesar de tratamiento convencional

O-076

Susceptibilidad a antifúngicos y fungicidas de aislamientos clínicos, animales y ambientales de *Fusarium* y *Neocosmopora* de Colombia bajo el enfoque de una sola salud (One Health).

Saenz V, Lizcano-Salas A, Le Pape P, Celis-Ramírez A. Universidad De Los Andes, Université De Nantes. Bogotá. valerisaenz@gmail.com

Introducción. *Fusarium* y *Neocosmopora* son patógenos de humanos, animales y plantas. Se ha estudiado la resistencia de las cepas clínicas y ambientales a los agentes antifúngicos y fungicidas, pero se tiene poco conocimiento sobre los perfiles de susceptibilidad de las cepas de fusariosis del huevo de tortuga marina (STEF). Este estudio tiene como objetivo investigar la susceptibilidad a antifúngicos y fungicidas de aislados clínicos, animales y ambientales recolectados durante un proyecto de Una sola Salud (One Health) implementado en Colombia en 2021 a 2023. **Materiales y métodos.** Los antifúngicos (anfotericina B, voriconazol, itraconazol y posaconazol) y los fungicidas (propiconazol, imazalil, tebuconazol y difenoconazol) fueron evaluados *in vitro* contra un total de 40 aislamientos de *Neocosmopora* y 12 de *Fusarium* obtenidos de aislamientos de humanos, animales (cáscaras de huevos de tortugas marinas) y ambientes (suelo, arena, agua). Mediante pruebas de microdilución en caldo protocolo M38-A3.28 del Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) se determinó la Concentración Inhibitoria Mínima (CIM) y se compararon contra los valores de corte epidemiológico (ECV) definidos por Espinel-Ingroff y colaboradores (2016). **Resultados.** Los aislamientos clínicos animales y ambientales mostraron ser susceptibles a anfotericina B (CIM 2-8 ug/ml) y voriconazol (2-4 ug/ml) teniendo en cuenta los ECVs previamente definidos. Imazalil tuvo rango de 2 a 32 ug/ml. Sin embargo, todos los aislados analizados demostraron CMI altas (> 32 ug/ml) contra itraconazol, posaconazol, propiconazol, tebuconazol y difenoconazol. **Conclusiones.** Los aislamientos clínicos, ambientales y de tortugas marinas de *Fusarium* y *Neocosmopora* exhibieron CIM altas contra antifúngicos de uso clínico, así como contra los fungicidas agrícolas.

MICOBACTERIAS

O-077

Tuberculosis en las comunidades Embera Dobida del Chocó. Conocimientos y prácticas ancestrales.

Hernández-Sarmiento J, Cardona M, Montoya S, Torres E, Vargas C, Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín. jose_mauricio_h@hotmail.com

Introducción. La tuberculosis (TB) continúa siendo un problema global especialmente, en comunidades vulnerables como los pueblos indígenas. En Colombia la incidencia estimada es de 27 casos por cada 100.000 habitantes; sin embargo, en las comunidades indígenas del Chocó, esta incidencia es mucho mayor, llegando a 192 casos por cada 100.000 habitantes. El propósito del presente trabajo es el de entender las prácticas culturales del Pueblo Embera Dobida en relación con la transmisión, diagnóstico y tratamiento de la TB. **Materiales y métodos.** Estudio cualitativo, de enfoque etnográfico, en el cual se visitan comunidades indígenas para dialogar con personas que tienen o tuvieron diagnóstico de TB, y con sabedores ancestrales que manejan la enfermedad al interior de las comunidades. **Resultados.** Para los Embera Dobida la TB conocida como “Osso Jai”, tiene origen espiritual. Consideran que la enfermedad es causada por espíritus malignos que ingresan al cuerpo y destruyen los pulmones y ocasionan la muerte. Estos espíritus afectan al individuo que transgrede normas colectivas o es víctima de “cosa hecha”; o un maleficio enviado por un enemigo. No creen que la TB pueda transmitirse entre personas. El tratamiento tradicional para la TB está a cargo del Jaibaná quien realiza rituales para expulsar los espíritus malignos. **Conclusiones.** Este estudio revela que en las comunidades Embera Dobida del Chocó, la TB es vista como una enfermedad de origen espiritual y su abordaje es a través de prácticas culturales. Es imperativo desarrollar programas educativos sobre la enfermedad en estas comunidades.

O-078

Desarrollo e implementación de un modelo de Machine Learning para el diagnóstico de lepra.

Vargas-Clavijo M, Ospina-Gómez J, Cardona-Castro N, Serrano-Coll H. Instituto Colombiano de Medicina Tropical - Universidad CES, Universidad de Antioquia, Sabaneta. hserrano@ces.edu.co

Introducción. La lepra es una enfermedad desatendida y un desafío diagnóstico para el personal de salud. El desarrollo de nuevas tecnologías como los modelos de Machine Learning podría ofrecer una alternativa al desafío de diagnosticar esta enfermedad. Estos modelos, que utilizan inteligencia artificial, podrían proporcionar una alternativa precisa y objetiva para la detección temprana de la lepra. El objetivo de este estudio fue desarrollar e implementar un modelo de Machine Learning para el diagnóstico histopatológico de la lepra. **Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio observacional, transversal, en 640 imágenes histopatológicas, que incluían 322 imágenes de lepra y 318 imágenes de piel sana. Estas imágenes se obtuvieron de secciones de piel teñidas con Hematoxilina-eosina del banco de muestras del ICMT-Universidad CES. El modelo de evaluación se basó en la metodología CRISP-DM para el análisis de datos. **Resultados.** A partir de estas imágenes histopatológicas, se implementaron varios modelos, desde regresiones logísticas hasta redes neuronales. Las redes neuronales lograron una precisión del 70,31%, los árboles de decisión 64,06%, las máquinas de vectores de soporte 61,71%, la regresión logística 64,84% y el bosque aleatorio 66,40%. Finalmente, se decidió implementar el modelo de redes neuronales debido a la complejidad de los patrones, logrando una precisión del 70,31%, una especificidad del 70,90% y una sensibilidad del 69,86%. **Conclusiones.** Este modelo basado en imágenes histopatológicas demostró una precisión del 70,31% destacando su capacidad para proporcionar diagnósticos precisos y efectivos.

O-079

Caracterización epidemiológica, clínica y diagnóstica de los pacientes con tuberculosis meningea en dos centros de referencia de Medellín-Antioquia en el periodo 2015-2021.

Franco-Galvis Y, Flórez-Cárdenas M, Contreras-Ortiz J, Atehortúa-Muñoz S, Peñata-Bedoya C, Arango-Ferreira C. Universidad de Antioquia. Medellín. yenifer.francog@udea.edu.co

Introducción. El compromiso meníngeo por tuberculosis se presenta hasta en el 5% de los casos. El objetivo de este estudio fue describir las características epidemiológicas, clínicas y diagnósticas en pacientes con tuberculosis meningea de dos centros de referencia. **Materiales y métodos.** Estudio transversal retrospectivo, la muestra fue por conveniencia a partir de la revisión de historias clínicas de los pacientes con diagnóstico de meningitis tuberculosa atendidos en el Hospital San Vicente Fundación y el Hospital Pablo Tobón Uribe. Instituciones referentes y de cuarto nivel de complejidad de la ciudad de Medellín - Colombia. El periodo comprendido para este estudio fue entre enero de 2015 y diciembre de 2021. **Resultados.** Total de 104 pacientes, 72% mayores de 18 años, 33,6% con infección por VIH y 47 % con tuberculosis diseminada. Los síntomas más frecuentes fueron fiebre (80,7%), astenia (67,3%), cefalea (66,3%) y encefalopatía (58,6%). Los hallazgos imagenológicos más frecuentes fueron hidrocefalia y el realce meníngeo. En el líquido cefalorraquídeo los hallazgos más frecuentes fueron aumento de las proteínas (63,3%) y disminución de la glucosa (66,7%). La positividad global fue del 32,9% para los estudios moleculares, 43,4% para el cultivo y 11,5 % para la baciloscopia. **Conclusiones.** La tuberculosis meníngeo representa un reto debido a la ausencia de una prueba diagnóstica ideal. La identificación del posible nexo de contacto y la realización de ayudas diagnósticas, incluyendo estudios de líquido cefalorraquídeo tanto químicos como microbiológicos, y las neuroimágenes son complementarios para el diagnóstico, aumentando la posibilidad de un tratamiento oportuno.

O-080

Tuberculosis en población pediátrica en un hospital de referencia: cambios en diagnóstico y tratamiento en cohorte 2017-2022.

González-Avellaneda L, Camacho-Moreno G, Vásquez Hoyos P. Universidad Nacional de Colombia, HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia. Bogotá.
linmgonzalezave@unal.edu.co

Introducción. La tuberculosis es un reto diagnóstico en pediatría. Este estudio busca describir la cohorte de casos diagnósticos entre 2017-2022 en pacientes pediátricos hospitalizados en la Fundación Hospital Pediátrico de la Misericordia (HOMI). **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional descriptivo retrospectivo. La población del estudio incluyó pacientes pediátricos diagnosticados con tuberculosis en HOMI entre el 1 de enero de 2017 y el 31 de diciembre de 2022. Los datos se recolectaron de historias clínicas. Se evaluaron variables demográficas, clínicas, diagnósticas y de tratamiento. Las pruebas diagnósticas incluyen baciloscopias y pruebas moleculares para *M. tuberculosis* en lavado broncoalveolar y líquido cefalorraquídeo (LCR). El análisis estadístico incluyó medidas de tendencia central y dispersión. El presente es un reporte preliminar de los datos recopilados a la fecha. El estudio no recibió financiación y los investigadores no declaran conflictos de interés. Fue aprobado por el comité de ética HOMI. **Resultados.** Se analizaron 75 casos, de los cuales el 55% fueron tuberculosis pulmonares. La comorbilidad oncológica fue la más frecuente (28%). Las baciloscopias fueron positivas sólo en el 7% y las pruebas moleculares en el 62% de los casos. La mortalidad fue del 15%. **Conclusiones.** Los datos, a la fecha, evidencian avances significativos en el diagnóstico molecular de tuberculosis pediátrica y, por ende, en sus formas extrapulmonares, inclusive en el contexto de pacientes oncológicos. Estos hallazgos subrayan la importancia de actualizar y aplicar métodos diagnósticos avanzados para un manejo clínico más efectivo.

MEDICINA TROPICAL Y PARASITOLOGÍA

O-081

Determinación de las regiones de unión de la proteína de alto peso molecular 3 de roprtrias de *Plasmodium vivax* (PvRhopH3) a reticulocitos humanos.

Gutiérrez-Ortegón D, Barreto-Santamaría A, Arévalo-Pinzón G, Patarroyo M. Universidad Nacional de Colombia, Fundación Instituto de Inmunología de Colombia FIDIC, Grupo GIIMHP, Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá.
degutierrez@unal.edu.co

Introducción. RhopH3 es una proteína expresada en las roprtrias de parásitos Apicomplexa, como *Plasmodium vivax*, que participa en funciones esenciales dentro del ciclo de vida. Por lo anterior el objetivo del presente trabajo

fue identificar las regiones de PvRhopH3 que interactúan con reticulocitos humanos en busca de puntos calientes de intervención. **Materiales y métodos.** Se hicieron análisis de diversidad genética, neutralidad y selección natural sobre la secuencia de rhoph3. A partir de estos análisis se diseñaron cebadores para amplificar, clonar y expresar en dos sistemas heterólogos (*E. coli* y células HEK293FT) tres regiones de la proteína PvRhopH3. Reticulocitos humanos fueron purificados mediante separación magnética para ser incubados con las proteínas recombinantes y la unión fue medida mediante citometría de flujo y ensayos de rosetas. Finalmente se determinó la naturaleza del receptor para la proteína mediante el uso de eritrocitos tratados con enzimas. **Resultados.** Los análisis mostraron una baja diversidad genética en el gen pvrhop3 identificando tres regiones bajo selección negativa. Cada región (PvRhopH3-R1, -R2 o -R3) fue obtenida en dos sistemas de expresión de forma exitosa y los estudios de interacción proteína-reticulocito revelaron que el constructo con la mayor capacidad de unión correspondió a la región PvRhopH3-R2 y que su unión fue sensible al tratamiento enzimático de los eritrocitos humanos. **Conclusiones.** Este trabajo permitió la delimitación de una región de la proteína PvRhopH3 que interactúa con reticulocitos humanos y sugiere su inclusión en estudios bioquímicos e inmunológicos que resalten su participación como antígeno vacunal.

O-082

Evaluación del efecto de moléculas derivadas del núcleo pirazol, pirazolina y tiazolidinonas frente al crecimiento de *Toxoplasma gondii* en un modelo *in vitro*.

Zamora-Vélez A, Fernández-Quintero M, Vanegas-Suárez D, Ramos G, Arenas-Soto A, Cardona-Pérez N, Gómez-Marín J. Universidad del Quindío. Armenia.
alejandrozamora9210@hotmail.com

Introducción. El tratamiento para la toxoplasmosis se basa actualmente en un esquema de pirimetamina/sulfadiazina. Sin embargo, este tratamiento genera graves efectos adversos provocando la necesidad de reducir las dosis o discontinuar la terapia. Además, recientes estudios indicaron que compuestos derivados del núcleo tiazolidinona y compuestos pirazolínicos poseen alta actividad frente a *Toxoplasma gondii*. Por lo tanto, el objetivo del presente estudio es evaluar el efecto anti-*Toxoplasma gondii* de moléculas derivadas de pirazolina, pirazol y tiazolidinona en un modelo *in vitro*. **Materiales y métodos.** 4 moléculas derivadas de pirazolona, 4 de pirazol y 8 de tiazolidinona sintetizadas por el grupo GICOC de la Universidad del Quindío fueron utilizadas para experimentos *in vitro*, como ensayo de citotoxicidad mediante la técnica azul de alamar en células Vero. Y ensayos de crecimiento de *Toxoplasma gondii* cepa RH GFP en células Vero. Se tomó registro fotográfico a 10X en microscopio de fluorescencia para luego ser analizado con el software ImageJ. Se calcularon valores de concentración inhibitoria media (IC50) y concentración citotóxica media (CC50) mediante regresión no lineal con el software GraphPad Prism 8. **Resultados.** Las moléculas derivadas de núcleo pirazolina, pirazol y tiazolidinona indicaron valores CC50 en un rango entre 123,3 y 5498 µM y valores IC50 entre 1,68 y 134 µM. Entre estas moléculas tres derivados de pirazolina y seis derivados de tiazolidinona tuvieron valores de IC50 menores a 10 µM. **Conclusiones.** Se concluye entonces que tres moléculas derivadas de núcleo pirazolina y seis moléculas derivadas de núcleo tiazolidinona podrían tener potencial efecto anti-T. gondii.

O-083

Caracterización de la red de diagnóstico de toxoplasmosis en Colombia 2022-2023.

Cortés-Cortés L, Segura-Alba M, Romero-Barbosa Y, Ayala-Sotelo M. Instituto Nacional de Salud. Bogotá.
jcortes@ins.gov.co

Introducción. La toxoplasmosis es una zoonosis de interés en salud pública por su variedad de presentaciones clínicas como toxoplasmosis congénita, ocular, cerebral y afecciones en pacientes inmunocomprometidos. El diagnóstico oportuno es fundamental para un adecuado manejo y tratamiento, por lo que es necesario conocer la red de diagnóstico en Colombia, las técnicas empleadas, los marcadores inmunológicos detectados y la implementación y desarrollo del sistema de gestión de la calidad mediante la participación en ensayos de Aptitud (PEA) tanto de prestadores públicos como privados. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo de revisión de la información remitida por los Laboratorios de Salud Pública (LSP), sobre la caracterización de la red

de diagnóstico de su jurisdicción, durante los años 2022-2023, en cumplimiento de la Resolución 1646 de 2018. **Resultados.** Remitieron información 17/33 LSP, la red de diagnóstico de estos departamentos se encuentra distribuida en 77 municipios y 251 prestadores, de los cuales 69 son públicos y 182 son privados, se realizan las pruebas de Inmunoensayo cromatográfico de flujo lateral, ELISA, Electroquimioluminiscencia, PDR, IFI, ELFA, Aglutinación, quimioluminiscencia, PCR; 15/17 realiza IgG e IgM; 4/17 IgA e IgE y 3/17 avidéz. Durante 2022-2023 se realizaron 641.226 pruebas. El 64% de los prestadores participan en PEA con una concordancia promedio de 99%. **Conclusiones.** Se observa gran variedad de pruebas de diagnóstico ofertadas y baja participación en control de calidad, por esto necesario fortalecer los indicadores que permiten monitorear la calidad del diagnóstico en el país y mejorar la remisión de información para caracterizar el 100% del territorio nacional.

O-084

Evaluación *ex vivo* de péptidos de *Toxoplasma gondii* restringidos a haplotipos HLA-I en células mononucleares de sangre periférica de individuos con toxoplasmosis crónica-asintomática en Colombia.

Vargas-Montes M, Valencia-Jaramillo M, Valencia-Hernández J, Cardona-Pérez N, Arenas-Soto A, Gómez-Marín J. Universidad del Quindío. Armenia.
mvargasm@uqvirtual.edu.co

Introducción. La identificación de péptidos inmunogénicos de *Toxoplasma gondii* afines a alelos HLA-I frecuentes en la población es una estrategia promisoría para el desarrollo de vacunas contra la toxoplasmosis. El objetivo fue evaluar *ex vivo* péptidos de *T. gondii* afines a tres HLA-I en PBMC de individuos con toxoplasmosis crónica-asintomática. **Materiales y métodos.** Se desarrolló un estudio experimental *ex-vivo*. Se realizó la tipificación del HLA-I por PCR-convencional en 50 individuos seronegativos y seropositivos para *T. gondii*. Se evaluó la respuesta de IFN-gamma estimulada por 24 péptidos (10 restringidos al HLA-A*02, 6 para HLA-A*24 y 8 para HLA-B*35) en PBMC positivos para los HLA-I, mediante ELISpot. Los péptidos con mayor inducción de IFN-g se evaluaron mediante citometría de flujo para identificar la activación de la respuesta citotóxica. Se realizó Kruskal-Wallis. **Resultados.** De los 50 individuos, se seleccionó una submuestra de 26 positivos para los HLA-I, en los cuales se evaluó la respuesta de IFN-g estimulada por los péptidos. Se encontró un péptido restringido al HLA-A*02 (P1:FLFAWITYV) que estimuló un número significativo de células productoras de IFN-g ($p=0,004$). Para el HLA-A*24, se encontró un péptido (P8:VFVFAFFLI) que indujo una respuesta significativa ($p=0,004$), y para el alelo HLA-B*35 el péptido P6 (YPIAPSFAM) se diferenció del control ($p=0,05$). Estos 3 péptidos estimularon un porcentaje significativo de células T-CD8+ de memoria central positivas para el marcador de degranulación CD107a ($p<0,05$). **Conclusiones.** Se identificaron tres péptidos de *T. gondii* que estimularon una respuesta significativa de IFN-g y la activación de un mecanismo citotóxico mediado por CD107a en linfocitos T-CD8+ de memoria central.

O-085

Evaluación del efecto de la fracción derivada de *Tabebuia rosea* sobre el estadio de bradizoito de *Toxoplasma gondii* en un modelo celular *in vitro*.

Palacio-Rodríguez J, Veloza L, Sepúlveda-Arias J, Gómez-Marín J. Universidad del Quindío, Universidad Tecnológica de Pereira. Armenia.
japalacior@uqvirtual.edu.co

Introducción. En la actualidad no existe ningún tratamiento aprobado que pueda erradicar los bradizoitos de *Toxoplasma gondii*, los cuales se alojan en quistes tisulares y son los responsables de la infección crónica. Los productos naturales se presentan como una alternativa para el desarrollo de nuevos compuestos al poseer un amplio espectro de acción incluida actividad anti-protzoaria. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto de la fracción de cloroformo preparado a partir de hojas de *Tabebuia rosea* (Tr-H-CHCl₃) sobre la reducción de quistes tisulares (bradizoitos) de *T. gondii* en un modelo celular *in vitro*. **Materiales y métodos.** Se realizó una diferenciación mediada por pH alcalino de taquizoitos Pru a bradizoitos sobre fibroblastos de prepucio humano (HFF) y se evaluaron concentraciones de 1, 5 y 10 µg/mL de Tr-H-CHCl₃. Se utilizaron DMEM y JAG 21 (2µM) como controles negativo y positivo respectivamente y, se utilizó DMSO 1% como control de vehículo. Además para la visualización y conteo de los quistes se realizó inmunofluorescencia utilizando anticuerpo monoclonal contra BAG1. El efecto de la fracción se cuantificó me-

dante el recuento de quistes en los cultivos de control y tratados. **Resultados.** Se encontró que la fracción de Tr-H-CHCl₃ a 10µg/mL presentó una reducción de quistes del 70% con un * $p=0,03$ en comparación con el control negativo. **Conclusiones.** Este resultado demuestra la posible actividad biológica de la fracción de *T. rosea* sobre la reducción de los quistes tisulares de *T. gondii*. Este trabajo fue financiado por el Sistema General de Regalías, proyecto 1018.

O-086

Aproximación a los mecanismos de acción de péptidos antimicrobianos de la familia de las cruzioseptinas contra diferentes estadios de *Trypanosoma cruzi*.

Pardo-Rodríguez D, Osorio-Méndez J, Cala M, Toro L, Muñoz-Tabares L, Piedad-Recalde D. Universidad de los Andes, Corporación Universitaria Empresarial Alexander Von Humboldt. Bogotá.
d.pardorodriguez@uniandes.edu.co

Introducción. Los tratamientos actuales para la enfermedad de Chagas presentan varios desafíos. Por lo cual, es crucial desarrollar nuevas alternativas terapéuticas. En este contexto, los péptidos antimicrobianos (AMPs, por sus siglas en inglés) han emergido como una opción prometedora. Esta investigación tuvo como objetivo evaluar el potencial tripanocida y mecanismos de acción asociados a AMPs pertenecientes a la familia de las cruzioseptinas sobre *T. cruzi*. **Materiales y métodos.** El efecto tripanocida y selectivo de los cuatro péptidos sintéticos (CZS-1, CZS-5, CZS-7 y CZS-11) fue contrastado en diferentes aislados de *T. cruzi* (X-1081, MG, Ds y Y) y eritrocitos humanos. La aproximación a los mecanismos de acción del péptido más promisorio fue evaluado mediante ensayos de liberación de ADN, observaciones por microscopía electrónica y análisis metabolómico no dirigido. **Resultados.** Todos los AMPs evaluados fueron activos contra epimastigotes, destacándose CZS-5 como el más selectivo (índice de selectividad= 42,6). CZS-5 mantuvo su efectividad en epimastigotes de diversas cepas y también demostró actividad contra tripomastigotes metacíclicos (IC₅₀= 25,1 µM). En el estadio intracelular CZS-5 redujo el número de tripomastigotes liberados por las células, aunque no afectó la cantidad de amastigotes intracelulares. En ensayos de liberación de ADN y observaciones por microscopía electrónica de barrido indicaron que CZS-5 actúa afectando la membrana del parásito. Los análisis metabolómicos en epimastigotes expuestos a CZS-5 revelaron modificaciones metabólicas dependientes del tiempo de exposición en procesos esenciales para el parásito. **Conclusiones.** CZS-5 muestra una prometedora actividad antiparasitaria contra diversos estadios de *T. cruzi*, actuando mediante daño a la membrana y alteraciones metabólicas esenciales.

O-087

Garantía de la calidad en el diagnóstico de malaria Colombia 2022-2023.

Cortés-Cortés L, Segura-Alba M, Gaitán-León V, Ayala-Sotelo M. Instituto Nacional De Salud. Bogotá.
jcortes@ins.gov.co

Introducción. El diagnóstico oportuno y de calidad es imprescindible para continuar avanzando hacia la eliminación de la malaria en nuestro país. Esto se logra contando con una red de diagnóstico caracterizada y con programas de gestión de la calidad: Evaluación Directa e indirecta del Desempeño (PEED). **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo-transversal de información remitida por los Laboratorios de Salud Pública (LSP) para determinar estructura de red, muestras procesadas, actividades de gestión de calidad y criterios de calidad diagnóstica. **Resultados.** Información de 24/33 LSP: red de diagnóstico en 371 municipios: 1.926 realizan el diagnóstico incluyendo laboratorios clínicos, puestos de microscopía y puestos de pruebas rápidas (PDR), e realizaron 594 visitas de supervisión. Se contaron 1.082 personas capacitadas y 82 en readiestramientos. Se examinaron 243.548 gotas gruesas; positivas 61.618: 23.595 *P. falciparum*, 37.276 *P. vivax* y 747 mixtas. Se realizaron 60.659 PDR; positivas 15.573: 8.536 *P. falciparum*, 6.352 *P. vivax* y 557 mixtas. Nivel departamental: Evaluación Directa (PEED) (32/33): concordancia general 95%; especie 90%, estadios parasitarios 80% y recuento 94%; Evaluación indirecta (PEID) (21/33): Concordancia general 100% y de especie 89%, y nivel municipal: PEED (14/24): Concordancia: 92%; PEID: C(+):88% y C(-):92%. Índice Kappa general y de especie: 0,87 y concordancia de recuento 70%. **Conclusiones.** Se observa un aumento en la cobertura de diagnóstico con PDR lo que hace necesario implementar actividades de garantía de calidad para estas pruebas. Además, es importante fortalecer la educación continuada para mejorar algunos indicadores que permiten monitorear la calidad del diagnóstico de malaria en el país.

O-088

Implementación de un método para identificación quistes de *Toxoplasma gondii* por inmunofluorescencia en tejido cerebral de ratón BALB/C.

Villa-Bustamante J, Zamora-Vélez O, Salazar J, Gómez-Marín J. Universidad Del Quindío. Armenia. jjvillab@uqvirtual.edu.co

Introducción. El *Toxoplasma gondii* es un parásito intracelular obligado. Pertenece al phylum Apicomplexa y es capaz de formar estructuras quísticas en tejido muscular y nervioso que permanecen por el resto de la vida del hospedero. La permanencia de quistes en el tejido cerebral tiene consecuencias significativas para sus hospederos. Por lo tanto, es crucial contar con técnicas que optimicen su detección y observación. Dado que la variabilidad en el análisis por microscopía depende del observador y está influenciada tanto por su nivel de entrenamiento como por la calidad de las muestras. **Materiales y métodos.** Se propuso como objetivo implementar un método de inmunofluorescencia para la observación e identificación de quistes de *Toxoplasma gondii* de la cepa pru, purificados de tejido cerebral de modelo murino de la cepa BALB/c. **Resultados.** Se llevó a cabo la implementación de las técnicas de fijado e inmunofluorescencia utilizando placas de tejido recubiertas con gelatina para la detección de quistes de *Toxoplasma gondii* en tejido cerebral de ratones BALB/c inoculados con la cepa tipo II Prugniaud de *Toxoplasma gondii*, garantizando una fijación completa. Además, se estableció un método de inmunofluorescencia efectivo para la detección de quistes de *Toxoplasma gondii* extraídos y purificados del tejido cerebral de ratón. **Conclusiones.** Se generó un método estable para la fijación de muestras purificadas de tejido cerebral para su posterior análisis mediante inmunofluorescencia. De este modo se propone una herramienta robusta para la investigación y con potencial implementación en el diagnóstico clínico.

EPIDEMIOLOGÍA Y CONTROL DE INFECCIONES

O-089

Exploración genómica de aislamientos de *Streptococcus pneumoniae* 19A como parte de la vigilancia de meningitis y neumonía bacteriana en Bogotá.

Maldonado-Cortés L, Pacheco-Montealegre M. Secretaría Distrital de Salud de Bogotá. Bogotá. ljmaldonado@saludcapital.gov.co

Introducción. El aumento de *S. pneumoniae* (SPN) serotipo 19A invasivo en Bogotá en la era post-PCV10 es de impacto en Salud Pública debido a cambios emergentes en serotipos. El objetivo de esta investigación es conocer los factores moleculares de patogenicidad y virulencia de aislamientos SPN-19A enviados a la SLSP durante el 2017. **Materiales y métodos.** Se realizó el análisis genómico a 14 aislamientos SPN-19A, incluyendo genotipificación, identificación de genes de virulencia, elementos móviles y genes capsulares. Se utilizaron programas especializados como MIGA, RAST, MLST, VFanalyzer, Resfinder, PlasmidFinder, MobileElementFinder (MEF) y BLASTp. **Resultados.** El análisis MLST muestra que de los 14 SPN-19A, 8 (57%) son ST320, los ST 199, ST 1451 y ST 14030 tienen 1 ocurrencia y 3 fueron no determinados. Muchos de ellos muestran resistencia a eritromicina, penicilina y ceftriaxona, predominando la multidrogeresistencia. En 10 de los genomas, Plasmid Finder y MEF, detectaron el elemento móvil repUS43 (plásmido de *Enterococcus* spp) a la par con los genes de resistencia msr(D) y erm(B). Se detectaron 33 genes asociados a 8 factores de virulencia entre ellos de adherencia, sistema inmune y toxinas. En promedio se detectaron 12 genes capsulares (Cps y Wzx). **Conclusiones.** Los resultados de la exploración genómica del SPN-19A muestran predominancia del ST320 y la presencia del plásmido repUS43. Factores de virulencia, genes capsulares y de resistencia antibacteriana que están asociados a la hipervirulencia y patogenicidad de este serotipo. Es necesario realizar estudios genómicos posteriores de otros serotipos emergentes.

O-090

Comparación de tasas de infección del torrente sanguíneo (ITS) asociadas a catéter venoso central (ITS-CVC) y central de inserción periférica (ITS-PICC) en un hospital de IV nivel de atención.

Pallares-Gutiérrez C, Barrero A, Venté E. Grupo Quironsalud - Clínica Imbanaco, Universidad El Bosque. Cali. icako@hotmail.com

Introducción. Las infecciones del torrente sanguíneo (ITS) son frecuentes en hospitales. Aunque >60% se pueden prevenir con estrategias enfocadas hacia implementación de buenas prácticas en inserción y mantenimiento de los accesos vasculares, el tipo de acceso está relacionado con la variabilidad en la incidencia de estas infecciones. Este estudio buscó comparar las tasas de ITS asociadas a catéter venoso central (ITS-CVC) y central de inserción periférica (ITS-PICC) en un hospital de IV nivel. **Materiales y métodos.** Estudio observacional. Se realizó seguimiento mediante vigilancia activa prospectiva de casos de ITS definidos bajo criterios del Instituto Nacional de Salud de Colombia evaluando adherencia a buenas prácticas en la inserción, mantenimiento del acceso vascular y pertinencia del tipo de acceso usado. Se calcularon las tasas de ITS-CVC y ITS-PICC y se compararon usando estadística no paramétrica. No se incluyeron accesos vasculares de línea media. **Resultados.** Se realizó seguimiento durante 3 años. La tasa de ITS-CVC en promedio fue 2,67 casos x 1.000 días CVC y la de ITS-PICC 1,57 casos x 1.000 días PICC, siendo 42% menor la de ITS-PICC ($p < 0,05$). La adherencia a buenas prácticas en inserción y mantenimiento del acceso vascular, así como la pertinencia por tipo de dispositivos, fue similar entre CVC y PICC (98,3% versus 97,8%, $p = 0,78$). **Conclusiones.** Las tasas de ITS-PICC son significativamente menores que las de ITS-CVC. Es necesario implementar, en los hospitales, accesos vasculares centrales de inserción periférica (PICC) cuando sean pertinentes como estrategia para contribuir en la disminución de las ITS.

O-091

Una mirada a la incidencia de Infecciones Asociadas a la Atención en Salud (IAAS) en un hospital oncológico de IV nivel en Colombia.

Galeano S, Carvajal A, Omaña L, López M. Fundación CTIC. Bogotá. mjlopezun@hotmail.com

Introducción. Los pacientes oncológicos son considerados susceptibles para las infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS). Nuestro objetivo fue describir las IAAS en un hospital Oncológico. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal entre enero y diciembre de 2023 en un hospital oncológico en Bogotá. Se analizaron la edad, especialidad tratante, tipo de infección, agente etiológico, perfil de resistencia y desenlace. **Resultados.** Se presentaron 205 infecciones en 175 pacientes adultos con una edad mediana de 49,5 años; para una tasa global de infecciones de 5,5 por 1.000 días de estancia. La especialidad que presentó más IAAS fue Hematología con 34% (61 casos). La IAAS más frecuente fue la infección del torrente sanguíneo confirmada por laboratorio (ITS-CL) con 43 (21%) casos, seguida por la infección del torrente sanguíneo confirmada por laboratorio asociada a lesión de mucosas (ITS-CL-ALM) con 42 (20%) casos y la infección del torrente sanguíneo asociada a catéter (ITS-AC) con 24 (12%) casos. En los aislamientos predominaron los bacilos Gram negativos (BGN) con 133 (63%) casos; siendo el principal *Klebsiella pneumoniae* (35%); 74 (36%) de los BGN fueron multi-resistentes; los Gram positivos causaron el 24% (49 casos) de las infecciones, siendo el *Staphylococcus aureus* el principal con un 53% de estos casos. El 87% de los casos de IAAS fueron considerados no prevenibles y la mortalidad asociada fue del 6% **Conclusiones.** La tasa global de IAAS en población oncológica es alta, principalmente por *Klebsiella pneumoniae* y *Staphylococcus aureus*, sin embargo, predominan las ITS-CL e ITS-CL-ALM, siendo en su mayoría no prevenibles.

O-092

Impacto de los derechos LGBT+ en la notificación de casos y muertes de Mpox a nivel global: relaciones con el índice de derechos LGBT+ durante las epidemias 2022-2024.

Rodríguez-Morales A, Bonilla-Aldana D, Cardona-Ospina J. Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Universidad Continental - Perú. Pereira. ajrodriguezmmmd@gmail.com

Introducción. Las epidemias de Mpox durante 2022-2024 han sido ampliamente estudiadas, sin embargo, factores que influyen en la notificación de casos y muertes de Mpox han recibido poca atención. En particular, ningún estudio exploró todavía la relación entre derechos LGBT+ y la morbilidad y mortalidad por Mpox. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio ecológico en 106 países utilizando el índice de derechos LGBT+ (ID-LGBT). Este índice se obtuvo de Human Rights Watch. Los casos, tasas de incidencia y tasas de mortalidad del CDC y la OMS. Se evaluó la variación anual de las variables y se realizaron modelos de regresión no lineal (exponenciales) en Stata/MP®

v.14.0. **Resultados.** Los modelos revelaron una asociación positiva significativa entre el ID-LGBT y los casos de Mpox ($r^2=0,1006$; $p=0,0040$). En los países con mayor ID-LGBT tenían mayor notificación de Mpox. Los valores más altos de ID-LGBT se asociaron significativamente con mayores tasas de incidencia de Mpox (casos/100.000 habitantes) ($r^2=0,5062$; $p<0,0001$). El número de muertes notificadas y la tasa de mortalidad Mpox también se asociaron con el ID-LGBTI ($r^2=0,0636$; $p=0,0328$ y $r^2=0,1390$; $p=0,0005$, respectivamente). **Conclusiones.** Estos hallazgos subrayan la influencia significativa del estigma y la discriminación que pueden estar asociados con Mpox. En particular, los derechos LGBT+ permiten confiar en el sistema de salud, el diagnóstico y la gestión. Al mismo tiempo, la debida notificación de un caso Mpox y sus resultados asociados. Incluso en 2024, 88 países o territorios, especialmente en África, Oriente Medio y Asia, aún no han notificado ni un solo caso de Mpox.

O-093

Vigilancia centinela en neumonías bacterianas en menores de 5 años en hospital pediátrico cuarto nivel, en Colombia 2016-2024 (enero-marzo).

Camacho-Moreno G, Jerez D, Duarte C, Elizalde Y, Maldonado L, Palacios J, Degraff E, Rojas J, Jiménez K, Sabogal E, Perdomo-Rojas M. HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia, Instituto Nacional De Salud, Secretaría Distrital de Salud de Bogotá, Ministerio de Salud y Protección Social, Organización Panamericana de la Salud. Bogotá.
gcamachom@unal.edu.co

Introducción. La neumonía bacteriana (NB) es una causa importante de morbimortalidad. La Vigilancia Centinela de neumonía bacteriana (VCNB) permite conocer agentes causales predominantes y cambios emergentes en serotipos, para orientar la introducción o cambio de vacunas y su impacto.

Materiales y métodos. Es un estudio descriptivo, que desde 2016 se realiza en HOMI, no serotificados 7(6,1%); *Haemophilus influenzae* 33(15,5%), se identificaron los serotipos: HiNT 20(60,6%), b 5(15,2%), a 2(6,1%), f 1(3,0%), no serotificados 5(15,2%) y otras bacterias 66(31%). La tasa de hospitalización por NB fue de 36/1.000 niños **Conclusiones.** Los resultados de la VCNB, muestran predominancia de Spn 19 A y HiNT. Colombia cambio de PCV10 a PCV 13 en 2022. Este estudio establece el comportamiento epidemiológico previo al cambio y será útil para medir el impacto del mismo.

O-094

Cost-utility and disease burden with sofosbuvir/velpatasvir in the treatment of chronic hepatitis C, from the Colombian's Health System perspective.

Vásquez E, Lasalvia P, Rosselli D, Beltrán Ó, Marín J, Barbosa D, Díaz-Ortega M. Neuroeconomix, Fundación Cardioinfantil, Hospital Pablo Tobón Uribe, Gilead Sciences. Bogotá.
migueldiazor@gmail.com

Introducción. To evaluate the cost-utility and disease burden with sofosbuvir/velpatasvir versus no treatment in patients with chronic hepatitis C from the Colombian health system perspective. **Materials and methods.** The simulation is based on a Markov model developed by the WHO (Hep C Calculator), with a 20-year time horizon. Direct medical costs related to the acquisition and administration of treatment were considered, as well as the cost of management of HCV disease stages including sequelae. The price of sofosbuvir/velpatasvir corresponding to the centralized purchase was extracted from the Ministry of Health website. These costs were estimated in Colombian pesos (COP). Treatment efficacy -- adverse events and discontinuation rates are modeled on data from clinical trials. A discount rate of 5% was applied for costs and outcomes. A willingness-to-pay threshold of COP 28'364.425/QALY (Quality-Adjusted Life Year) was used. The disease burden was analyzed from a hypothetical cohort of 10.000 patients. **Results.** Sofosbuvir/velpatasvir provides additional 3,0 QALY compared to no treatment, with an expected average total cost per patient of COP 19'145.976 versus COP 68'486.960, respectively (COP -49'340.984 per person treated). The Incremental Cost-Effectiveness Ratio (ICER) was COP -16'701.336 per additional QALY. With sofosbuvir/velpatasvir compared to no treatment, a reduction of -90% in the cumulative relative inci-

dence of decompensated cirrhosis, hepatocellular carcinoma, and HCV-related deaths was observed. **Conclusions.** From the Colombian health system perspective, the treatment of chronic hepatitis C with sofosbuvir/velpatasvir is a cost-effective intervention versus no treatment. Effective access to sofosbuvir/velpatasvir will reduce the economic and disease burden related to HCV.

O-095

Cost-utility of bictegravir/tenofovir alafenamide/emtricitabine in treatment-experienced patients over 18 years of age living with human immunodeficiency virus type 1 infection and with virological suppression, from the Colombian's health system perspective.

Vásquez E, Lasalvia P, Rosselli D, Lenis W, Barbosa D, Díaz-Ortega M. Neuroeconomix, Clínica Recuperar IPS, Gilead Sciences. Bogotá.
migueldiazor@gmail.com

Introducción. To estimate the cost-utility of bictegravir/tenofovir alafenamide/emtricitabine (BIC/TAF/FTC) versus other triple combination antiretroviral therapies for treatment-experienced patients over 18 years of age living with Human Immunodeficiency Virus type 1 (HIV-1) infection and with virological suppression, from the Colombian's health system perspective. **Materials and methods.** A cost-utility analysis was developed using a Markov model with a time horizon equivalent to life expectancy. Direct medical costs were estimated including medications, procedures, laboratory tests, and management of disease, comorbidities, and adverse events. The sources of the costs were SIMMED and ISS tariff manual. The epidemiological and clinical parameters of the model were obtained from systematic reviews, clinical studies, High-Cost accounts, and expert opinion; utilities/disutilities were extracted from the scientific literature. The health outcome was Quality-Adjusted Life Year (QALY). A discount rate of 5% was applied for costs and outcomes. A willingness-to-pay threshold (WTP) of COP 28 --364.425/QALY was used, and a probabilistic sensitivity analysis was performed. **Results.** BIC/TAF/FTC with an average expected value per patient of COP 116'132.110/6,56 QALY is less costly and more effective versus DTG+TDF/FTC, DTG+TAF/FTC, EVG/c/TAF/FTC, RAL+TAF/FTC, DRV/TDF/3TC, RPV/TDF/FTC and RPV/TAF/FTC. The incremental cost-effectiveness ratio of BIC/TAF/FTC compared to DTG/ABC/3TC is greater than the WTP. In the sensitivity analysis, BIC/TAF/FTC versus all the alternatives evaluated has an average probability of being dominant and favorable of 62,9% and 70,7%, respectively. **Conclusions.** In treatment-experienced patients over 18 years of age living with HIV-1 infection and with virological suppression, BIC/TAF/FTC versus other triple combination antiretroviral therapies is a cost-effective intervention for the Colombian health system.

O-096

Rendimiento subóptimo de tres métodos de tamización en hisopado rectal para la detección de bacilos Gram negativos productores de carbapenemasas.

Silva E, Martínez D, Pescador Á, Hurtado L, Trujillo P, Leal R, Hernández P, Torres I, Osorio J, Josa D. Fundación Clínica Shaio. Bogotá.
diego.josa@shaio.org

Introducción. Los bacilos Gram negativos productores de carbapenemasas (BGN-PC) representan una amenaza emergente a la salud pública global con un incremento marcado en el período post pandemia. Las estrategias de vigilancia epidemiológica han demostrado fallos en su contención efectiva. Nuestro objetivo fue evaluar tres métodos de cribado a partir de muestras de hisopado rectal de pacientes hospitalizados en unidades de cuidado intensivo (UCI). **Materiales y métodos.** Estudio prospectivo transversal. Se evaluaron tres métodos de cribado para la detección de BGN-PC en muestras de hisopado rectal. Como método de referencia se empleó la combinación de RT-PCR múltiple + nefelometría láser para detección de BGN resistentes a carbapenemas confirmada por inmunocromatografía de flujo lateral. **Resultados.** Entre el 1 de abril y el 1 de mayo de 2024 se evaluaron 207 hisopados rectales de pacientes hospitalizados en UCI. Se evaluaron tres métodos: agar cromogénico (CHROMID® CARBA), nefelometría láser más inmunocromatografía de flujo lateral (Carbapenemase kit HB&L® + NG-Test® CARBA-5), RT-PCRm (MDR flow Chip®). La sensibilidad para la detección de BGN-PC frente al método de referencia fue de 66,7%, 79,2% y 87,5% respectivamente. **Conclusiones.** por separado, las tres metodologías evaluadas presentaron una sensibilidad subóptima, especialmente los métodos fenotípicos. En escenarios de alta circulación de BGN-PC puede ser requerido el cribado rectal con RT-PCRm, aunque la combinación de métodos podría ofrecer una mayor sensibilidad.

RESISTENCIA BACTERIANA

O-097

Alta eficacia de bacteriófagos líticos en la eliminación de *K. pneumoniae* resistentes a betalactámicos en aguas residuales simuladas: una alternativa para el control de la resistencia en el medio ambiente.

Zapata-Montoya M, Salazar-Ospina L, Jiménez-Quiceno N. Universidad de Antioquia, Grupo de investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA). Medellín. dayana.zapata@udea.edu.co

Introducción. Las plantas de tratamiento de aguas residuales se han descrito como un punto crítico para el desarrollo y diseminación de la resistencia antimicrobiana, convirtiéndose en un factor de riesgo para la salud pública. Los bacteriófagos han surgido como una alternativa de biocontrol y optimización de tratamientos para eliminar bacterias resistentes en el agua. En este trabajo se evalúa la eficacia de bacteriófagos en la eliminación de *K. pneumoniae* resistentes a carbapenémicos (KPRC) portadora de KPC en aguas residuales simuladas. **Materiales y métodos.** Estudio Experimental. Se estableció un matriz sintética de agua residual donde se evaluó la viabilidad bacteriana de KPRC y la estabilidad de los fagos específicos para esta bacteria previamente caracterizados. Posteriormente se determinó la eficacia de los fagos en la eliminación de KPRC de manera individual y en cóctel en el agua residual simulada mediante la determinación de la concentración bacteriana en el tiempo. **Resultados.** Los bacteriófagos mostraron una alta eficacia en la eliminación de KPRC en el agua residual simulada. De manera individual redujeron en promedio 3,8 log₁₀ equivalente a un 99,9%. Además, el cóctel mostró una reducción promedio de 4,2 log₁₀ correspondiente a un 99,992% durante las primeras 36 h de dosificación con los fagos. **Conclusiones.** Estos resultados evidencian una alta eficacia de los fagos en el biocontrol de *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos y portadoras de KPC en aguas residuales simuladas. Estos resultados proporcionan un paso significativo en el desarrollo de aplicaciones de bacteriófagos para el control de bacterias patógenas en el ambiente. MIN-SCIENCIAS 111589785393.

O-098

Efecto inóculo a Cefazolina en *Staphylococcus aureus* susceptibles a metilina colonizadores nasales de pacientes UCI y utilidad de la prueba rápida de nitrocefina modificada para su detección en Colombia.

Rincón S, Carvajal L, Gómez-Villegas S, Matiz-González J, Ordoñez K, Santamaría A, Ospina L, Beltrán J, Guevara F, Méndez Y, Salcedo S, Porras A, Valencia A, Grennia H, Deyanov A, Baptista R, Tam V, Panesso D, Tran T, Miller W, Arias C, Reyes J, Unidad de Genética y Resistencia Antimicrobiana - Universidad El Bosque, Harvard University - USA, Departamento de Infectología - ESE Hospital Universitario San Jorge de Pereira, Clínica Colsubsidio Calle 100, Servicio de Infectología - Fundación Santafé de Bogotá, Hospital Regional de Duitama, Organización Clínica General del Norte, Los Cobos Medical Center, Center For Infectious Disease - Houston Methodist Research Institute - Division of Infectious Diseases - USA, Pharmacy Practice And Translational Research - University of Houston - Usa. Bogotá. sandralrn30@yahoo.com

Introducción. Efecto inóculo a cefazolina (CzIE) se ha asociado a fracasos terapéuticos y mayor mortalidad en infecciones severas por *S. aureus* sensible a metilina (MSSA). La prevalencia de CzIE en aislamientos clínicos de pacientes es alta en Colombia. Nuestro objetivo fue determinar la prevalencia del CzIE en MSSA colonizadores nasales de pacientes hospitalizados en Colombia y determinar la utilidad de la prueba rápida en su detección. **Materiales y métodos.** Se incluyó una cohorte de 352 pacientes de UCI de seis hospitales en cuatro ciudades (2019-2023). 43 MSSA de 36 pacientes fueron caracterizados. Se realizó CIM a cefazolina por microdilución en caldo (gold-standard) con estándar y alto inóculo, además prueba rápida modificada de nitrocefina para CzIE, calculando métricas de exactitud diagnóstica. Por medio de la secuenciación de genoma completo se caracterizaron tipos y alotipos BlaZ, linajes genéticos y tipos Agr. **Resultados.** 58% (21/36) pacientes presentaron colonización nasal por MSSA con CzIE. Entre 25 aislamientos MSSA colonizadores CzIE+, BlaZ-A y alotipo BlaZ-2 predominaron en 56% y 52%, respectivamente. CC30 fue el linaje dominante en MSSA CzIE+ (52%, 13/25 aislamientos). Agr-III fue el más frecuente en MSSA CzIE+ comparado a Agr-I predominante en 67% MSSA CzIE-. En comparación con el gold standard, la prueba rápida modificada iden-

tificó MSSA colonizadores CzIE+ con una sensibilidad de 100%, especificidad de 94,4% y precisión 97,7%. **Conclusiones.** Identificamos alta prevalencia de pacientes UCI colonizados por MSSA exhibiendo CzIE. La prueba rápida modificada puede representar una herramienta diagnóstica útil para identificar MSSA colonizadores con CzIE.

O-099

Efecto del mercurio en la expresión transcripcional de genes asociados con la biosíntesis de aminoácidos y virulencia en *Staphylococcus aureus* resistente a metilina (SARM) USA300-variante latinoamericana.

Castellar-Mendoza C, Rincón Nuñez S, Matiz-González J, Carvajal-Ortiz L, Reyes-Manrique J. Universidad El Bosque. Bogotá. ccastellar@unbosque.edu.co

Introducción. La contaminación por mercurio tiene gran impacto en los ecosistemas y es una amenaza grave en los países en desarrollo Colombia es el tercer país emisor de mercurio a nivel mundial. El linaje clonal de *Staphylococcus aureus* resistente a metilina (SARM) más prevalente en Colombia, USA300-Variante Latinoamericana (USA300-VL), contiene un elemento genómico de resistencia a cobre y mercurio presente en >50% de los genomas de Colombia, Ecuador, Perú, Venezuela y Chile. Sin embargo, no hay estudios sobre el efecto del mercurio en el metabolismo de SARM USA300-VL. En este estudio *in-vitro* determinamos el impacto de concentraciones sub-inhedoras de HgCl₂ en el transcriptoma de un aislamiento clínico del clon SARM USA300-VL. **Materiales y métodos.** Se realizó secuenciación de ARN. Se identificaron los genes expresados diferencialmente (GED) y se buscó asociaciones significativas (p≤0,05) con vías metabólicas mediante análisis de enriquecimiento funcional. **Resultados.** Se encontraron 115 GED, de ellos 71 genes estaban regulados positivamente y relacionados significativamente con biosíntesis de aminoácidos (p≤0,05), específicamente, aquellos que participan en la producción de peptidoglicano y permeabilidad de membrana como respuesta adaptativa al medio. Por otro lado, se encontraron 44 genes regulados negativamente asociados a virulencia y defensa del sistema inmune del hospedero (p≤0,05). **Conclusiones.** Se sugiere que el mercurio estimula la expresión de genes asociados con biosíntesis de metabolitos clave para la remodelación de la envoltura celular de SARM USA300-VL. Mientras que su virulencia disminuye posiblemente, como respuesta adaptativa a ambientes con mercurio. Esto sería una probable explicación del éxito de este linaje clonal de *S. aureus* en Colombia. Financiación: Universidad El Bosque PCI 0002-2023

O-100

Caracterización rápida de genes de resistencia antimicrobiana mediante PCR e hibridación en muestras de hisopado rectal.

Josa D, Trujillo P, Martínez D, Pescador A, Hurtado L, Leal R, Benavides R, Montaña D, Silva-Monsalve E, Osorio J, Hernández P, Torres I, Cortés F. Fundación Clínica Shaio. Bogotá. diego.josa@shaio.org

Introducción. El tracto gastrointestinal es el principal reservorio de bacilos Gram negativos productores de carbapenemasas. La colonización rectal es el mayor factor de riesgo para el desarrollo de infecciones. Nuestro objetivo fue realizar la caracterización molecular de genes de resistencia antimicrobiana mediante PCR e hibridación en muestras de hisopado rectal. **Materiales y métodos.** Estudio prospectivo, descriptivo. Se analizaron 50 muestras de hisopado rectal de pacientes colonizados que ingresaron al servicio de urgencias de la Fundación Clínica Shaio. Se les realizó PCR e hibridación por el kit MDR Direct Flow HybriSpot (Vitro Master Diagnostica®) el cual nos permite evaluar 56 genes de resistencia antimicrobiana para nueve clases de antibióticos diferentes. **Resultados.** Se detectaron los siguientes genes: blaSHV 84%, blaKPC 84%, blaNDM 80%, blaCMY 62%, blaCTX-M 42%; oqxA 90%, oqxB 72%, qnrB 64%, qnrS 36%; catB3 60%; mecA 38%; sul1 58%, sul2 30%, sul3 12%; vanA 14%; mefA/E 61%, ermB 48%, ermC 16%, ermA 2%; cfr 2%. En 7/50 pacientes (14%) se detectó varios genes de resistencia de importancia en vigilancia epidemiológica (blaCTX-M, blaKPC, blaNDM and vanA); y 6/50 pacientes (12%) portaban (mecA, blaCTX-M, blaKPC, blaNDM). Distribución de carbapenemasas: producción única 36% (18/50) y Coproducción 64% (32/50). **Conclusiones.** Este es el primer estudio en Colombia que muestra la distribución de diferentes genes de resistencia en hisopados rectales de portadores en una sola prueba. Esta permite una rápida detección y caracterización de genes de resistencia (4 horas), que agiliza el aislamiento oportuno de los pacientes portadores para controlar su diseminación.

O-101

Filogenia de la reductasa de mercurio MerA de *Staphylococcus aureus* recuperados de bacteriemia en América Latina.

Ibarra-Vásquez L, Matiz-González J, Castellar-Mendoza C, Carvajal-Ortiz L, Rincón-Núñez S, Reyes-Manrique J, Unidad de Genética y Resistencia Antimicrobiana - Universidad El Bosque. Bogotá.
libarrav@unbosque.edu.co

Introducción. La variante Latinoamérica del *S. aureus* resistente a metilicina (SARM) USA300 (USA300-VL) es el clon más prevalente en hospitales del norte de Sudamérica. Una mayor frecuencia del operón mer, elemento de resistencia a mercurio, se ha encontrado en este clon respecto a otros. Se analizó la filogenética de MerA, principal proteína codificada por el operón, en diversos *S. aureus* recolectados de bacteriemia en Latinoamérica. **Materiales y métodos.** Se incluyeron 331 genomas de hospitales latinoamericanos (2010-2014): 184 SARM merA+ (52 linaje USA300-VL, 123 linaje Chileno-Cordobés y 9 linaje Brasileño) y 147 *S. aureus* susceptibles a metilicina (SASM) evaluados por PCR *in silico* para merA. Se alinearon y analizaron las secuencias de MerA utilizando inferencia filogenética. Además, se determinaron las MIC contra HgCl₂ en todos los aislamientos. **Resultados.** Ocho SASM albergaban merA (n=5,4%). El árbol filogenético de MerA presentó dos cladogramas principales: uno agrupó a 122 MerA del clon Chileno-Cordobés y tres del clon Brasileño. El otro incluyó 67 MerA: 52 USA300-VL, 6 Brasileño, 1 Chileno-Cordobés y 8 SASM. La alta similitud entre SASM y SARM sugiere que la proteína estaba altamente relacionada entre las cepas. Los clones Chileno-Cordobés y USA300-VL se agruparon en dos cladogramas separados pero altamente relacionados (similitud >99%, tres aminoácidos diferenciales, 1/3 en dominio de unión a mercurio). Todos los aislamientos presentaron genes merA funcionales, con MIC de HgCl₂ 128mM/mL. **Conclusiones.** Se observó una alta conservación entre MerA en los clones SARM y SASM. Pequeñas diferencias entre USA300-LV y Chileno-Cordobés podrían impactar en la diversificación de la función de MerA en SARM. Universidad El Bosque:PCI-2023-0002.

O-102

MALDI-FAST: a new protocol for bacterial identification and carbapenemases by MALDI-TOF and lateral flow assay directly from positive blood culture.

Josa D, Trujillo P, Martínez D, Pescador A, Hurtado L, Leal R, Benavides R, Montaña D, Silva-Monsalve E, Osorio J, Hernández P, Torres I, Cortes F. Fundación Clínica Shaio. Bogotá.
diego.josa@shaio.org

Introduction. Rapid molecular testing for carbapenemase detection improves treatment time and mortality in patients with carbapenem-resistant Enterobacteriales bacteremia; however, its use may not be optimal in resource-limited care settings. Our aim is to perform rapid identification of Gram-negative bacilli and detection of carbapenemases directly from blood cultures using the combination of mass spectrometry and lateral flow testing. **Materials and methods.** We analyzed 97 bottles of positive blood cultures detected by the BACT/Alert 3D system (BioMérieux®). Our new method (MALDI-FAST) uses 0.5ml of blood, the positive blood culture bottle for Gram-negative bacilli, from which a pellet is obtained by rapid centrifugation in 3 minutes. This material is processed both for bacterial identification by MALDI-TOF mass spectrophotometry (Bruker®), and rapid detection of carbapenemases by Carba 5 lateral flow immunochromatography (NG Biotech®). The results obtained were compared with the gold standard RT-PCR FilmArray Panel BCID 2.0 (BioMérieux®). **Results.** Of the 97 blood culture bottles, 94/97 (96,9%) were correctly identified to the species level and 3/97 (3,1%) were polymicrobial blood cultures. *Klebsiella pneumoniae* was detected in 39 samples, *E. coli* in 24, and 34 other microorganisms. Excellent concordance (kappa index 1.000) was achieved in 31/97 blood cultures (31,9%) that presented carbapenemases, 18/31 KPC (18,6%) and 13/31 with KPC and NDM coproduction (13,4%). **Conclusions.** Our protocol presents very good results for bacterial identification by mass spectrometry and carbapenemase detection by lateral flow immunoassay in a few minutes directly from the positive blood culture, becoming a fast and cost-effective tool to contribute to patient management.

O-103

Cambios en la resistencia antimicrobiana y etiología de las infecciones en piel, tejidos blandos, hueso y articulaciones: evaluación de los últimos 14 años y proyecciones para 2030, Grupo GERMEN.

Galvis-Ayala J, Benjumea D, Montaña-Céspedes A, Ramírez K, Luna-López M, Vélez J, Robledo-Restrepo C, Robledo-Restrepo J. Laboratorio Médico de Referencia - Grupo Germen, Corporación Para Investigaciones Biológicas CIB, Antimicrobial Stewardship Center Of Excellence, Biomérieux. Medellín.
investigaciones@labmedico.com

Introducción. Las infecciones en piel, tejidos blandos, hueso y articulaciones (IPTBHA) son frecuentes en la práctica clínica. En algunos casos la terapia empírica es insuficiente. Objetivo: Describir las tendencias de la distribución y sensibilidad de microorganismos recuperados en muestras PTBHA en adultos en la red GERMEN (2010-2023) y estimar su proyección al 2030. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de aislamientos recuperados en adultos con diagnóstico sugestivo de IPTBHA en la red de vigilancia antimicrobiana GERMEN-Valle de Aburrá (2010-2023). La valoración de las tendencias y perfiles de sensibilidad se realizaron mediante la prueba de Mann Kendall y la pendiente de Sen. Para estimar las proyecciones al 2030 se usaron modelos de regresión lineal. **Resultados.** *S. aureus* es el microorganismo más frecuente (2023=21,7%). Su tendencia disminuyó en el periodo evaluado (p=0,04; Pendiente= -0,23), así como su sensibilidad a la Oxacilina (p=0,05; Pendiente= -0,55). En *E. coli* las BLEES presentaron una tendencia creciente (p= ≤ 0,01; Pendiente= 1,08) estableciéndose en el 30,2% para el 2023. En *K. pneumoniae* las BLEES representaron el 34,7% en 2023 y podría ser hasta del 51,6 % para el 2030. En *Paeruginosa* incrementó la sensibilidad a cefemipe (2023= 86,2; p= 0,01; Pendiente=1,02) piperacilina/tazobactam (2023= 74,9; p= ≤ 0,01; Pendiente=1,12) y ciprofloxacina (2023= 83,9; p= ≤ 0,01; Pendiente=1,42). **Conclusiones.** La sensibilidad a Oxacilina en *S. aureus*, los valores de BLEES en *E. coli* y *K. pneumoniae* y el incremento en la sensibilidad en antipseudomónicos, sugieren que es necesario revisar las guías de terapia empírica y dirigida de IPTBHA, para ajustarlas según el contexto epidemiológico.

O-104

Péptidos derivados de la secuencia RRWQWRMKKLG: actividad antibacteriana contra cepas de referencia y aislados clínicos de *Staphylococcus aureus* y *Escherichia coli*.

Cuero K, Matta E, Vargas Y, Parra C, Fierro R, García J, Rivera Z. Universidad Nacional de Colombia, Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá.
kcuroa@unal.edu.co

Introducción. La lactoferricina bovina (LfcinB) es un péptido con significativa actividad antimicrobiana y anti cancerígena. En esta investigación se obtuvieron péptidos derivados de LfcinB (20-30) RRWQWRMKKLG y se evaluó su actividad antibacteriana en cepas de referencia y aislados clínicos de *E. coli* y *S. aureus*. **Materiales y métodos.** Los péptidos fueron sintetizados en fase sólida, purificados mediante extracción en fase sólida y caracterizados por RP-HPLC y LC-MS. La concentración mínima inhibitoria, bactericida y curvas de letalidad se determinaron según la guía del CLSI. El ensayo de sinergismo se realizó mediante el modelo de ajedrez y se analizó en el software Compusyn. La inducción de resistencia se realizó mediante exposición a concentraciones subletales del péptido. **Resultados.** Los péptidos 26[Nal]-LfcinB(20-30) (MIC=16 µM), 26[F]-LfcinB(20-30)2 (MIC=15 µM), 26[F]-LfcinB(20-27)2 (MIC=9 µM) y LfcinB(20-25)2 (MIC=11 µM) presentaron la mayor actividad contra *E. coli* ATCC 25922 y el péptido 26[Nal]-LfcinB(20-30)2 (MIC=14µM) en *S. aureus* ATCC 29213 mostrando un efecto bactericida. La actividad de los péptidos se mantuvo en aislamientos clínicos sensibles, resistentes y multidrogoresistentes de *E. coli* y *S. aureus*, presentaron sinergismo con ciprofloxacina y ceftriaxona, porcentaje de hemólisis inferior al 5% a la MIC y bajo potencial de inducción de resistencia. **Conclusiones.** Los péptidos seleccionados presentaron actividad en cepas de *E. coli* y *S. aureus* ejerciendo un efecto bactericida, sinergismo con antibióticos de uso común, baja toxicidad y bajo potencial de inducir resistencia, por lo cual se consideran promisorios para la terapia ante infecciones con *S. aureus* y *E. coli*.

VIROLOGÍA

O-105

Las vesículas extracelulares liberadas por las células del tejido nervioso transportan y transmiten virus zika (ZIKV).

Calderón-Peláez M, Castellanos J, Velandia-Romero M. Universidad El Bosque. Bogotá.
mcalderon@unbosque.edu.co

Introducción. Los mecanismos de dispersión viral son diversos. Para algunos flavivirus se ha demostrado que virus completos, proteínas y segmentos genómicos pueden ser empaquetados en vesículas extracelulares (EVs), para así dispersarse hacia diferentes tejidos. **OBJETIVO:** Evaluar, *in vitro*, la capacidad infecciosa de las EVs producidas por neuronas, astrocitos y células endoteliales de microvasculatura cerebral murina (MBEC) infectadas con ZIKV. **Materiales y métodos.** Neuronas, astrocitos y MBEC de ratones de 1 día postnatal, fueron cultivados e infectados por 48h con ZIKV (MOI: 0.1). Los sobrenadantes fueron colectados, las EVs fueron aisladas por ultracentrifugación, y tratadas con glicina pH 3,0 y RNAsa A (para eliminar virus ensamblados y degradar RNA libres). Posteriormente las EVs fueron puestas sobre células A549 por 72h en donde se evaluó la presencia del virus por inmunoperoxidasa y qPCR. **Resultados.** Todas las células fueron susceptibles a la infección. Al evaluar la capacidad infecciosa de las EVs, se encontró que las no tratadas con glicina y RNAsa A infectaron las A549. Por el contrario, en las células A549 incubadas con EVs tratadas no se detectó antígeno viral, pero sí se encontraron transcritos virales detectados por qPCR, especialmente en las células tratadas con EVs provenientes de neuronas infectadas. **Conclusiones.** Los resultados indican que las EVs producidas por las neuronas, transportan en su interior segmentos genómicos virales, por lo que estas estructuras parecen ser claves en amplificar la dispersión e infección del ZIKV en el tejido nervioso.

O-106

Las nanopartículas de sílice estimulan la producción de citocinas proinflamatorias en CMSP expuestos al virus respiratorio sincitial.

Sánchez-Cardona I, Gómez-Gallego D, Hernández-López J, Villa-Pulgarín J. Universidad de Antioquia, Universidad Cooperativa de Colombia, Corporación Universitaria Remington. Guarne.
isabel.sanchezc@udea.edu.co

Introducción. Las enfermedades infecciosas causan mortalidad mundial. Particularmente, las infecciones virales tienen impactos sanitarios y socioeconómicos negativos. Entre estas destacan las infecciones graves del tracto respiratorio inferior por el virus respiratorio sincitial (RSV). La falta de vacunas y tratamientos antivirales específicos requiere nuevas estrategias. Las nanopartículas de sílice (SiNP) tienen gran potencial como inmunoadyuvante por sus propiedades fisicoquímicas únicas, siendo prometedoras para el desarrollo de tratamientos antivirales profilácticos. Por tanto, el objetivo de este estudio fue evaluar el potencial de las SiNP para estimular la producción de citocinas proinflamatorias frente al RSV. **Materiales y métodos.** Estudio experimental *in vitro*. Se realizaron cultivos primarios de sangre periférica de donantes sanos. Se separaron CMSP y se cultivaron con diferentes concentraciones de RSV y SiNP: 12 nm de diámetro (no porosa) o 200nm de diámetro (mesoporosa). Se cuantificaron citocinas proinflamatorias en los sobrenadantes mediante ELISA. **Resultados.** Se evidenció un aumento en la producción de IL-1 β , IL-6 y TNF- α en las células coestimuladas con el virus y las nanopartículas en comparación con las células estimuladas solo con el virus, o solo con las nanopartículas. **Conclusiones.** Este estudio demuestra el potencial de las SiNP para modular la respuesta inmunológica frente al RSV aumentando la producción de citocinas proinflamatorias en cultivos de CMSP. Se sugiere que las SiNP podrían ser exploradas como una estrategia terapéutica para mejorar la respuesta inmune frente a infecciones virales como el RSV. Proyecto financiado por las instituciones relacionadas (código-INV 3222).

O-107

Actividad *in silico* e *in vitro* anti-SARS-CoV-2 de productos obtenidos a partir de desechos de la producción de café.

Loaiza-Cano V, Rojas L, Ramírez-Vélez A, Torres C, Martínez-Gutiérrez M. Universidad de Antioquia, Universidad Cooperativa de Colombia, Sosteli Group S.A.S., Sanadores Ambientales. Envigado.
marlen.martinez@udea.edu.co

Introducción. La sostenibilidad y optimización de desechos es un tema cada vez más importante en el planeta. Los derivados del café han demostrado múltiples actividades biológicas, por lo que desechos de la producción del café podrían ser potenciales antivirales. El objetivo fue evaluar la actividad de extractos de desechos de la producción de café contra la infección *in vitro* por SARS-CoV-2. **Materiales y métodos.** El extracto de cáscara de café (CC) y otro de mucílago de café (MC) fueron evaluados. La viabilidad fue determinada por MTT. Se usó un aislado clínico colombiano de SARS-CoV-2. Se evaluó la inhibición del efecto citopático (ECP) y de partículas virales infecciosas (PVI) por MTT y plaqueo respectivamente. Se caracterizaron los metabolitos contenidos en los extractos por UHPLC/MS/Orbitrap, y estos fueron evaluados *in silico* por acoplamiento molecular con proteínas virales de SARS-CoV-2 por autodock vina. **Resultados.** CC y MC fueron tóxicos a concentraciones mayores a 0,78% y 0,125% V/V, respectivamente, por lo que estas concentraciones fueron las usadas. CC inhibió el ECP de SARS-CoV-2 en Co-tratamiento y post-tratamiento, así como la producción de PVI. MC inhibió el ECP y PVI cuando se realizó Co-post- tratamiento. La mayoría de metabolitos identificados en CC también se encontraron en MC, solo se diferenció que en CC se identificó rutina y quercetina. Las mejores energías de unión fueron evidenciadas con las proteínas NSP3 y NSP 16. **Conclusiones.** Los extractos de café inhiben tanto el ECP causado por SARS-CoV-2 como las PVI, que podría estar relacionado con la acción sobre proteínas del virus. UCC-INV 2987.

O-108

Ensayo clínico controlado del efecto antiviral de la azatioprina en caninos infectados con el virus del distemper canino: un estudio multicéntrico.

Ríos-Usuga C, Martínez-Gutiérrez M, Ruiz-Saenz J. Grupo de Investigación en Ciencias Animales – GRICA - Universidad Cooperativa de Colombia. Universidad de Antioquia. Bucaramanga.
carolina.rios@udea.edu.co

Introducción. El virus del distemper canino (CDV) genera una enfermedad infecciosa multisistémica prevalente en los caninos. La manifestación clínica varía desde cuadros subclínicos hasta una enfermedad severamente mortal. No se cuenta con un consenso para el tratamiento de CDV. La azatioprina (AZA) es un profármaco del grupo de las tiopurinas que se comportan como análogos de las purinas. Ensayos *in vitro* han mostrado un elevado potencial antiviral frente al CDV. El objetivo del estudio fue evaluar el efecto antiviral y la seguridad de la Azatioprina administrada vía oral en pacientes caninos positivos al CDV. **Materiales y métodos.** Se realizó un ensayo clínico controlado con placebo en caninos con diagnóstico de CDV que cumplieran con los criterios de inclusión. El grupo 1 recibió terapia convencional más AZA. Grupo 2 recibió terapia convencional más placebo. Se hizo seguimiento de ambos grupos durante 63 días mediante evaluación clínica general, hemograma, química sanguínea y RT PCR. **Resultados.** No se evidenciaron alteraciones gastrointestinales, en hemogramas ni en químicas sanguíneas, lo que indica un perfil de seguridad y tolerabilidad aceptable de AZA en caninos con CDV. En el grupo 1: AZA más terapia convencional sobrevivió el 58,8% mientras que en el grupo 2, placebo más terapia convencional, sólo sobrevivió el 35,3%. **Conclusiones.** Aunque no se evidenció una recuperación clínica completa en el grupo con AZA, sí se encontró un aumento importante de la supervivencia sin efectos adversos. Creemos que AZA podría incluirse en el tratamiento convencional de la infección por CDV permitiendo mejores resultados de supervivencia.

O-109

Efecto antiviral *in vitro* de extractos derivados de café en un modelo de infección por el virus del dengue.

Gaitán-Veloz G, Loaiza-Cano V, Rojas L, Martínez-Gutiérrez M. Universidad de Antioquia, Universidad Cooperativa de Colombia, Sosteli Group S.A.S. Medellín.
gustavo.gaitanv@udea.edu.co

Introducción. La enfermedad del dengue tiene gran relevancia a nivel mundial debido al impacto que genera tanto en la salud como a nivel económico y social. Actualmente no hay tratamiento eficaz contra la infección por DENV. El estudio de antivirales resulta imprescindible. Se ha evidenciado que diferentes componentes del café presentan bioactividad contra algunos virus. El objetivo es evaluar el efecto antiviral del extracto de cáscara de café contra la infección por los serotipos del DENV (1-4) en una línea de monocitos humanos. **Materiales y métodos.** Mediante el ensayo MTT se evaluó la

citotoxicidad del extracto en U937. Se realizaron estrategias antivirales (combinada, pre-trans-post-tratamiento) (48 hpi). Se infectaron células con DENV (1-4) a una MOI de 0,5 y las partículas virales infecciosas fueron cuantificadas mediante plaqueo. **Resultados.** Se trabajó a una concentración del extracto de 0,0625% (viabilidad $\geq 80\%$). Se obtuvo la inhibición de la infección de DENV 1 (87,16%), DENV 2 (82,91%), DENV 3 (86,26%) y DENV 4 (29,66%) durante la estrategia combinada. En estrategias individuales, DENV 2 disminuyó la infección en un 38,03% durante el trans-tratamiento y un 14,04% en el post-tratamiento; DENV 3 se redujo en un 49,44% en este último. **Conclusiones.** El extracto disminuye la infección de DENV (1-4) en células U937. Al reducirse la infección en el trans-tratamiento, indicaría un posible efecto virucida y, en el post-tratamiento, mostraría una probable inhibición en etapas posteriores a la infección. Análisis subsiguientes demostrarán en qué momento del ciclo replicativo del virus hay actividad antiviral.

O-110

Análisis serológico, filogenético y epidemiológico del virus de la influenza equina en Colombia, 2020-2023.

González-Obando J, Moreno-López I, Usuga-Restrepo J, Forero-Duarte J, Díaz-Jiménez A, Hernández-Ortiz J, Ruiz-Saénz J. Grupo Grica - Universidad Cooperativa de Colombia. GHI One Health Colombia - Universidad Nacional de Colombia, Grupo de Investigación en Microbiología Veterinaria - Escuela de Microbiología - Universidad de Antioquia, Pig Improvement Company Hendersonville USA. Envigado. juliana.gonzalez@udea.edu.co

Introducción. La Influenza equina es una enfermedad altamente contagiosa y de distribución global causada por el virus de la influenza (EIV). En Colombia no se han realizado análisis filogenéticos, epidemiológicos, ni serológicos que permitan ampliar la base de conocimiento de este virus. **Materiales y métodos.** Se incluyeron pacientes con síntomas respiratorios. El diagnóstico molecular se realizó por qPCR. Después se realizó secuenciación mediante Nanopore. Las secuencias de los genes Hemaglutinina y Neuraminidasa fueron analizadas filogenéticamente. Para el análisis epidemiológico se realizó un análisis multivariado. Para el diagnóstico serológico se usó el kit de ELISA de IDEXX para detección de anticuerpos de influenza A. **Resultados.** Se reclutaron un total de 188 equinos con síntomas respiratorios. La positividad molecular fue del 33,5%. En el análisis filogenético se encontró una alta homología con secuencias del subtipo H3N8 y las secuencias reportadas en Estados Unidos en el 2022. Las variables asociadas con EIV fueron el aislamiento de individuos positivos y compartir espacio con aves de corral. La positividad por serología fue del 39% en los sintomáticos. **Conclusiones.** Se puede inferir que el virus que circula en el territorio proviene de Estados Unidos. Se identifica la falta de medidas de control en el manejo de los brotes del virus de la influenza equina en los predios. Es evidente la alta presencia de anticuerpos en equinos sintomáticos que salen a competencia, sin historial de vacunación.

O-111

Evaluación del potencial antiviral frente al SARS-COV-2 de compuestos halogenados derivados de L-tirosina.

Velásquez-Bedoya P, Zapata-Cardona M, Monsalve L, Pereañez-Jiménez J, Galeano-Jaramillo E, Zapata-Builes W. Universidad de Antioquia, Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín. paula.velasquez@udea.edu.co

Introducción. La COVID-19 (SARS-CoV-2) ha ocasionado más de 7 millones de muertes. Hasta ahora no hay medicamentos efectivos para todos los pacientes y sus diferentes manifestaciones clínicas. Además, las vacunas no son efectivas frente a todas las variantes del virus o grupos poblacionales. Algunos compuestos halogenados derivados de L-tirosina (producidos por esponjas marinas) tienen actividad antiviral contra arbovirus y VIH y podrían tener el potencial antiviral contra el SARS-CoV-2. **Materiales y métodos.** Estudio experimental *in vitro* e *in silico*. Se evaluó la citotoxicidad (ensayo de MTT) de 15 compuestos en células Vero E6 y su actividad antiviral en células infectadas con SARS-CoV-2 por estrategia combinada e individual (pre-, co-, postratamiento). La cuantificación del título viral se realizó por ensayo de placa y se realizó RT-qPCR para cuantificar el ARN viral. Se realizaron ensayos *in silico* para la evaluación toxicológica de los compuestos y para determinar su afinidad por proteínas virales y celulares. **Resultados.** Los compuestos TODC-3M, TODI-2M y YODC-3M redujeron la replicación viral $>40\%$ en co y postra-

tamiento en los ensayos de placa y no fueron citotóxicos a concentraciones $\leq 150 \mu\text{M}$. TODC-3M y TODI-2M inhibieron la replicación del material genético viral. *In silico*, presentaron puntuaciones bajas de toxicidad y alta afinidad por las proteínas virales y celulares. **Conclusiones.** TODC-3M, TODI-2M y YODC-3M tiene actividad antiviral *in vitro* contra el SARS-CoV-2 sin citotoxicidad considerable y baja probabilidad de toxicidad *in silico*. Mecanismo de acción probable: inhibición de la adherencia y la replicación del material genético viral. Financiación: CODI, Universidad Cooperativa de Colombia

O-112

Potencial antiviral de compuestos diterpenoides de abietano son antivirales promisorios frente al virus de chikungunya.

Loaiza-Cano V, Castrillón-Rojas L, Pérez-Mateos N, González-Cardenete M, Betancur-Galvis L, Martínez-Gutiérrez M. Universidad Cooperativa de Colombia, Universidad Politécnica de Valencia - Instituto de Tecnología Química (UPV-CSIC), Universidad de Antioquia. Envigado. marlen.martinez@udea.edu.co

Introducción. Los compuestos de tipo abietano han demostrado ser activos contra varios virus. Teniendo en cuenta que aún no se dispone de tratamiento específico para la infección por el Virus de Chikungunya (CHIKV), se decidió evaluar el efecto de 14 diterpenoides de abietano frente a la infección de CHIKV en células Vero. **Materiales y métodos.** La viabilidad de las células Vero en presencia de cinco concentraciones de cada compuesto fue determinada por MTT. Posteriormente se evaluó de manera cualitativa (tinción con cristal violeta) y cuantitativa (titulación por plaqueo) el efecto antiviral sobre un aislado clínico colombiano de CHIKV. Adicionalmente, se realizó evaluación de efecto virucida y el efecto sinérgico entre compuestos. Se evaluó el acoplamiento molecular *in silico* con proteínas virales por Autodock vina. **Resultados.** Trece de los catorce compuestos inhibieron la infección de CHIKV a concentraciones no citotóxicas. Los compuestos con un grupo OH en su anillo aromático C presentaron los más altos porcentajes de inhibición viral. La mejor actividad virucida se obtuvo de los compuestos que presentaban dos grupos funcionales en el anillo C de su estructura. No hubo efecto sinérgico al combinar los compuestos. Finalmente el acoplamiento molecular *in silico* demostró energías de unión favorables (entre $-6,2$ y $-10,2$ Kcal/mol), especialmente con las proteínas virales nsP3 y nsP4. **Conclusiones.** Estos resultados, en conjunto, indican que los compuestos diterpenoides de abietano tienen potencial para ser antivirales contra CHIKV y que ese potencial posiblemente es dependiente de su estructura química. Estudios posteriores nos permitirán estudiar a profundidad sus mecanismos de acción. UCC-INV 3552.

INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA

O-113

Características clínico-epidemiológicas de la Candidemia por *Candida auris* en un hospital pediátrico colombiano.

Casadiago-Payares S, Guardo-Sarabia Y, Cuesta-Caro D, Pinzón-Redondo H, Varón C, Berrio-Medina I. Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja, Hospital General de Medellín Luz Castro de Gutiérrez E.S.E. Cartagena. scasadiago89@gmail.com

Introducción. *Candida auris* es una levadura resistente a múltiples fármacos que causa infecciones invasivas y brotes hospitalarios con consecuencias clínicas adversas. Este estudio tiene como objetivo caracterizar las infecciones por *C. auris* en un hospital pediátrico en Colombia proporcionando información sobre su epidemiología, características clínicas y resultados clínicos. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo en menores de edad admitidos entre mayo 2023 a mayo 2024 en un hospital pediátrico de Cartagena con candidemia por *C. auris* identificadas microbiológicamente y confirmadas en Instituto Nacional de Salud. Se describen medidas descriptivas de datos sociodemográficos, clínicos, tratamiento y evolución clínica hasta el alta, analizadas con SPSS 29,0. **Resultados.** Se identificaron 47 pacientes, 57% (27/47) de sexo masculino, 38% (18/47) eran <1 año, 42% entre 1-5 años y 19% >5 años. La mayoría presentaban condiciones médicas subyacentes con accesos invasivos: 81% catéter venoso central-CVC, 68% sonda vesical, 53% procedimientos quirúrgicos previos, 9% recibía hemodiálisis y 95% recibió antibióticos 14 días previo al diagnóstico de candidemia. El 96% recibieron antifúngicos, principalmente, caspofungina en un 86%. La estancia prolongada al menos 90

días, la candidemia persistente con dos hemocultivos consecutivos positivos y mortalidad hospitalaria ocurrieron en 74%, 45% y 28%, respectivamente. **Conclusiones.** Este estudio sugiere que *Candida auris* afecta a niños de diferentes grupos etarios con diversas condiciones médicas, incluyendo cirugía previa, CVC, sonda vesical, estancia prolongada y uso previo de antibióticos. Aunque la candidemia persistente en esta población fue común. La mortalidad intrahospitalaria fue similar a lo reportado en la literatura

O-114

Asociación de niveles séricos de leucotrieno B4, histamina y proteasas mastocitarias triptasa y quimasa con la severidad del Dengue pediátrico.

Arturo J, Velandía M, Pinzón-Redondo H, Bastidas-Narváez Y, Castellanos-Parra J. Instituto de Virología - Universidad El Bosque, Inmugen Corporation, Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja. Bogotá.
drjhann@gmail.com

Introducción. La infección por el virus Dengue (DENV) genera un alto impacto en la salud infantil produciendo síntomas sistémicos, y en algunos casos, complicaciones que requieren cuidado intensivo. Aunque se ha postulado el rol de los mastocitos en el dengue, no se ha investigado el papel de los mediadores inflamatorios mastocitarios en dengue pediátrico **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo, reclutando 100 pacientes con infección secundaria por virus de dengue del Hospital-Infantil-Napoleón-Franco-Pareja de Cartagena, a quienes se les extrajo suero (previo consentimiento y asentimiento informado), el cual fue procesado para identificación viral por RT-PCR, cuantificación mediante ELISA de niveles de Leucotrieno-B4, Histamina y Quimasa, y cuantificación de triptasa mediante Immunocap-Tryptase-Phadia, comparando los resultados con sueros de niños controles seronegativos sin infección por DENV. **Resultados.** Con los datos derivados en la atención clínica los pacientes fueron agrupados siguiendo la clasificación por síntomas de la OMS-2009 (DSSA/DCSA/DG). Todos los casos de dengue tuvieron altos niveles de leucotrieno-B4, histamina quimasa y triptasa mastocitarias comparadas con los controles. Los niños con DCSA presentaron altos niveles de leucotrieno-B4 e Histamina, mientras que los casos DG tuvieron niveles séricos superiores de quimasa y triptasa asociados a mayor severidad siendo estadísticamente significativos. **Conclusiones.** Se encontró una importante asociación de leucotrienos e histamina con los síntomas de alarma en la población pediátrica con dengue, así como mayores niveles de proteasas mastocitarias asociadas a la severidad, lo cual sugiere una participación mastocitaria en la gravedad del dengue infantil. Se plantean estos productos inflamatorios como posibles biomarcadores y objetivos terapéuticos de inmunomodulación para reducir complicaciones en dengue pediátrico.

O-115

Encuesta de la capacidad de vigilancia epidemiológica de la enfermedad neumocócica invasiva en Colombia: ¿una desigualdad regional?

Moreno-Mejía V, Camacho-Moreno G, Leal-Castro A, Patiño-Niño J, Vasquez P, Gutiérrez I, Londoño J, Álvarez-Olmos I, Mariño C, Espinosa F, Rojas J, Arango-Ferreira C, Trujillo M, Díaz-Díaz A, Suárez M, López-Medina E, López P, Coronell W, Chaucanez Y, Mendoza L, Romero A, Toro J, Guerrero-González M, Ramos N, Sosa L, Arias A, Barrero R, Restrepo-Cedeño A, Montañez A. Red neumocolombia, Universidad Nacional de Colombia, HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia, Hospital San Rafael de Facatativá. Fundación Valle del Lili, Clínica Infantil Colsubsidio, Fundación Cardioinfantil-Instituto de Cardiología, Hospital Militar Central, Hospital Infantil Universitario de San José, Fundación Clínica Infantil Club Noel - Universidad del Valle - Universidad Libre Seccional Cali, Hospital Universitario San Vicente Fundación, Hospital Pablo Tobón Uribe, Hospital General de Medellín - Hospital Pablo Tobón Uribe, Unidad de Servicio de Salud Tunal - Hospital Universitario San Ignacio, Centro Médico Imbanaco, Hospital Universitario del Valle, Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja, Hospital Los Ángeles de Pasto, Grupo Clínica Médicos Valledupar, Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo, Clínica Medilaser, Hospital Universitario Erasmo Meoz, Los Cobos Medical Center, Red neumocolombia, Clínica Medical Duarte, Los Cobos Medical Center. Unidad de Servicios de Salud Santa Clara - Hospital Universitario Clínica San Rafael. Bogotá.
neumocolombia@gmail.com

Introducción. La enfermedad neumocócica invasiva (ENI) causa alta morbilidad y mortalidad en pediatría. El 79% de aislamientos de neumococo reportados para vigilancia provienen del 41% de la población del país. Este reporte describe la capacidad de hospitales participantes, de dos regiones en vigilancia, de ENI en Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio transversal de encuestas en instituciones de la Red neumocolombia. Se describen dos regiones: Bogotá, Medellín y Cali (Grupo A) y Cartagena, Cúcuta, Neiva, Pasto, Facatativá y Valledupar (Grupo B). Se presenta complejidad, servicios de microbiología e infectología, frecuencia de serotipificación y entrenamiento en vigilancia. Se presenta la información en estadística descriptiva **Resultados.** Participaron 22 instituciones, 15 en el Grupo A y 7 en el Grupo B. El Grupo A representa más hospitales privados (80% vs. 57%) y de mayor nivel de complejidad (III nivel 93% vs. 71%). En el Grupo B, solo uno no contaba con cuidado intensivo pediátrico y todos contaban con infectólogos pediatras. La proporción microbiológica propia fue mayor en el Grupo A (93% vs. 71%) con más disponibilidad de equipos automatizados (87% vs. 100%) y biología molecular (100% vs. 71%). El Grupo B tuvo una menor proporción de serotipificación (30% vs. 61%). Todos los microbiólogos recibían capacitación en vigilancia por parte de las secretarías de salud y el Instituto Nacional de Salud. **Conclusiones.** Los centros del Grupo B son menos complejos, algunos sin microbiología propia, con menor diagnóstico molecular y menor proporción de serotipificación. Se debe fortalecer la adherencia a la vigilancia epidemiológica en todas las regiones

O-116

Comportamiento epidemiológico de virus respiratorios, en menores de 5 años entre 2019 a 2022, en una institución pediátrica de referencia.

Chaparro D, Li-Zeng D, Restrepo S, Villamil M, Manrique J, Alejo D, Cruz S, Quintero P, Camacho-Moreno G. Universidad El Bosque, Universidad Nacional de Colombia, HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia. Bogotá.
dliz@unal.edu.co

Introducción. El aislamiento preventivo por la pandemia Covid19 en Colombia alteró la epidemiología de la infección por virus respiratorios, esenciales de estudiar debido a su impacto en morbilidad y mortalidad en menores de 5 años. El objetivo es describir el comportamiento epidemiológico de la infección por virus respiratorios en menores de 5 años entre el 2019 a 2022 en un hospital pediátrico de referencia **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo en HOMI que utilizó pruebas de antígeno y PCR para identificar IRA por Adenovirus, VSR e Influenza analizando la prevalencia anual y grupo etario **Resultados.** De 2019 a 2022 se analizaron más de 21.688 pruebas de antígeno y PCR. En 2019 los virus circularon constantemente con picos en marzo-junio para VSR. Con el inicio de la pandemia, en marzo de 2020, se incrementó la circulación de todos los virus, especialmente, VSR. En 2021-2022 aumentó la circulación de todos los virus, con pico de Adenovirus julio-noviembre 2022 y VSR de marzo-julio 2022. Los casos de Covid-19 fueron bajos a comparación con otros virus. Los hombres tuvieron mayor incidencia de infecciones, pero no se logró significancia estadística. Los niños menores de 2 años fueron los más afectados, especialmente por VSR y Adenovirus, con un cambio en 2022 donde predominaron los pacientes de 2-5 años. **Conclusiones.** Las medidas de aislamiento, uso de tapabocas y lavado de manos son eficaces para reducir la transmisión de virus respiratorios. Se documenta que los patrones estacionales de los virus respiratorios han variado probablemente por las dinámicas de la pandemia, cuyos datos pueden ser una guía para el desarrollo de políticas de salud pública

O-117

Hallazgos histopatológicos placentarios y resultados neonatales tras la exposición intrauterina al virus del zika.

Mulkey S, Schwartz D, Andringa-Seed R, Corn E, Arroyave-Wessel M, Cure C, Debiasi R. Biomelab, Children's National Hospital. Washington.
sbmulkey@childrensnational.org

Introducción. La infección por el virus Zika (ZIKV) puede afectar gravemente al feto y al neonato. ZIKV tiene efectos adversos en la placenta. Hay pocos datos sobre la relación entre la patología placentaria y los resultados en el neurodesarrollo infantil. Para ello, se examinó la patología placentaria de una cohorte de madres embarazadas con infección del ZIKV que fue correlacionada con métricas de nacimiento y resultados clínicos. **Materiales y métodos.** En este estudio prospectivo se inscribieron pares materno-fetales

del Departamento de Atlántico en las que las madres tuvieron infección ZIKV sintomático y confirmado por laboratorio en el 1o o 2o trimestre de gestación. Se realizó el seguimiento de las pacientes durante el embarazo. Después del parto, se fijaron las placentas en formalina y se tomaron muestras. Los hijos nacidos entre el 2016-2017, no tuvieron el síndrome congénito por el ZIKV (SCZ) y han estado en seguimiento en serie hasta ahora. Un patólogo placentario experto revisó las muestras según los criterios de Amsterdam Placental Workshop Group. **Resultados.** 21/24 (87,5%) de los fetos tuvieron exposición al ZIKV en el 1o trimestre y 3/24 (12,5%) en el 2o. Todos los niños nacieron a término y tuvieron peso normal al nacer; 22 (92%) tuvieron índice ponderal normal. Todas las placentas (n=24) tienen ≥ 1 anomalía microscópica; 20 (87%) tienen hallazgos de malperforación vascular materna (MVM), 4 (17%) malperforación vascular fetal, y 2 (8%) corioamnionitis. **Conclusiones.** Las placentas de gestaciones afectadas por el ZIKV tienen patologías asociadas con resultados clínicos adversos. En nuestra cohorte no hay ninguna asociación entre MVM/FVM, el parto prematuro ni el retraso en el crecimiento fetal y neonatal.

O-118

Infección por *S. aureus* que requiere ingreso a Unidad de Cuidado Intensivo Pediátrico (UCIP): resultados preliminares de un estudio multicéntrico Staphylored Colombia 2023.

Gutiérrez-Tobar I, Díaz-Díaz A, Camacho-Moreno G, Pérez-Romero I, Londoño-Ruiz J, Camacho-Cruz J, Vásquez-Hoyos P, Andrade-Fernández J, Beltrán-Echeverry M, Carvajal C, Chaucanez-Bastidas Y, Luengas-Monroy M, Patiño-Niño J, Pérez-Camacho P, Araque-Muñoz P, Beltrán-Higuera S, Pardo-López Y, Jaimes-Sanabria M, Jaramillo-Estrada L, Toro-Maldonado J, Sandoval-Calle L. Clínica Infantil Santa María del Lago y Clínica Infantil Colsubsidio, Hospital General de Medellín, HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia, Universidad de los Andes, Fundación Universitaria de Ciencias de la Salud (FUCS). Department Of Pediatrics - Hospital Militar Central, Sociedad de Cirugía de Bogotá Hospital de San José, Universidad Finis Terrae, Hospital Infantil los Ángeles, Clínica del Country, Clínica Universitaria Colombia, Hospital San Rafael de Facatativá, Universidad Nacional de Colombia, Staphylored Latam, Clínica Medilaser, Centro de Investigaciones Clínicas - Fundación Valle del Lili. Bogotá. ivanfelipegutierrez@gmail.com

Introducción. Las infecciones por *S. aureus* pueden asociarse a complicaciones graves, incluyendo la muerte. Se describe la experiencia de una red nacional de infecciones por *S. aureus* en Colombia que ingresaron a la unidad de cuidado intensivo pediátrico (UCIP). **Materiales y métodos.** Estudio observacional, retrospectivo que incluyó a pacientes pediátricos con infección por *S. aureus* de once hospitales en siete ciudades de Colombia, entre enero y junio 2023 que ingresaron a UCIP. Se incluyeron datos demográficos, y clínicos. Se realizó un análisis descriptivo de las variables principales. **Resultados.** De 535 pacientes, 173 (32,3%) requirieron UCIP, 105 (60,6%) fueron de sexo masculino. La mediana de edad fue 2,2 años (RIQ: 0,3-10,6 años), 73 (42,2%) tenían menos de 12 meses, y 47 (27,2%) presentaba alguna comorbilidad; prematuridad, desnutrición (61,7%), y trastornos genéticos (42,5%) entre los más frecuentes. En 117 (67,6%) el origen fue comunitario. El 58,4% presentó dificultad respiratoria y 25,4% inestabilidad hemodinámica. 130 (75,1%) presentaron foco único, en estos casos, el diagnóstico más frecuente fue respiratorio 79 (60,7%). En pacientes de 5 a 12 años hubo mayor frecuencia de focos múltiples (39,47%). Los diagnósticos más frecuentes fueron: infección osteoarticular (IOA) más neumonía (17) e IOA más tejidos blandos (12). En total, 84 (48,5%) cursaron con bacteriemia, que fue más frecuente en menores de 1 año (54,8%). El 54% requirió intubación, y 17,9% CNAF. La mediana de estancia fue 11 días (RIQ, 6-22,2). 19 (11,0%) pacientes murieron. **Conclusiones.** Las infecciones graves por *S. aureus* se asocian a alta mortalidad. El compromiso respiratorio es el principal diagnóstico. De acuerdo a edad varía presentación y severidad. Staphylored LATAM contribuirá a describir curso clínico y factores de riesgo de casos graves en Colombia.

O-119

Características clínicas en niños con infecciones osteoarticulares agudas hematógenas por *Staphylococcus Aureus* sensible y resistente a la meticilina.

Hoyos-Orrego A, Herrera-Vargas J. Clínica Somer, Clínica Universitaria Bolivariana. Medellín. alvaromicro@hotmail.com

Introducción. El *Staphylococcus aureus* es el principal microorganismo causante de infecciones osteoarticulares en niños. El objetivo fue comparar características clínicas entre pacientes con infecciones osteoarticulares agudas hematógenas por *S. aureus* meticilino sensible/resistente (SAMS/SAMR).

Materiales y métodos. Estudio descriptivo en niños entre 1 mes y 15 años, con infecciones osteoarticulares agudas y hemocultivos positivos para SAMS/SAMR, atendidos en una clínica de Rionegro, Antioquia, entre enero de 2017 y julio de 2022. **Resultados.** Se incluyeron 20 pacientes con hemocultivos positivos para SAMS (n:10) y SAMR (n:10). Predominó la infección en hombres (60% vs. 60%) y la distribución etérea fue similar [6,70 (RIC 4,8 - 11,8) vs. 7,53 (RIC 1,91 - 11,29)]. La osteoartritis (50% vs. 80%) fue la presentación más común. El ingreso a cuidado crítico fue igual (50% vs. 50%), con menos días de estancia para casos de SAMS [5,00 (RIC 4,00 - 5,00) vs. 22,00 (RIC 7,00 - 25,00), p:0,057]. El número de pacientes con complicaciones fue mayor para casos de SAMS [6 (60%) vs. 4 (40%), p:0,653], pero el número de complicaciones fue mayor para casos de SAMR (13 vs. 7). Los valores de VSG [68 mm/h (DE \pm 31,36) vs. 69 mm/h (DE \pm 35,08)] y PCR al ingreso [21,40 mg/dL (DE \pm 9,96) vs. 17,80 mg/dL (DE \pm 9,98)] y el número de cirugías [3,50 (RIC 1,25 - 4,00) vs. 2,00 (RIC 1,25 - 4,50), p:0,969] fueron similares entre los grupos. **Conclusiones.** En los grupos evaluados la mayoría de las características clínicas fueron similares, excepto en la estancia en cuidado crítico y complicaciones en casos por SAMR.

O-120

Epidemiología y microbiología de las infecciones asociadas a dispositivos en una UCI cardiovascular pediátrica.

Montoya-Duque A, Roncancio-Villamil G, Guzmán M, Suárez S, Garcés C, Vanegas J, Vargas A, López-López L. Clínica Cardio Vid, Universidad Pontificia Bolivariana. Envigado. animontoya1@hotmail.com

Introducción. Las infecciones asociadas a dispositivos (IAD) en UCI cardiovascular pediátrica son un desafío mayor, poco estudiado y con falta de referentes en el medio. Este estudio evalúa la frecuencia de estas infecciones y el impacto de las estrategias preventivas en un programa de cirugía cardiovascular pediátrica. **Materiales y métodos.** Estudio observacional de cohorte retrospectiva en menores de 12 años con cardiopatías congénitas sometidos a cirugía cardiovascular entre 2010 y 2021 en la Clínica Cardio VID de Medellín, Colombia. Recolección de datos de historias clínicas, bases de datos y registros de laboratorio a través de WHONET. Se evaluó el impacto de diversas intervenciones preventivas utilizando un modelo de Poisson. **Resultados.** La incidencia de CLABSI fue del 4,7% (n=117), VAP del 1,4% (n=35) y CAUTI del 2,2% (n=56). Los microorganismos predominantes fueron *Klebsiella pneumoniae* en CAUTI, CLABSI y VAP. No se observó una reducción significativa en el riesgo de IAD con las intervenciones implementadas, aunque el baño seco diario con paños de clorhexidina al 2% mostró una disminución en el número de CLABSI. Los microorganismos más frecuentes en los Gram-negativos fueron *Klebsiella pneumoniae* (10%), *Escherichia coli* (5%) y *Acinetobacter baumannii* (4%); en los Gram-positivos fueron *Staphylococcus aureus* (7%), *Staphylococcus epidermidis* (9%) y *Enterococcus faecalis* (3%); y en los hongos *Candida albicans* y *Candida tropicalis*, representaron el 9% de los aislamientos. Los patrones de resistencia más encontrados fueron BLEE (4%) y KPC. **Conclusiones.** Se requieren estudios focalizados y continua investigación para abordar eficazmente la prevención de IAAS en grupos vulnerables de alta complejidad.

INFECTOLOGÍA EN ADULTOS

O-121

Características genómicas de *Campylobacter jejuni* asociados a gastroenteritis y sepsis en cuatro pacientes.

Vargas-Flórez M, Montañón L, Montilla-Escudero E, Duarte C, Rodríguez E. Instituto Nacional de Salud. Bogotá. mvgargasf@ins.gov.co

Introducción. La campilobacteriosis es una de las principales causas de gastroenteritis en el mundo. El *Campylobacter spp.*, resistente a los medicamentos, se encuentra como una amenaza "grave" para la salud pública que contribuye a 448.400 infecciones y 70 muertes cada año. El objetivo de este trabajo es describir las características genómicas de aislamientos de *Campylobacter jejuni* recuperados de infecciones humanas en cuatro pacientes. **Materiales y métodos.** Se realizó secuenciación de genoma completo mediante la

plataforma ONT (Oxford Nanopore Technologies) de cuatro aislamientos de *C. jejuni* remitidos al Grupo de Microbiología del Instituto Nacional de Salud (INS) y recuperados de materia fecal de tres pacientes con gastroenteritis de 2012, 2018 y 2023 de Antioquia, Bogotá y Valle y un aislamiento de un paciente con leucemia linfoblástica aguda recuperada de un hemocultivo de Bogotá de 2024. Se analizaron linajes con máxima verosimilitud y SNP, factores de virulencia (VFDB) y genes de resistencia a antibióticos (CARD). **Resultados.** El aislamiento de 2012 no mostró genes de resistencia, a diferencia de los otros tres aislamientos en donde se detectó resistencia in-silico a los betalactámicos (OXA-61), tetraciclinas (tetO) bomba de flujo multidroga (CmeABC), los ST de los cuatro aislamientos son nuevos no reportados previamente en repositorios. Los cuatro aislamientos tenían genes de virulencia asociados con adhesión (cadF) y los asociados con invasión (ciaB en todos los aislamientos y ciaC (solo en 2024). **Conclusiones.** Colombia carece de una vigilancia robusta para la campilobacteriosis. El hallazgo de cepas no reportadas resalta la necesidad de una vigilancia sostenible para intervenciones en salud pública por la asociación con síndrome de Guillain-Barré.

O-122

Caracterización clínica, perfil microbiológico y desenlaces de pacientes con colangitis aguda en un hospital universitario de alta complejidad en Bogotá, Colombia.

Díaz-Brochero C, García-Marmolejo J, Ordoñez-Blanco I, Leguizamón-Naranjo A, Vargas-Rubio R. Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá. candida_diaz@javeriana.edu.co

Introducción. La colangitis aguda continúa siendo una causa importante de mortalidad y morbilidad infecciosa intrahospitalaria. El objetivo del estudio es describir las características clínicas, perfil microbiológico y desenlaces de los pacientes con colangitis aguda llevados a CPRE. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de corte transversal, de pacientes con colangitis aguda llevados a CPRE, atendidos en el Hospital Universitario San Ignacio entre 2014 y 2022. Se analizó el perfil microbiológico de aislamientos bacterianos provenientes de hemocultivos y/o cultivos de líquido biliar. **Resultados.** Se incluyeron 327 pacientes. La mediana de edad fue 68 años (RIC 58-77). 175 (54%) fueron mujeres. La etiología fue obstructiva en 215 (66%) y tumoral en 112 (34%). 69 (21%) presentaron severidad Tokyo I, y 258 (79%) Tokyo II y III. Se evidenciaron 113/242 (46%) y 156/327 (47%) de aislamientos por hemocultivos y cultivo biliar, respectivamente. El principal microorganismo aislado fue *E. coli* 126/269 aislamientos (46%), de los cuales 8/126 (6,3%) corresponden a BLEE y 1/126 (1%) mostraron resistencia a al menos un carbapenémico. El segundo microorganismo fue *K. pneumoniae* 43/269 (16%), de los cuales 1/43 (2,3%) corresponden a BLEE y 13/43 (30%) mostraron resistencia a al menos un carbapenémico. La mortalidad intrahospitalaria fue de 27/327 (9%), 67 (20%) requirieron admisión a UCI y 51 (16%) soporte vasopresor. **Conclusiones.** La colangitis aguda es una patología infecciosa frecuente, especialmente, en ancianos con patología obstructiva. Su caracterización clínica y microbiológica es esencial para conocer la epidemiología local y optimizar los lineamientos de uso de antimicrobianos institucionales.

O-123

Caracterización clínica de pacientes adultos con infección neumocócica en un centro de alta complejidad del suroccidente de Colombia durante un periodo de 10 años.

Rosso-Suárez F, Vinueza D, Cerón-Ibáñez I, Medina-Cordero P, Galindes D, Rebollón-Sánchez D. Universidad ICESI. Fundación Valle Del Lili. Cali. frosso07@gmail.com

Introducción. *Streptococcus pneumoniae* es el responsable de un amplio espectro de enfermedades, desde formas no invasivas hasta invasivas graves. Este estudio detalla los perfiles clínicos y desenlaces como la mortalidad de infecciones neumocócicas en adultos en la Fundación Valle del Lili durante una década. **Materiales y métodos.** Análisis retrospectivo descriptivo de pacientes adultos diagnosticados con *S. pneumoniae* por cultivo y/o PCR multiplex entre 2013 y 2022. Se evaluaron variables demográficas, clínicas, de laboratorio, tratamientos y complicaciones. El estudio fue aprobado por el comité de ética institucional (2023.114). **Resultados.** De un total de 509 pacientes con aislamiento o detección de neumococo, se incluyeron 67 pacientes: 67,1% de sexo masculino, 71,6% con enfermedades crónicas, 98,5% no vacunados. Se encontraron 45 casos de enfermedad no invasiva, principalmente neumonía

(95,5%), y 22 de enfermedad invasiva, incluyendo meningitis (22,7%), bacteriemia (59,1%) y otros sitios estériles (18,2%). La resistencia a penicilina fue del 1,75% y a eritromicina y clindamicina del 28,12%. Todos fueron sensibles a ceftriaxona, vancomicina y trimetoprim-sulfametoxazol. El 92,5% fue hospitalizado, de los cuales, el 75,8% requirió UCI y el 6% falleció, con mayor mortalidad en pacientes de mayor edad (promedio de edad de fallecidos 76 vs 60 años) y en resistentes a eritromicina y clindamicina (22,2%). **Conclusiones.** Este estudio demuestra una baja cobertura de vacunación contra el neumococo y una elevada mortalidad asociada a la edad avanzada y la resistencia a eritromicina y clindamicina. Estos hallazgos enfatizan la urgencia de mejorar las estrategias de inmunización y la importancia de monitorear la resistencia antibiótica para optimizar los desenlaces clínicos de estos pacientes.

O-124

Duración de la terapia antibiótica posterior a drenaje exitoso por colangiopancreatografía retrógrada endoscópica en adultos con colangitis aguda: estudio de cohortes retrospectivo.

Díaz-Brochero C, García-Marmolejo J, Ordoñez-Blanco I, Leguizamón-Naranjo A, Vargas-Rubio R. Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá. candida_diaz@javeriana.edu.co

Introducción. La colangitis aguda continúa siendo una causa importante de mortalidad y morbilidad infecciosa intrahospitalaria, especialmente, en pacientes ancianos y con múltiples comorbilidades. Aún existe controversia acerca de la duración óptima del tratamiento tras el drenaje biliar en estos pacientes, especialmente, en aquellos con colangitis aguda. El objetivo de este estudio es comparar la efectividad del tratamiento antibiótico corto frente al convencional tras el drenaje biliar exitoso mediante colangiopancreatografía retrógrada endoscópica (CPRE) en pacientes adultos con colangitis aguda. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte analítico retrospectivo de pacientes con colangitis aguda atendidos en un hospital de cuarto nivel de Bogotá, Colombia, entre 2014 y 2022. La terapia antibiótica corta se definió como ≤ 4 días después del drenaje exitoso post-CPRE. El desenlace primario fue un compuesto de mortalidad intrahospitalaria, ingreso a UCI y readmisión hospitalaria 30 días después del alta. Se realizó un modelo de regresión logística univariada y multivariada para evaluar factores de riesgo asociados al desenlace primario compuesto. **Resultados.** Se incluyeron 317 pacientes. *E. coli* fue el microorganismo más frecuentemente aislado independientemente de la gravedad. 59 pacientes recibieron terapia corta (18,6%) y 258 terapia convencional (81,4%). No hubo diferencias significativas en el desenlace primario entre ambos grupos (30,5% en terapia corta vs 29,8% en terapia convencional; p: 1). La gravedad Tokyo III y la resistencia a carbapenémicos fueron factores de riesgo para el desenlace primario (OR 32,07; IC 95%: 11,84-113,16) y (OR 4,07; IC 95%: 1,02-16,96) respectivamente. **Conclusiones.** Los ciclos cortos de antibióticos post CPRE son una opción terapéutica en pacientes con colangitis aguda.

O-125

Impacto de las bacterias orales en la integridad y viabilidad de la barrera hematoencefálica: explorando el eje bacterias orales-cerebro.

Castillo Y, Velandia-Romero M, Calderón-Peláez M, Gallart-Palau X, Serra A, Castillo D, Lafaurie G. Head Of +pec Proteomics Research Group (+pprg); University Of Lleida (udl), Grupo de Virología - Unidad de Investigación Básica Oral-uibo - Vicerrectoría de Investigaciones - Universidad El Bosque. Bogotá. castilloyormaris@unbosque.edu.co

Introducción. Los procesos proinflamatorios e infecciosos orales se han vinculado con el desarrollo de demencias como la enfermedad de Alzheimer. Este estudio evalúa cambios en el endotelio de microvasculatura del cerebro inducidos por *Porphyromonas gingivalis* y *Fusobacterium nucleatum*. **Materiales y métodos.** Estudio experimental *in vitro*. Se cultivaron células de microvasculatura de cerebro de ratón (MBEC), 20.000 células/pozo se estimularon con *F.nucleatum* MOI 12,5; 25 y 50 a 1, 3 y 6 horas ó *P.gingivalis* MOI 50, 100 y 200 durante 6, 12 y 24 horas, se evaluó fenotipo por microscopía de luz invertida. En experimentos independientes se evaluó la actividad esterasa de MBEC empleando el kit Calcein,AM (Invitrogen™). Se evaluó la muerte celular por detección de caspasa 3 e integridad de proteínas de barrera en un modelo endotelial por inmunofluorescencia para ZO-3. Los experimentos se realizaron por cuadruplicado en tres experimentos independientes. Los datos se analizaron con ANOVA de doble vía empleando GraphPad Prism 8.0.1. **Resultados.** *F.nucleatum* a MOI 50 y 100 reduce la viabilidad de MBEC significativamente

con respecto al control a 6 horas ($p < 0,00001$). Así mismo, induce cambios de fenotipo de MBEC y altera proteínas de unión estrecha. *P.gingivalis* a MOI 200 reduce al 50% la viabilidad de MBEC a 24H post estímulo e induce hiperfosforilación de ZO-3 sin cambios perceptibles en el fenotipo celular. **Conclusiones.** *F.nucleatum* y *P.gingivalis* reducen la viabilidad de células MBEC *in vitro*. *P.gingivalis* induce muerte celular y *Fusobacterium* altera la integridad de barrera de un modelo endotelial. Esta cooperación microbiana entre bacterias es lo que *in vivo* podría explicar las alteraciones en barrera hematoencefálica

O-126

Unveiling a broader STI spectrum: the advantages of multiplex PCR for Transgender women's health.

Martínez-Valencia A, Ramírez-Ayala J, García-Luna J, Silva-Peña S, Hurtado J, Aguirre-Martínez L, Smith A, Radolf J, Salazar J. Cideim, Oxford University, Connecticut Children's. Cali.
jdramirez@cideim.org.co

Introduction. Transgender women (TGW) are highly vulnerable to sexually transmitted infections (STI). In Colombia there exists a lack of research on STI prevalence. We conducted a transversal study in Cali, Colombia to assess STI frequency and etiology in TGW comparing dual and multiplex PCR-diagnostic methods across various sample types **Materials and methods.** TGW were enrolled from the community. Oropharyngeal and anorectal swabs were obtained and pooled for each patient and also tested using a dual assay for *Chlamydia trachomatis* (CT) and *Neisseria gonorrhoeae* (NG), and a multiplex assay for CT, NG, *Mycoplasma genitalium* (MG), *Mycoplasma hominis* (MH), *Ureaplasma urealyticum* (UU), *Trichomonas vaginalis* (TV), *Haemophilus ducreyi* (HD), *Treponema pallidum* (TP), *Herpes simplex 1* (HS1) and *Herpes simplex 2* (HS2). Data were collected in Redcap for descriptive analysis **Results.** Between May and October 2023, samples from 50 TGW were collected. 10/50 (20%) were positive for CT, 8/50 (16%) for NG and 5/50 (10%) for both bacteria, by both methods. Among these samples, 17/23 (74%) were positive for one to four additional pathogens by the multiplex assay. Among samples negative for CT/NG, 15/27 (53%) were positive for one to three different pathogens. Only 25/38 (66%) of the participants with STI diagnosis were symptomatic **Conclusions.** There is an extreme burden of STI in TGW in Cali, Colombia. The multiplex assay facilitated the diagnosis of additional pathogens in the same samples used for the dual assay, detecting asymptomatic infections and having the potential to impact treatment decisions. These findings emphasize the need for expanded STI screening and advanced diagnostics in TGW populations.

ITS

O-127

Etiología de la proctitis asociada a infecciones de transmisión sexual (ITS), en hombres que tienen sexo con hombres (HSH).

Estrada-Mesa S, Sánchez-Zapata P, Arango-Pérez C, Salazar-Cárdenas K, López-Jaramillo C. Clínica Cardio Vid, Laboratorio Clínico Vid. Medellín.
santiago52@gmail.com

Introducción. La proctitis infecciosa (PI), transmitida sexualmente, es un proceso inflamatorio del recto. Objetivo: conocer la etiología de la PI causada por microorganismos transmitidos sexualmente entre hombres que tienen sexo con hombres (HSH). **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo realizado en el Laboratorio Clínico VID en la ciudad de Medellín durante el periodo del 2022 a 2024 en pacientes HSH, que consultaron por dolor rectal, con o sin secreción. A todos se les realizó PCR múltiple para ITS. **Resultados.** Se estudió un total de 71 pacientes con proctitis y diagnóstico de ITS. El promedio de edad de los pacientes fue de 26 años. Los microorganismos identificados en orden de frecuencia fueron: *Chlamydia trachomatis* (L1-L3): 20, *Neisseria gonorrhoeae*: 17, *Chlamydia trachomatis* (A-K): 8, *Herpes simplex-2*: 8, *Mycoplasma genitalium*: 3, *Herpes simplex-1*: 3 y *Treponema pallidum*: 2. También se identificaron las siguientes infecciones mixtas: *C. trachomatis* (L1-L3) más *H.simplex-2*: 6; *N. gonorrhoeae* más *M. genitalium* más *C. trachomatis* L1-L3: 1; *C.trachomatis* (L1-L3) más *M.genitalium*: 1; *N.gonorrhoeae* más *T. pallidum*:1; *C. trachomatis* (L1-L3) más *N. gonorrhoeae* más *H.simplex-2*:1. **Conclusiones.** *C. trachomatis* (L1-L3) fue el microorganismo más diagnosticado. A diez pacientes se les diagnosticó más de un microorganismo en la misma muestra, resultado clave que no hubiera sido posible con los métodos tradicionales. La PCR múltiple puede detectar hasta 9 microorganismo diferentes simultáneamente.

INFECTOLOGÍA ADULTOS

O-128

Impacto en infecciones del torrente sanguíneo de accesos vasculares centrales (ITS-AC) secundario a implementación de la desinfección pasiva de puertos libres de aguja en un hospital de IV nivel.

Pallares-Gutiérrez C, Barrero A, Vente E. Universidad El Bosque, Clínica Imbanaco Grupo Quironsalud. Cali.
icako@hotmail.com

Introducción. Las infecciones del torrente sanguíneo de accesos vasculares centrales (ITS-AC) son frecuentes, principalmente, por la contaminación intraluminal de los puertos del acceso al catéter durante el mantenimiento. Aunque se conoce la importancia de desinfectar los puertos, el cumplimiento no supera 30%. Existen dos métodos de desinfección: activa (fricción con isopañín) y pasiva (tapas desinfectantes); la desinfección pasiva reduce hasta 80% las ITS-AC comparada con la activa, pero en Colombia no es frecuente. Este estudio quiso evaluar el impacto de ITS-AC secundario a la implementación de desinfección pasiva en un hospital de IV nivel. **Materiales y métodos.** Estudio observacional cuasixperimental. Se implementó la desinfección pasiva para el mantenimiento de accesos vasculares centrales de inserción central (CVC) y central de inserción periférica (PICC-línea media). Se evaluó la adherencia al cumplimiento de buenas prácticas en inserción y mantenimiento. Se calcularon adherencia a desinfección activa versus pasiva y las tasas de ITS-AC antes versus después de implementación de desinfección pasiva. Se compararon los datos usando estadística no paramétrica. **Resultados.** Se evaluó 1 año antes y después de la intervención. Adherencia a desinfección pasiva 2,5 veces mayor comparada con activa (23% versus 81%; $p < 0,05$). Tasa de ITS-AC antes de implementación 2,0 casos x 1.000 días catéter y después 0,65 casos x 1.000 días catéter ($p < 0,05$); reducción 62,5% de incidencia de ITS-AC. Cumplimiento a buenas prácticas en la inserción y mantenimiento antes y después de intervención sin cambios significativos (96,7% versus 97,2%; $p = 0,89$). **Conclusiones.** Implementar desinfección pasiva logra reducir >50% incidencia de ITS-AC y garantizar adherencia al cumplimiento de desinfección de los puertos del acceso vascular, factor de riesgo más importante en contaminación intraluminal para ITS-AC.

PROA - OTROS TÓPICOS

O-129

Análisis descriptivo de la tamización de pacientes colonizados por Enterobacteriales productores de carbapenemasas en una institución de cuarto nivel de complejidad: años 2017-2023.

Josa D, Trujillo P, Martínez D, Pescador A, Hurtado L, Leal R, Benavides R, Montaña D, Silva-Monsalve E, Osorio J, Hernández P, Torres I, Cortes F. Clínica Shaio. Bogotá.
diego.josa@shaio.org

Introducción. Los cultivos de vigilancia epidemiológica son importantes en la detección de portadores de enterobacteriales productores de carbapenemasas (EPC). Nuestro objetivo fue realizar un análisis descriptivo epidemiológico del comportamiento de EPC aislados en muestras de hisopado rectal. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de corte transversal. Se analizaron los datos recolectados durante el periodo 2017 a 2023 de muestras de hisopados rectales colectados para la detección de EPC y procesados por diferentes metodologías de tamización (agares cromogénicos y nefelometría láser) en pacientes que ingresaron por urgencias y pacientes de la Unidad de Cuidados Intensivos (UCI). **Resultados.** En el año 2017 inició la tamización rectal con agares cromogénicos, 2119 muestras y positividad 3%. En el año 2018, 2.421 muestras, positividad 3,4%. Se implementa nefelometría láser unida a inmunocromatografía en 2019, (2.646 muestras, positividad 2,4%) y 2020 (2.149 muestras, positividad 2%); debido a la pandemia causada por el COVID-19 se implementa la toma de muestras en UCI. En el año 2021, se toman 2893 muestras con positividad 4,8 %, incidencia 75% de EPC KPC, y 20% coproducción KPC-NDM. Para el año 2022, 3.095 muestras, con positividad 4,7%. Año 2023, 4.870 muestras de urgencias y 4.870 de UCI, positividad 6,1 %, en el cual se observó aumento considerable de coproducciones KPC-NDM en 54% y KPC 38%. **Conclusiones.** La Fundación Clínica Shaio es pionera en estrategias de tamización rectal. Se observó un aumento significativo de microorganismos productores de carbapenemasas y principalmente de coproducciones desde el año 2023. Es de vital importancia realizar cultivos de tamización rectal para detectar pacientes portadores de EPC para el aislamiento oportuno de pacientes.

O-130**Características y desenlaces asociados a la bacteriemia por enterobacterias resistentes a carbapenémicos en pacientes con cáncer.**

López M, Carvajal A, De-León A, Chavarro M, Galeano S, Omaña L.
Fundación CTIC, Grupo Keralty, Bogotá.
mjlopezun@hotmail.com

Introducción. La bacteriemia por enterobacterias resistentes a carbapenémicos (ERC) es causa de morbimortalidad en la población oncológica. Describimos las características y desenlaces de pacientes adultos con bacteriemias por ERC de una institución oncológica en Bogotá. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva. Se incluyeron todos los pacientes con hemocultivos positivos para ERC entre marzo de 2023 y abril de 2024. Se analizaron variables demográficas, días de estancia y mortalidad. **Resultados.** Se obtuvieron 54 aislamientos de ERC en 52 bacteriemias (2 polimicrobianas) en 42 pacientes. 59,52% de sexo masculino con edad promedio de 57 años (DE 17,6 años), 54,76% tenían tumores sólidos (39,13% gastrointestinal) y 45,24% hematológicos (63,16 % leucemias agudas). El 44,44 % se asoció a neutropenia (promedio 84,48 cel/mm³ DE 144,37), en 92,59 % se tenía tamizaje previo (hisopado rectal) con 91,84% de positividad (mediana de 13 días DE 36,31). Los principales microorganismos aislados fueron *Klebsiella pneumoniae* (77,78%) y *Escherichia coli* (18,52%). El patrón de resistencia más frecuente fue serincarbapenemasas (KPC 48,15% y serincarbapenemasa no especificada 20,37%) y coexpresión KPC-NDM 20,37%. Los focos más frecuentes fueron la bacteriemia primaria (35,18%), el tracto gastrointestinal (14,82%) y el urinario (14,82%). La estancia hospitalaria promedio fue 28,50 días (DE 21,56), 87 % recibió terapia efectiva con una media al inicio de un día (DE 1,97). La mortalidad atribuible, a 30 días y 90 días fue del 27,27%, 45,45% y 52,27%, respectivamente. **Conclusiones.** La mortalidad por bacteriemias por ERC es alta a pesar del inicio temprano de terapia efectiva. Se encontró una alta colonización previa y un alto porcentaje de coexpresión KPC-NDM.

O-131**Herramienta sistematizada como parte de un Programa de Optimización de Uso de Antimicrobianos (PROA) de última generación: desde su desarrollo e implementación hasta datos de impacto en gestión en una clínica pediátrica en Bogotá, Colombia.**

Gutiérrez-Tobar I, Bravo-Ojeda J, Hernández M, Londoño-Ruiz J, Álvarez-Moreno C. Clínica Infantil Santa María del Lago y Clínica Infantil Colsubsidio, Clínicas Colsanitas, Bogotá.
ivanfelipegutierrez@gmail.com

Introducción. Los Programas de Optimización de Antimicrobianos (PROA) constituyen una herramienta para combatir la resistencia. Las limitaciones de tiempo, recursos e incapacidad para análisis en tiempo real representan una barrera. Presentamos el desarrollo, implementación e impacto de un PROA sistematizado. **Materiales y métodos.** Usando diferentes herramientas (incluyendo Chat GPT, PHYTON, R-studio, Google apps-script) se creó código y programación para realizar análisis automáticos, retroalimentación en tiempo real y generación de indicadores. Usando Data Studio se crearon tableros de visualización para análisis del PROA y retroalimentación a prescriptores. **Resultados.** Se crearon 15 tableros para análisis en tiempo real de la gestión del PROA. Se incluyeron: análisis diario de prescripciones con evaluación automática acorde a guías locales, seguimiento de indicadores, antibióticos por servicio, de amplio espectro (AE) y de vía oral. Se crearon 3 tableros para la toma de decisiones al clínico: IVU y peritonitis, que acorde a diagnóstico, vía, y día de hospitalización, emite recomendaciones de antibióticos, paso a vía oral, días de hospitalización, posibilidad de alta o PHD. Un tercer tablero de prescripción diaria llamado “¿Cómo prescribir?” para el análisis inmediato de prescripción. Se instauró una retroalimentación automática por correo que envía un mensaje automático al líder PROA sobre el uso de AE y automatización de indicadores individuales para prescriptores (adherencia, percentil de prescripción). Se crearon sitios web para centralizar información de educación y análisis. Se alcanzó a hacer el análisis del 100% de las prescripciones e indicadores en tiempo real. **Conclusiones.** La sistematización optimiza el tiempo del PROA y permite generar herramientas para análisis y retroalimentación en tiempo real. Facilita la realización de intervenciones dirigidas. Constituye una herramienta replicable y escalable.

O-132**Sistematización de WHONET con Python para el análisis de aislamientos microbiológicos en Infecciones del Tracto Urinario (IVU) en Pediatría: integración al Programa de Optimización de Uso de Antimicrobianos (PROA) para la optimización de las recomendaciones.**

Gutiérrez-Tobar I, Londoño-Ruiz J, Bravo-Ojeda J. Clínica Infantil Santa María del Lago y Clínica Infantil Colsubsidio, Bogotá.
ivanfelipegutierrez@gmail.com

Introducción. WHONET es un software de gestión de aislamientos microbiológicos. La integración de su análisis oportuno a un Programa de Optimización de Antimicrobianos (PROA) contribuye a la toma de decisiones. Se describe el uso de código en Python para sistematizar el análisis de WHONET y para facilitar su integración en la toma de decisiones en las recomendaciones de tratamiento de IVU. **Materiales y métodos.** Se usaron archivos de Excel de WHONET de 2017 a 2023, y mediante Chat GPT 4.0, se desarrolló código en Python para análisis agrupado por: meses, años, grupos de edad, evento (episodio de IVU en 72 horas) y patrones de resistencia. Se describieron perfiles fenotípicos de resistencia y se emitieron recomendaciones basadas en hallazgos. Se utilizó el método de Bortman para construcción de canales endémicos por fenotipos de resistencia de 2017 a 2023. **Resultados.** Se analizaron 8.911 cultivos microbiológicos y 4972 eventos de IVU. Se identificó en 1.709 (41,7%) Betalactamasa de espectro ampliado (BLEA), fenotipo natural en 976 (23,8%), hiperpresión en 846 (20,6%), solo cefazolina resistente en 316 (7,7%), BLEE en 140 (3,4%), e hiperpresión con cefuroxima resistente en 43 (1,0%). En fenotipo BLEA, 61,15% fueron sensibles a Cefazolina, en fenotipo BLEE, 32,03% (41 eventos) fueron sensibles a TMP-SMX y 96,40%. Se crearon canales endémicos para BLEA, hiperpresión y BLEE para seguimiento en 2024. Se dan recomendaciones de uso de cefuroxima en urosepsis, no se indica ceftriaxona, se optimiza uso de amikacina en BLEE y se individualiza TMP-SMX como ahorrador de carbapenémicos. **Conclusiones.** Sistematizar el análisis de WHONET acorde a las necesidades locales permite incorporación de nuevas recomendaciones y facilita seguimiento a variación en fenotipos.

O-133**Impacto de un Programa de Optimización de Uso de Antimicrobianos (PROA) en una unidad neonatal de mediana complejidad en Medellín, Colombia.**

Mesa-Monsalve J, Montoya-Taborda M, Lopera-Garcés C, Heredia M. Clínica las Américas Auna, Medellín.
jgmesa1981@yahoo.com

Introducción. Los Programas de Optimización de Antimicrobianos (PROA) son ampliamente usados para mejorar el desenlace clínico de los pacientes impactando, de forma positiva, en el uso de antimicrobianos y en el desarrollo de resistencia bacteriana. Las unidades de atención a recién nacidos son un foco importante. En este grupo poblacional el uso de antibióticos suele ser más liberal pues tienen resultados clínicos más desfavorables y la diferenciación entre enfermedad bacteriana y no bacteriana es más difícil. El objetivo de este estudio es mostrar el impacto de un PROA en una unidad neonatal de mediana complejidad en la ciudad de Medellín. **Materiales y métodos.** Evaluar los resultados del PROA entre octubre de 2017 y diciembre de 2023 haciendo rondas semanales de antibióticos por un equipo conformado por un pediatra infectólogo y un químico farmacéutico. Se hizo retroalimentación inmediata, al equipo tratante, sobre los hallazgos y se hizo seguimiento a métricas de interés para el programa. **Resultados.** Al comparar los resultados observados, al inicio de la estrategia, con los vistos en el último semestre evaluado, el porcentaje de pacientes con antibióticos pasó del 28,6% al 13,2%. El uso adecuado de antibióticos aumentó del 45,8% al 94,4%. Con respecto a la adherencia a la guía nacional de sepsis neonatal se observó un aumento del 66,7% al 100%. **Conclusiones.** Los PROA son una estrategia fundamental en el objetivo de mejorar el uso de antibióticos y minimizar el desarrollo de resistencia bacteriana.

O-134**Optimización de la actividad biológica de péptidos derivados de la lactoferrina bovina: conjugación con motivos no proteicos como estrategia.**

Castellar-Almonacid D, Barragán-Cárdenas A, Franco-Zambrano D, Maldonado-Sanabria L, García-Castañeda J, Rivera-Monroy Z, Fierro-Medina R, Parra C. Universidad Nacional de Colombia. Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá.
lmaldonados@unal.edu.co

Introducción. En el presente estudio se determinó el efecto de la incorporación de diferentes moléculas con propiedades específicas como lo son: sondas fluorescentes (Rodamina B), AINES (Naproxeno e Ibuprofeno) y derivados del Ferroceno, sobre la actividad antibacteriana/citotóxica del péptido antimicrobiano promisorio RWQWRWQWR-NH₂. **Materiales y métodos.** Los péptidos fueron sintetizados por SPPS (estrategia Fmoc/tBu) luego fueron purificados por RP-SPE y caracterizados mediante RP-HPLC y LC-MS. Se llevaron a cabo ensayos de actividad antibacteriana en la cepa de referencia *Escherichia coli* ATCC 25922 *in vitro* siguiendo las guías CLSI, determinando la concentración mínima inhibitoria y la concentración mínima bactericida mediante el método de microdilución en caldo. La actividad citotóxica se evaluó mediante el ensayo de viabilidad celular MTT sobre las líneas derivadas de cáncer MCF-7 y HeLa. **Resultados.** La conjugación de la secuencia palindrómica con Naproxeno, Ibuprofeno o la sonda fluorescente Rodamina B, fueron sintéticamente viables por SPPS. En cuanto a la actividad biológica se observó que tanto la Rodamina B como los conjugados con AINES aumentan la actividad de la secuencia palindrómica. En las líneas celulares MCF-7 y HeLa se determinaron IC₅₀ menores a 200 µg/mL para las moléculas conjugadas, lo cual puede explicarse por posibles interacciones con dianas adicionales en la célula, además de cambios en la hidrofobicidad de la secuencia. **Conclusiones.** La incorporación de AINES y de moléculas fluorescentes puede modular positivamente la actividad biológica del péptido palindromo y en el caso de la sonda Rodamina B permite obtener conjugados que no pierden la actividad y son útiles como herramientas bioanalíticas.

O-135

Evaluación antimicrobiana de silicofosfatos de sodio calcio dopados con cobre contra *Staphylococcus aureus* y *Staphylococcus epidermidis* en tejido óseo.

Villada-Ramos J, Lora-Suárez F, Aguillón-Osma J, Loango-Chamorro N, Rincón-López A, Manuel-Alvarado J. Universidad del Quindío, Dinso-mx. Armenia.
johanvilladaramos@gmail.com

Introducción. Los biocerámicos son esenciales en la regeneración ósea debido a su biocompatibilidad y bioactividad, destacando los silicofosfatos de sodio calcio por sus propiedades de osteoconducción, osteoinducción y angiogénesis. *Staphylococcus aureus* y *Staphylococcus epidermidis* son patógenos comunes que causan osteomielitis, que complica la formación ósea. La investigación evaluó la actividad antimicrobiana de biocerámicos de silicofosfatos de sodio calcio dopados con cobre contra *S. epidermidis* y *S. aureus* controlando la liberación de iones de cobre. **Materiales y métodos.** Los biocerámicos fueron desarrollados y suministrados a la investigación por DINSO-MX (BH-VET® y AH-BONE®). Por otra parte, las cepas bacterianas fueron donadas por CMUQ. Se prepararon biocerámicos a una concentración de 200 mg/ml. Las muestras se incubaron a 37°C durante 2, 4 y 6 días. Se evaluó la actividad a través del método de Kirby Bauer y dilución en placa. **Resultados.** Para *S. aureus*, los biocerámicos base silicofosfatos de sodio calcio dopados con 5% CuO, mostraron una mayor inhibición del crecimiento microbiano alcanzando un 47,4 % a los 2 días y con un 82,1 % de inhibición a los 6 días. En *S. epidermidis* el biocerámico con 5% CuO también destacó a los 6 días con una inhibición del 88,7 %, superando incluso al antibiótico con 85,7 %. Los biocerámicos con 10% CuO y sin CuO mostraron inhibiciones menores. **Conclusiones.** Los biocerámicos a base de silicofosfatos de sodio calcio dopados con CuO tienen potencial como agentes antimicrobianos. El biocerámico con 5% CuO exhibió la mayor inhibición del crecimiento bacteriano para ambas cepas bacterianas después de 6 días de incubación.

O-136

Bacteriófagos con actividad preferencial contra cepas patogénicas de *E. coli* del filogrup B2, productoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEE).

Salazar-Ospina L, Tellez-Carrasquilla S, Jiménez-Quiceno N. Grupo de investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA), Escuela de Microbiología - Universidad de Antioquia. Medellín.
lorena.salazar@udea.edu.co

Introducción. *E. coli* productora de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) es considerada una amenaza seria desde la perspectiva *One Health*. El uso de bacteriófagos líticos ha resurgido como una alternativa de control para estos microorganismos. Este trabajo describe la caracterización y evaluación

de bacteriófagos líticos contra este patógeno. **Materiales y métodos.** Estudio experimental. Los bacteriófagos se aislaron a partir de muestras de agua residual. La caracterización de los bacteriófagos incluyó: rango de hospedero, eficiencia de plaqueo, curva de infección, curva de un paso, estabilidad de los bacteriófagos (a diferentes condiciones de temperatura y pH), microscopía electrónica y secuenciación del genoma completo. **Resultados.** Se aislaron 7 bacteriófagos activos contra *E. coli*, productora de BLEE, con una especificidad de género del 100%. Los bacteriófagos presentaron un rango de hospedero estrecho (1 al 10%) y los cócteles mostraron un aumento en la actividad hasta un 14,9%. Interesantemente, se observó una actividad preferencial contra el 65% (n=13) de los aislados del filogrup B2 productores de BLEE. Los bacteriófagos individuales y en combinación inhibieron el crecimiento bacteriano en un 64,8% y 75,3%, a una multiplicidad de infección de 0,1 y 0,01 respectivamente, durante 12 horas. Además fueron estables a temperaturas entre 4°C y 50°C y a pH entre 4 y 12. Adicionalmente, por microscopía electrónica, se demostró que estos bacteriófagos pertenecían a la clase de los Caudoviricetes. **Conclusiones.** Los cócteles de bacteriófagos aislados presentan alta actividad contra *E. coli* -BLEE del filogrup B2, lo que muestra su potencial aplicación para el control de este filogrup considerado patógeno. MINCIENCIAS 111589785393.

POSTERS

VIROLOGÍA CLÍNICA

P-001

Concordancia en la detección de los virus influenza A, influenza B y rhinovirus mediante RT-qPCR en muestras pareadas de hisopado nasofaríngeo y saliva.

Diaz M, Bueno N, Lozano-Parra A, Niederbacher J, Niño D, Chaparro W, Herrera V, Machuca M, Sosa-Avila L. Universidad Industrial de Santander. Bucaramanga.
lumisosa@gmail.com

Introducción. Las infecciones causadas por los virus Influenza A (FluA), Influenza B (FluB) y Rhinovirus (HRV) constituyen una importante causa de morbilidad. El objetivo es estimar la prevalencia de estos virus en casos de infecciones respiratorias agudas (IRA) y establecer la concordancia en la detección de estos virus mediante RT-qPCR en muestras pareadas de hisopado y saliva. **Materiales y métodos.** Se incluyeron a participantes de Bucaramanga con síntomas de infección respiratoria aguda. Se realizó la toma de muestra pareada entre marzo y octubre del 2023. Se realizó extracción de ácidos nucleicos y la detección de FluA, FluB y HRV mediante RT-qPCR. Se incluyó, como control la amplificación, el gen RNaseP y, como controles positivos para la RT-qPCR. Se estimó el coeficiente kappa de Cohen para evaluar la concordancia de los resultados entre las dos muestras en un mismo paciente. **Resultados.** Se incluyeron 164 participantes (mediana edad 9,0 años [RIC: 21], hombres: 59,15%). Se observó una prevalencia de FluA en el 17,1% (IC95%: 11,7-23,7), de FluB en el 15,9% (IC95%: 10,6-22,4) y de HRV en el 16,5% (IC95%: 11,1-23,0). Se encontró coinfección entre FluA y FluB en el 3,6% (IC95%: 1,3-7,7). Se estimó un coeficiente kappa de Cohen de 0,80 (IC95%: 0,65-0,96), 0,82 (IC95%: 0,67-0,97) y 0,71 (IC95%: 0,55-0,86) para FluA, FluB y HRV, respectivamente. **Conclusiones.** Se observó una buena concordancia entre HNF y saliva para la detección de FluA y FluB. En contraste, la concordancia de HRV fue un poco menor. La muestra de saliva podría ser útil para diagnóstico rápido no invasivo de FluA, FluB y HRV.

P-002

Circulación diferencial de especies y genotipos/clados de rinovirus en el periodo de pandemia y post pandemia de COVID-19.

Chaparro-Pico W, Bueno N, Díaz M, Lozano-Parra A, Niederbacher J, Niño D, Herrera V, Machuca-Pérez M, Sosa-Avila L. Universidad Industrial de Santander. Bucaramanga.
williamfernandochaparro@gmail.com

Introducción. El Rinovirus (RV) es una de las principales causas de infección respiratoria aguda grave (IRAG). Este virus presenta alta diversidad genotípica y gran potencial de variación y adaptación. Durante la pandemia de SARS-CoV-2, una proporción de casos de IRAG fue provocada por RV. En el periodo post pandémico, RV resurgió provocando casos de infecciones respiratorias agudas (IRA) que requirieron hospitalización y atención en UCI. Este

estudio determinó los genotipos/clados circulantes de RV durante la pandemia de SARS-CoV-2 (2020-2021) y después (2023-2024) en una región de Colombia. **Materiales y métodos.** Se incluyeron 600 muestras del tracto respiratorio de personas con IRA recolectadas entre 2020-2021 y 250 muestras entre 2023-2024. Se determinó la infección de RV mediante RT-qPCR. Se amplificó y secuenció la región VP4-VP2 del genoma de RV para determinar los genotipos/clados mediante análisis filogenético (AF). **Resultados.** Durante la pandemia, la prevalencia de RV fue del 4,83% y del 22,6% en la post pandemia. Las especies de RV-A y RV-B circularon durante el periodo pandémico y la RV-A, RV-B y RV-C en post pandemia. Los genotipos/clados detectados fueron A30, A 66, A1B, A77, A36, A53, A32, A75, A22 (RV-A), B91, B70 (RV-B), C 15, C 40, C40, C 46, C 17, C11 (RV-C). **Conclusiones.** El AF permitió determinar los genotipos/clados de RV pertenecientes a cada especie del virus causantes de IRA en el periodo pandémico y post pandémico. Este estudio revela una prevalencia significativa de RV durante y después de la pandemia de SARS-CoV-2. La identificación de diferentes genotipos/clados de RV contribuyen a nuestra comprensión de las IRA en el territorio.

P-003

Experience with Dengue diagnostic Assay, VIDAS®, in a military hospital from Colombia: utility for differentiate primary and secondary dengue infection.

Faccini-Martínez Á, Medina-Lozano L. Hospital Militar Central. Bogotá. afaccini@gmail.com

Introduction. VIDAS® Dengue is an automated test for detection of dengue virus (DENV) NS1 antigen and anti-DENV IgM and IgG antibodies. **Materials and methods.** We recorded results of parallel-requested NS1-IgM-IgG of 53 suspected DENV cases attended between June 2023 and April 2024 in the Hospital Militar Central. NS1-IgM-IgG values ≥ 1 were considered positive. Based on NS1-IgM-IgG kinetics of primary and secondary DENV infection, IgG/IgM ratio, and considering only confirmed DENV cases (NS1 positive), we defined primary infection as: NS1 positive, NS1-IgM positives, or NS1-IgM-IgG positives with an IgG/IgM ratio $< 1,1$; and secondary infection as: NS1-IgG positives, or NS1-IgM-IgG positives with an IgG/IgM ratio $\geq 1,1$. **Results.** Overall, 36 cases were classified as confirmed cases. Of them, in 21 and 15 patients, NS1-IgM-IgG were requested during the 5 days (5D) and after 6 days (A6D) of symptoms, respectively. In the "5D" group, 14% had NS1 positive, 14% NS1-IgM positives, 48% NS1-IgG positives, 5% NS1-IgM-IgG positives with an IgG/IgM ratio $< 1,1$, and 19% NS1-IgM-IgG positives with an IgG/IgM ratio $\geq 1,1$. In the "A6D" group, 7% had NS1 positive, 33% NS1-IgM positives, 20% NS1-IgG positives, 7% NS1-IgM-IgG positives with an IgG/IgM ratio $< 1,1$, and 33% NS1-IgM-IgG positives with an IgG/IgM ratio $\geq 1,1$. Thus, " overall, of confirmed cases, 39% (14/36) were classified as primary DENV infection and 61% (22/36) as secondary DENV infection. **Conclusions.** Irrespective of the days of symptoms (before or after 5 days), parallel request of NS1-IgM-IgG, using VIDAS® Dengue, allowed to identify confirmed DENV cases, as well as classify primary and secondary infections

P-004

Paramyxovirus-1 aviar zoonótico en pacientes adultos con enfermedad febril aguda indiferenciada de la frontera colombo-venezolana.

Carrillo-Hernández M, Karl-Ciuderis K, Moreno-Lopez I, Jaimes L, Martínez-Gutiérrez M, Ruiz-Saenz J. Instituto de Salud Global One-health Colombia - Universidad Nacional de Colombia, Laboratorio Clínico - ESE Hospital Jorge Cristo Sahium - Universidad de Antioquia, Grupo de Investigación en Ciencias Animales - GRICA - Universidad Cooperativa de Colombia. Bucaramanga. marlen.carrillo@udea.edu.co

Introducción. El síndrome febril agudo indiferenciado (SFAI) es un motivo importante de consulta médica y, entre los agentes que lo producen, se han descrito virus zoonóticos. El objetivo fue determinar algunos virus zoonóticos en pacientes con SFAI y con sospecha de dengue en la frontera nororiental colombo-venezolana. **Materiales y métodos.** Durante el año 2021, se realizó una recolección de 61 muestras de sueros de pacientes con SFAI con sospecha de dengue, en Villa del Rosario, Norte de Santander. Se les extrajo ARN y se realizó detección molecular para las especies de arbovirus circulantes en la región. Las muestras que dieron negativas se procesaron formando pools de 4 muestras cada uno, posteriormente, a los ARN se les efectuó pre-tratamiento

se secuenciaron mediante Illumina. Los datos obtenidos se analizaron utilizando el sistema Genome Detective. Se seleccionó la secuencia correspondiente a la proteína de fusión para construir un árbol filogenético usando el Software MEGA. **Resultados.** En un pool, de los 16 formados a partir de las muestras negativas, se detectó APMV-1. El cual, mostró una cobertura del 42,6% e identidad nucleotídica del 83,2%. El análisis filogenético confirmó que la secuencia pertenecía al genotipo X donde se encuentran otras secuencias previamente reportadas en Colombia en aves, en el 2009, y la cepa correspondiente a La Sota de 1946 (cepa vacunal). **Conclusiones.** Se identificó APMV-1 en un conjunto de muestras de suero de pacientes con SFAI y se determinó que el paciente No 3, de este conjunto de muestras, estaba en riesgo de sufrir zoonosis debido a que tuvo contacto cercano con aves de traspatio.

P-005

Frecuencia de genotipos de VPH-AR en mujeres de estrato socioeconómico alto que asistieron a una IPS privada en Antioquia, Colombia, durante el 2024.

Torres-Suaza J, Tamayo-Acevedo L. Escuela de Microbiología - Universidad de Antioquia. Laboratorio Clínico Bioreferencia. Medellín. josel.torres@udea.edu.co

Introducción. El cáncer de cuello uterino es una preocupación para la salud pública en Colombia, especialmente, en zonas vulnerables. La infección por virus del papiloma humano de alto riesgo (VPH-AR), específicamente los genotipos 16 y 18, se ha relacionado con esta enfermedad. El objetivo del estudio es determinar la frecuencia de VPH-AR, en mujeres de estrato socioeconómico alto, que asistieron a una IPS privada en Antioquia. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo-transversal, en mujeres mayores de edad, atendidas para tamización del VPH con la prueba Allplex HR-HPV®, para 14 genotipos (16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66 y 68), durante el primer cuatrimestre de 2024 en una IPS privada en Antioquia. El análisis estadístico univariado y bivariado se realizó con Jamovi 2.5.3®. **Resultados.** En 1.359 mujeres con un rango de edad entre 21-75 años, promedio: 38 (DS: 9,3), la frecuencia de VPH-AR fue 18,5%; siendo más frecuente el VPH-68 (11,3%), seguido del VPH-66 y del VPH-58 (9,1%). Los VPH-AR menos frecuentes fueron: el genotipo 33 (3,1%), el 18 (4,9%) y el 16 (5,7%). Por grupo de edad, el VPH-AR fue más frecuente en las mujeres entre 21-30 años (27,8%) y menos frecuente en el grupo de 41-50 años (11,4%). Se observó una relación estadísticamente significativa entre edad y la frecuencia de VPH-AR (Chi²: 30,6, gl: 3 y p) **Conclusiones.** Estos hallazgos resaltan la importancia de la genotipificación del virus para identificar los genotipos circulantes no cubiertos por las vacunas disponibles en el país, contribuyendo a mejorar las estrategias de prevención del cáncer cervical en Colombia.

P-006

Estudio preliminar de la infección natural por arbovirus en mosquitos *Aedes aegypti* del departamento de Córdoba.

Clímaco-Montesino D, Tique-Salleg V, Atencia M, Miranda J, Hoyos R, Mattar S. Universidad de Córdoba Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico. Montería. dclimacomontesino43@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. El impacto de los arbovirus, especialmente los transmitidos por *Aedes aegypti*, de los virus del Dengue (DENV), Zika (ZIKV), Chikunguya (CHIKV), y Mayaro (MYV), en poblaciones humanas de Colombia, sigue siendo preocupante y mantiene al país en alerta sanitaria. Objetivo: Detectar DENV, ZIKV, CHIKV, y MYV en mosquitos del género *Aedes aegypti* en el departamento Córdoba. **Materiales y métodos.** Entre noviembre de 2023 y marzo de 2024, en 13 municipios de Córdoba, se realizaron capturas aleatorias de larvas y pupas durante visitas domiciliarias. La detección de DENV, ZIKV, CHIKV y MYV se realizó mediante qPCR. **Resultados.** De 600 mosquitos, se analizaron 60 pools de 10 mosquitos *Ae. aegypti*. La tasa media de infección fue de 28% (n= 17) de 60 pools, 15% (n= 9) Dengue, 7% (n= 4) Chikunguña, 7% (n= 4) Mayaro y Zika (n=0). Se detectaron los serotipos 10% DENV 2 (n=6) y 6% DENV-4 (n= 3) y Mayaro. **Conclusiones.** El estudio preliminar demostró la detección de DENV, CHIKV y MYV en la transmisión natural en mosquitos *Ae. Aegypti* en el departamento de Córdoba. La vigilancia entomológica es una herramienta importante en la estrategia integral del control de las arbovirosis en Colombia. La secuenciación será necesaria para establecer con precisión los aspectos filogenéticos y filogeográficos.

P-007**Tendencias de circulación del virus respiratorio sincitial en 4 ciudades de Colombia: análisis preliminar de VIRAL Network LATAM.**

Gutiérrez-Tobar I, Londoño-Ruiz J, Díaz-Díaz A, Patiño-Niño J, Arias A, Beltrán-Arroyave C, Rojas-Hernández J, Pérez-Camacho P, Bustos-Paz M, Sandoval-Calle L, Camacho-Moreno G, Flórez-Robayo M, Galvis D, Mendoza-Rosado L, Bravo-Ojeda J, Vásquez-Hoyos P. Clínica Infantil Santa María del Lago y Clínica Infantil Colsubsidio, Hospital General De Medellín, Hospital Pablo Tobón Uribe, Fundación Valle del Lili, Hospital Universitario Erasmo Meoz, Clínica el Rosario - Clínica del Prado, Universidad del Valle, Fundación Valle del Lili, HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia, Grupo Clínica Médicos y Organización Humana Integral, Viral Latam. Bogotá.
ivanfelipegutierrez@gmail.com

Introducción. El virus respiratorio sincitial (VRS) presenta variaciones regionales en circulación. Se describe un análisis multicéntrico en Colombia de circulación y positividad de VRS en pacientes pediátricos hospitalizados. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo. Se analizaron datos semanales consolidados, de VRS, en 6 centros de Bogotá, Cali, Medellín y Cúcuta durante enero de 2023 a mayo 2024. Se calcularon promedios móviles de 5 semanas y se categorizaron los niveles de circulación en: baja, moderada, alta y muy alta, basados en percentiles 50, 75 y 90 por ciudad. **Resultados.** Se realizaron 10.192 pruebas. Se detectaron 1.971 VRS con positividad (16,7%). En Bogotá, en 2023, se observó alta circulación entre las semanas 14 y 21, y muy alta en la semana 22 y la 27. En 2024, se observó alta circulación entre la semana 17 y 19 y muy alta entre la 19 y 22. En Cali, en 2023, hubo circulación alta entre la semana 15 y 25. En 2024, hubo alta circulación entre la semana 18 y 22. En Medellín, en 2023, en las primeras semanas hubo alta circulación en aumento y se presentaron variaciones entre la semana 12 y 30. Durante el 2024, desde la semana 6, hubo circulación moderada y un aumento en positividad entre la semana 21 y 22. En Cúcuta se presentó mayor variabilidad con circulación alta entre la semana 1 y 4, circulación moderada entre la semana 11 y 14, aumento de positividad entre la semana 22 y 33 y muy alta entre la 45 a la 49. **Conclusiones.** Existen variaciones regionales en circulación y positividad de VRS. Es necesario su comprensión y vigilancia para entender el impacto en clínica y gestión. VIRAL LATAM ofrecerá evidencia adicional.

P-008**Tamizaje de anomalías y genotipos circulantes del virus del papiloma humano en Cali, Colombia, 2023.**

Peláez-Martínez J, Correa-Muñoz I, Fuertes-Bucheli J, Martínez M, Ramírez J, Ferro B, Pacheco R. Universidad ICESI, Red de Salud del Centro - E.S.E Centro. Cali.
jdpm0531@gmail.com

Introducción. Las Infecciones persistentes por el virus del papiloma humano (VPH) de alto riesgo (AR) se asocian con cáncer (CA) cervicouterino y son la primera causa de muerte por CA en mujeres entre 30-59 años en Colombia. En este estudio se buscó describir las características sociodemográficas de mujeres tamizadas para CA cervicouterino junto con los resultados del tamizaje, incluyendo a los genotipos del VPH-AR circulantes. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo de corte transversal de registros de adultas tamizadas con cualquier herramienta en el programa "Por Ti Mujer" de Cali, Colombia, entre enero-junio del 2023. **Resultados.** Se analizaron 15.116 registros; la mediana de edad fue 39 años (rango intercuartílico 28-52). Al 50,7% se le realizó citología convencional, al 49,1% prueba de ADN VPH-AR, al 0,12% citología en base líquida y al 0,1% inspección visual/colposcopia. Se encontraron resultados positivos/anormales en 10,2%, con variaciones según la herramienta utilizada (citología en base líquida: 88,9%; inspección visual/colposcopia: 40%; ADN VPH-AR: 15,2%; citología convencional: 5,1%). Las mujeres entre 30-65 años y con régimen de salud contributivo mostraron mayor frecuencia de resultados positivos/anormales. Los genotipos de VPH-AR más frecuentes fueron: 56-59-66 (21,2%), 33-39-68 (17,0%), 16 (13,8%), 33-58 (12,2%) y 52 (11,1%). **Conclusiones.** La alta frecuencia de resultados positivos/anormales en la población tamizada, así como la alta positividad encontrada de ADN VPH-AR refuerzan la necesidad de continuar fortaleciendo la vigilancia e investigación de la epidemiología local de VPH-AR, para comprender su impacto en la salud pública.

P-009**Implementación de la ruta de "Ver y Tratar" para el manejo de la infección por Virus del Papiloma Humano (VPH) y lesiones premalignas de cuello uterino en la población colombiana.**

Lozano Olivares L, Tenorio Vargas S. Laboratorio Médico Synlab. Bogotá.
amparo.lozano@synlab.co

Introducción. El cáncer de cuello uterino es la principal causa de muerte por cáncer en mujeres de 30 a 59 años en Colombia, siendo el virus del papiloma humano (VPH) la principal causa. El objetivo fue determinar la proporción de mujeres, con citología patológica (o resultados positivos para VPH) y citología reflejo patológica, que acceden a colposcopia en menos de 30 días bajo la ruta integral de "Ver y Tratar". **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio retrospectivo descriptivo con 8.059 mujeres de una Entidades Administradoras de Planes de Beneficios de Salud (EAPB) con régimen contributivo durante 2022. Las participantes incluyeron mujeres menores de 30 años con citología patológica y mayores de 30 años con VPH positivo y citología reflejo patológica. Los datos se recolectaron de manera consecutiva y se evaluó la implementación de la ruta integral propuesta. **Resultados.** De las 8.059 mujeres, 710 tenían menos de 30 años y 45 citologías patológicas, 7.349 tenían más de 30 años y 775 pruebas VPH positivas, de las cuales, 212 presentaron citología patológica. Se citaron a 257 mujeres para colposcopia, de las cuales 155 asistieron: 43 casos fueron bajo grado, 19 alto grado, 11 inadecuados, 82 negativos. **Conclusiones.** La implementación de la ruta propuesta en el manejo de lesiones premalignas muestra una proporción significativa de mujeres que accedieron a colposcopia y tratamiento oportuno. Esto podría demostrar la efectividad de esta ruta para mejorar resultados en salud pública.

P-010**Relaciones entre la morbilidad por Mpox y el turismo internacional a nivel mundial durante las epidemias de 2022-2024.**

Rodríguez-Morales A, Bonilla-Aldana D, Cardona-Ospina J, Membrillo-De-Novales F, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Universidad Continental, Hospital Central de la Defensa "Gómez Ulla." - Infectious Diseases Unit. Pereira.
ajrodriguezmm@gmail.com

Introducción. Se han explorado múltiples aspectos de las epidemias de Mpox durante 2022-2024. Sin embargo, los aspectos socioeconómicos han sido poco evaluados en cuanto a los factores epidemiológicos asociados. No se han publicado estudios sobre las relaciones entre turismo internacional, medido como número anual de llegadas por país, y la morbilidad y mortalidad por Mpox. **Materiales y métodos.** Este estudio, a escala global, abarcó datos de 114 países. Se recopiló los datos de llegadas de turistas según la Organización Mundial del Turismo (2022/2023) y datos de Mpox de los Centros para el Control y Prevención de Enfermedades (CDC) y la OMS. Se calcularon las tasas de incidencia y se evaluó la variación anual de estas variables. Se aplicaron modelos de regresión no lineal utilizando Stata/MP® v.14.0. **Resultados.** Los modelos de regresión no lineal revelaron una asociación significativa entre los factores epidemiológicos y las llegadas de turistas. Durante esta epidemia se observó un mayor número de casos en los países con mayor número de llegadas ($r^2=0,2663$; $p<0,0001$). Las tasas de incidencia (casos por 100.000 hab.) fueron mayores también en aquellos con más llegadas ($r^2=0,3039$; $p<0,0001$). 88 países (42,7%) no han reportado casos de Mpox y 118 sí (57,2%); 25 de ellos (28,4%) son países de bajos ingresos y 33 (37,5%) son de África. **Conclusiones.** Los hallazgos destacan el papel del turismo y los viajes internacionales en cuanto a la circulación viral de enfermedades emergentes como Mpox. Esto es particularmente relevante puesto que aquellos países con mayores ingresos por turismo deberían considerar estar preparados para otras condiciones emergentes similares.

P-011**A case series of pediatric patients with chronic hepatitis C transmitted by blood components transfusion: a clinical description.**

Guerrero-González M, Hospital Universitario Erasmo Meoz. Cúcuta.
mpguerrero@unal.edu.co

Introduction. It is known that children represent a small proportion of patients infected with hepatitis C virus (HCV). Chronicity and complications can be equally relevant as in adults. Transfusion blood components could be a common source of infection. **Materials and methods.** The study was a pros-

pective and descriptive cohort of eight HCV cases, confirmed by laboratory, who were hospitalized in a public hospital in Cúcuta, Colombia, and external consultation follow-up from mid 2022 to early 2024. **Results.** From 8 children, the median age was 10,5 years (6-16 years). All were from Venezuela with a history of transfusion requirements due to an oncohematological disease. The blood components administered were red blood cells (37,5%) or red blood cells and platelets (37,5%) and human immunoglobulin G (25%). Majority presented with subtle alterations in liver profile tests (75%), two with hepatomegaly on Ultrasound (US), none with fibrosis. The median viral load was 408,935 cop/mL. The initiation of treatment has been difficult in Colombia. **Conclusions.** The development of local guidelines and publication of local pediatric studies are required to achieve timely barrier free treatment, make early diagnoses in at-risk populations (blood components transfusion in Venezuelan patients) and achieve the cure of the disease to avoid future complications.

P-012

Manifestaciones clínicas iniciales como marcadores de gravedad e ingreso a UCIP en población pediátrica con infección SARS-CoV-2, en tres instituciones del Atlántico. 2020-2022.

Guardo E, Pérez-Pérez O, Barbosa V, Contreras L, Areniz L, Sánchez Z. Universidad Metropolitana de Barranquilla. Barranquilla. zairasanchez2023@gmail.com

Introducción. Las infecciones severas por SARS CoV2 y el ingreso a las unidades de cuidados intensivos pediátricos (UCIP) en el año 2020, al inicio de la pandemia, eran inusuales. Sin embargo, a medida que se han realizado más estudios en niños, se ha observado un incremento de los casos de infección en dicha población. Por lo cual, se propuso caracterizar las manifestaciones clínicas iniciales como marcadores de gravedad e ingreso a UCIP en población pediátrica con infección por SARS-CoV2 (Covid - 19) positiva, en tres instituciones del Atlántico, en el periodo marzo de 2020 a abril de 2022. **Materiales y métodos.** Estudio multicéntrico, observacional, descriptivo retrospectivo. La población corresponde a la totalidad de menores entre los 0 días a < 18 años, con diagnóstico de SARS-CoV2 (COVID-19) confirmado por el método de RT-PCR, hospitalizados en sala general o en unidad de cuidados intensivos, en dos instituciones en la ciudad de Barranquilla y una institución en Soledad en el periodo comprendido entre 2020 - 2022. **Resultados.** La sintomatología respiratoria fue la manifestación clínica inicial de mayor frecuencia con el 89,6%, la fiebre 85,7%, sintomatología neurológica 36,2%, síntomas gastrointestinales 22,8% y otra sintomatología el 13,3%. **Conclusiones.** Se observó una asociación significativa entre las manifestaciones neurológicas y gastrointestinales junto con el requerimiento de ingreso a UCIP. Los síntomas iniciales que evidenciaron asociación con el ingreso a UCIP fueron: la disnea, mareos, alteración de conciencia, convulsiones, diarrea y náuseas y vómitos

P-013

Validación del primer kit de enzimas *in house* para el diagnóstico de COVID-19 desarrollado en Córdoba, Colombia.

Beltrán-Contreras M, Gastelbondo B, Flórez L, Garay E, Ballesteros J, Cervantes L, Berthel L, Manrique E, Contreras H, Echeverri D, Serrano-Coll H, Guzmán C, Martínez C, Arroyo-Salgado B, López Y, Arrieta G, Mattar S. Universidad de Córdoba, Universidad de Cartagena, Departamento de Patología - Grupo de Investigaciones en Patología (GRIP-UDEA). Sumpués. mbeltranc@gmail.com

Introducción. La pandemia por COVID-19 generó un déficit global en cuanto a reactivos para la realización de las pruebas diagnósticas. Con el desarrollo de este tipo de insumos se fortalece la independencia biotecnológica del país. **Materiales y métodos.** Se desarrollaron enzimas *in house* para el diagnóstico de COVID-19 a través de One Step RT-qPCR. La Transcriptasa reversa (RT) se evaluó mediante síntesis de ADN complementario (ADNc). El rendimiento de las enzimas *in house* (RT y Taq) se determinó con el protocolo universal One Step RT-qPCR de Charité-Berlin para la amplificación del gen E de SARS-CoV-2. El ensayo que mostró una mejora en la eficiencia, de las enzimas *in house*, en la amplificación del gen E. Luna® Universal One-Step RT-qPCR fue usado como referencia. Por último, se seleccionaron 30 hisopados nasofaríngeos positivos (n=30), para evaluar la actividad biológica de las enzimas producidas y purificadas *in house*. **Resultados.** Se evidenció por electroforesis que la RT *in house* sintetizó ADNc de forma óptima. Al comparar los valores de Ct obtenidos con el protocolo universal para las enzimas comerciales e *in*

house, no se observaron diferencias estadísticamente significativas ($P > 0,05$). Sin embargo, los ensayos con enzimas *in house* presentaron menores valores de Ct para el gen E. **Conclusiones.** El protocolo de enzimas *in house* permitió la síntesis y amplificación de ADNc a partir de ARN de SARS-CoV-2. Este es el primer kit de enzimas *in house* desarrollado en el departamento de Córdoba para el diagnóstico de COVID-19. El estudio es un importante aporte para la soberanía sanitaria y biotecnológica en Colombia.

VIH

P-014

Efectividad de un programa de profilaxis preexposición (PrEP) en la vida real en un centro de atención en Bogotá, Colombia.

Bonilla C, Arboleda-Guerra S, Rivera A, Gualtero S, Quiroga C, González A, Navarro C, Narváez M, Manrique N, Villa L, Valderrama-Beltrán S. Hospital San Ignacio, Universidad Javeriana. Bogotá. cindy_bonillas@javeriana.edu.co

Introducción. La infección por el virus de inmunodeficiencia humana (VIH) es un problema de salud pública. La profilaxis preexposición (PrEP) se implementó en Colombia como una estrategia preventiva para tal infección. El objetivo principal del estudio es describir en un entorno de vida real los resultados del programa en cuanto a la incidencia acumulada de VIH, otras infecciones de transmisión sexual (ITS), abandono, y tolerabilidad a las 24 semanas de seguimiento. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de cohorte ambispectivo que incluyó individuos mayores de 18 años que ingresaron al programa PrEP del Hospital Universitario San Ignacio del 1 de marzo de 2023 al 6 de diciembre de 2023. Se excluyeron pacientes con diagnóstico de VIH en la primera valoración. **Resultados.** A la cohorte ingresaron 343 participantes: 98,8 % son de sexo masculino y 84,3 % del régimen contributivo. La mediana de edad fue 29 años (RIC 24-34). El régimen de tratamiento más utilizado fue TDF/FTC en un 98,5% de los casos. A las 48 semanas, el 22,2% (n: 76) abandonaron el PrEP. Por otro lado, en los participantes que continuaron el PrEP, la incidencia acumulada de VIH fue 0,4% (n:1/267) asociado a falta de adherencia. La incidencia acumulada de sífilis fue 10,8%, hepatitis C fue 1,12% y hepatitis B 0,4%. Cinco pacientes cambiaron TDF/FTC a TAF/FTC por tolerabilidad. **Conclusiones.** Este estudio destaca la importancia de la adherencia al PrEP además de una baja participación de mujeres y la alta tasa de abandono del programa a las 24 semanas de seguimiento. Es crucial evaluar los factores asociados a estos hallazgos. Se debe mejorar la educación y las intervenciones de prevención de otras ITS en estos programas.

P-015

Utilidad de la carga viral única para detectar falla virológica en pacientes con VIH durante los primeros dos años de tratamiento antirretroviral.

Pérez-Casanova A, Martínez-Vega R, Zapata-Serna J, Jiménez-Marín R, Díaz-Quijano F. Universidad de Santander, Corporación para Investigaciones Biológicas, Vidamedical IPS, Universidade de São Paulo, Bucaramanga. marcelo9110@hotmail.com

Introducción. La falla virológica (FV) en pacientes con VIH está definida como la incapacidad de lograr o mantener la supresión de la replicación viral con **Materiales y métodos.** En una cohorte retrospectiva se incluyeron pacientes con VIH >12 años atendidos en las IPS CIB salud-Medellín y Vidamedical-Cúcuta, que iniciaron su primer esquema de TAR entre 1/julio/2016 y 31/diciembre/2019 o 1/enero/2021 y 31/diciembre/2021, respectivamente, y que tuvieran entre 18-24 meses de seguimiento. Se excluyeron 27 pacientes que no contaban con evaluación consecutiva de carga viral. **Resultados.** Se incluyeron 185 pacientes: 48 desarrollaron FV (mediana: 435 días de inicio de TAR; RIQ:316-590), 62,7% fueron de sexo masculino, con edad mediana de 31 años (RIQ:25-39); 24,9% contaban con educación técnica/profesional, 80,5% residían en área urbana, 54,1% desempleados, mediana de linfocitos TCD4+ 296 cel/mm3 (RIQ:134-499). La especificidad de una CV para la detección de FV fue 99,3% (IC95%:96,0%-100%), el valor predictivo positivo fue 98,0% (IC95%:89,1%-99,9%) y LR+ fue 137 (IC95%:19,44-965,63). No se corroboró la FV en la segunda medición de un paciente (CV1=200 copias/mL y CV2=154 copias/mL). La mediana a la segunda CV fue 139 días (RIQ:74-223). **Conclusiones.** El uso de una sola CV para detectar FV puede ser adecuado en el contexto colombiano y permite evitar pérdidas del diagnóstico, así como agilizar las medidas para manejar la FV.

P-016**ITS en pacientes del programa PrEP de la IPS Infectoclínicos S.A.S. de la ciudad de Bogotá Colombia en el año 2023.**

Charry-Rodríguez J, Escobar-Hurtado L, Mercado-Bernal M, Quintero-Ferro L, Riaño-Sánchez L. IPS Infectoclínicos S.A.S. Bogotá.
lpeh05@hotmail.com

Introducción. La profilaxis pre-exposición (PrEP) es efectiva para prevenir la infección por el Virus de Inmunodeficiencia Humana (VIH). Sin embargo, se ha encontrado aumento en el contagio de otras infecciones de transmisión sexual (ITS). Por lo anterior, es importante describir la frecuencia de otras ITS en usuarios PrEP en Colombia. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva de pacientes mayores de 18 años en tratamiento PrEP entre enero y diciembre de 2023 de la IPS Infectoclínicos S.A.S. Bogotá, Colombia. Se excluyeron pacientes sin datos suficientes en la historia clínica. Se evaluó la frecuencia de ITS, la adherencia a la terapia PrEP y las conductas de riesgo. Las variables cualitativas se presentaron en cuanto a frecuencia y porcentaje, mientras que las cuantitativas en medias y desviación estándar (DE). **Resultados.** Se analizaron los datos de un total de 174 pacientes: 167 (95%) de sexo masculino, edad promedio 31 años (DE 6,9) y 144 (82,7%) homosexuales. En cuanto a las conductas de riesgo, 35 (20,1%) no hacían uso del preservativo, 113 (64,9%) tenían más de 5 parejas sexuales en el último año, 75 (43,1%) consumían sustancias psicoactivas, 10 (5,7%) practicaban sexo transaccional y 42 (24,1%) mantenían relaciones sexuales con personas VIH positivas. Se presentaron ITS en 33 (18,9%): sífilis 19 (61,2%), uretritis 5 (16,1%), hepatitis C 3 (9,6%), infección por Virus Papiloma Humano (VPH) anal 2 (6,4%), Trichomoniasis 1 (3,2%) y herpes genital en 1 (3,2%). **Conclusiones.** A pesar de la alta adherencia a la terapia PrEP existe alta transmisión de otras ITS lo que subraya la necesidad de reforzar la educación en cuanto a conductas de riesgo, fomentar el autocuidado y reducir la falsa percepción de seguridad.

P-017**Respuesta clínica de sofosbuvir velpatasvir en retratamiento de la infección por virus de la hepatitis C por reinfección o recaída en pacientes que viven con VIH.**

Gualtero S, Arboleda S, Montealegre J, Diaz C, Vergara-Samur H, Tamara J, Quiroga C, Segura S, Valderrama-Beltrán S. Hospital Universitario San Ignacio. Bogotá.
slvalderrama@husi.org.co

Introducción. Existe escasa literatura sobre efectividad de Sofosbuvir/Velpatasvir (SOF/VEL) en retratamiento. El objetivo del estudio es describir la respuesta virológica sostenida (RVS) a SOF/VEL en pacientes con virus de la hepatitis C (VHC) y VIH que requieren retratamiento para VHC. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte retrospectiva de pacientes mayores de 18 años con VHC/VIH expuestos a antivirales y que necesitaron retratamiento para VHC con SOF/VEL del 1/06/2016 al 31/12/2023. El desenlace principal fue la RVS, definida como la ausencia de carga viral detectable para VHC a las 12 semanas de completar el retratamiento. **Resultados.** Se incluyeron 47 pacientes, con mediana de edad 36 años (RIC 31-41), 100 % sexo masculino, 94,0% HSH. La mediana de CD4 fue 494 (RIC 391-640). El antiviral más utilizado en el primer tratamiento fue SOF/VEL (42,5%). El mecanismo de transmisión fue sexual. Un paciente presentaba cirrosis. No se detectaron mutaciones de resistencia a SOF/VEL. El 19% de los pacientes recibieron retratamiento por recaída y 81% por reinfección. La RVS fue 80,9% (38/47), en recaída 77,8% (7/9) y en reinfección 81,5% (31/38). Todos los pacientes sin RVS tenían carga viral de fin de tratamiento negativas. **Conclusiones.** La efectividad del tratamiento con SOF/VEL en pacientes con VHC/VIH es menor en el retratamiento que en el primer tratamiento, pero parecen no existir diferencias en pacientes con recaída vs reinfección. La carga viral de VHC fue negativa al final del retratamiento en pacientes sin RVS y no se encontraron mutaciones de resistencia a SOF/VEL, lo que sugiere la posibilidad de reinfección asociada a conductas sexuales de riesgo y que el SOF/VEL puede ser efectivo en este contexto.

P-018**Efecto clínico, inmunológico y virológico del tratamiento con inhibidores de integrasa en personas que viven con VIH.**

Alzate-Ángel J, Loaiza J, Perdomo-Celis F, Hernández J, Galindo-Orrego X, Mantilla-Suárez M, Guzmán F, Cataño J, Díaz F, Rugeles M, Taborda N. Grupo Micología Médica y Experimental - Corporación

para Investigaciones Biológicas, Grupo Inmunovirología - Facultad de Medicina - Universidad de Antioquia, Instituto de Genética Humana - Facultad de Medicina - Pontificia Universidad Javeriana, Infettare - Facultad de Medicina - Universidad Cooperativa de Colombia, Universidad de Antioquia, Corporación de Lucha Contra el Sida, Virrey Solís IPS, Núcleo Biotecnología Curauma - Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Infectious Diseases Section - University Of Antioquia Medical School, Grupo de Investigaciones Biomédicas Uniremington - Corporación Universitaria Remington. Medellín.
nataliataborda@gmail.com

Introducción. El uso de fármacos inhibidores de integrasa (INSTI) ha evidenciado beneficios en comparación con esquemas que no los incluyen. En este trabajo se evaluó el efecto de los INSTI sobre el control virológico y la reconstitución inmunológica en personas que viven con VIH. **Materiales y métodos.** Estudio observacional analítico, tipo cohorte retrospectiva. Se evaluaron pacientes de Medellín y Cali entre el 2020 y el 2023, quienes durante al menos un año estuvieron en terapia antirretroviral de primera línea incluyendo INSTI. Estos fueron comparados con pacientes que recibieron otros antirretrovirales. Se evaluaron clínicos, niveles de carga viral residual y reservorios virales, así como el fenotipo y la función de los linfocitos T. **Resultados.** Entre los 72 individuos evaluados, aquellos que recibieron INSTI comenzaron el tratamiento en una etapa más avanzada de la infección y tuvieron una duración de la terapia significativamente menor que los individuos sin INSTI (23,7 meses (17,2-33,4) vs 55,9 meses (34,8-85,4) p=0,01, respectivamente). A pesar de esto, los individuos con INSTI alcanzaron recuentos de células T-CD4+ a niveles comparables a los del grupo sin INSTI (435,2(276,0-640,3) vs. 423,1(286,9-588,5) p=0,58, respectivamente), así como niveles similares de marcadores virológicos, inmunológicos y cardiovasculares. No obstante, comparado con el grupo sin INSTI, exhibieron menor relación CD4/CD8 (0,6(0,4-1,0) vs. 1,1(0,6-1,3) p=0,03, respectivamente), y niveles reducidos de lipoproteínas de alta densidad (38,5(34,2-47) vs. 45(38,2-55,5) p=0,01, respectivamente). **Conclusiones.** Los regímenes basados en INSTI ofrecen beneficios importantes como control virológico y rápida reconstitución de células T CD4+, incluso a pesar de instaurarse en estadios más avanzados de la infección. Minciencias-11157775051.

P-019**Comparación metagenómica de la microbiota anorrectal de HSH con VIH y sin VIH por medio de análisis bioinformático.**

Hernández-Trujillo P, Vanegas-Guerrero J, Arévalo-Pinzón G, Trujillo-Guiza M, Gonzáles-Duque M. Universidad Antonio Nariño, Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá.
pauhernandez827@gmail.com

Introducción. El estudio de la diversidad bacteriana en muestras humanas es crucial para desarrollar biomarcadores de salud y enfermedad. Esta investigación se enfocó en caracterizar la diversidad bacteriana anorrectal en hombres que tienen sexo con hombres (HSH) con VIH versus hombres, de este mismo grupo, sin VIH. **Materiales y métodos.** En julio y agosto de 2023 se recolectaron autotomas de hisopados anorrectales. Se extrajo ADN de cada muestra y se realizó la secuenciación metagenómica de estas. Con los datos obtenidos, se determinó diversidad alfa y beta, abundancia bacteriana, unidades taxonómicas operativas diferenciales y diversidad funcional. **Resultados.** Inicialmente, se obtuvieron 36 muestras, pero se descartaron 17 por tener menos de 200 ng de ADN y 8 por secuenciación incompleta. De este modo, quedaron 11 muestras analizadas (4 VIH+ y 7 VIH-). No se encontraron diferencias significativas entre grupos en cuanto a diversidad alfa (índice de Shannon p=0,78788) y beta (ANOSIM R=-0,16931). Se identificó a *Prevotella* como el género más abundante en ambos grupos. Se detectaron 12 genes más abundantes en la microbiota anorrectal del grupo con VIH, los cuales favorecen el crecimiento, colonización y supervivencia bacteriana. **Conclusiones.** Las alteraciones en la microbiota anorrectal podrían influir en la patogénesis del VIH y sus complicaciones en esta población, subrayando la necesidad de investigar estos mecanismos y explorar intervenciones para mejorar la salud. Se requieren estudios longitudinales que analicen cambios en la microbiota anorrectal durante la infección por VIH y su respuesta al tratamiento, integrando datos metagenómicos, clínicos e inmunológicos para entender mejor las interacciones entre el VIH, la microbiota y la salud del huésped.

RESISTENCIA BACTERIANA

P-020

Detección rápida de carbapenemasas en hisopados rectales mediante nefelometría láser, espectrometría de masas e inmunocromatografía.

Josa D, Trujillo P, Martínez D, Pescador A, Hurtado L, Leal R, Benavides R, Montaña D, Silva-Monsalve E, Osorio J, Hernández P, Torres I, Cortés F. Clínica Shaio. Bogotá.
diego.josa@shaio.org

Introducción. El tracto gastrointestinal es el principal reservorio de Enterobacteriales productores de carbapenemasas (EPC) convirtiéndose en el mayor factor de riesgo para el desarrollo de infecciones. Nuestro objetivo fue lograr la detección rápida de carbapenemasas en hisopados rectales mediante ensayo modificado con nefelometría láser, espectrometría de masas e inmunocromatografía. **Materiales y métodos.** Estudio prospectivo de corte transversal. Se analizaron 100 hisopados rectales positivos procesados por nefelometría láser HB&L Carbapenemase® Kit (Alifax®) (muestreo de conveniencia). Del vial positivo se procedió a realizar la detección de carbapenemasas mediante LFA Carba 5® (NG-Test® Biotech); y la identificación bacteriana se procesó desde el pellet mediante espectrometría de masas MALDI-TOF (Bruker, Daltonics®). **Resultados.** Concordancia identificación bacteriana: kappa 0,98 (IC 95% 0,93-1,02). Promedio Score MALDI-TOF desde pellet: 2.29 (Mínimo: 1,78 - Máximo: 2,51). Distribución de carbapenemasas: sin coproducción 37 % (KPC 31%, NDM 5%, VIM 1%), Coproducción 63% (KPC+NDM: 60%, KPC+VIM:1%, KPC+NDM+VIM 1%, NDM+VIM+OXA1%). Concordancia detección de carbapenemasas por LFA directamente: kappa 1,0 (IC 95%). Concordancia en detección de carbapenemasas y coproducciones directamente desde vial positivo: 100%. El tiempo por nuestro método fue de 7 horas, comparado con el método convencional (48 hasta 72 horas). **Conclusiones.** Nuestro nuevo protocolo directo se convierte en una estrategia efectiva para reducir el tiempo de detección rápida de carbapenemasas en hisopados rectales, en un tiempo máximo de 7 horas, con un bajo costo en comparación con pruebas moleculares, lo cual ayudaría a implementar rápidos aislamientos de los pacientes colonizados y contener su diseminación.

P-021

Identificación de genes asociados a resistencia a tetraciclinas en bacterias transmitidas por vectores en caninos y felinos de Medellín, Colombia.

Ríos-Úsuga C, Rendón-Ramos L, Jaramillo-Delgado I. TestMol S.A.S. Bogotá.
directorimasd@testmol.com

Introducción. Las enfermedades transmitidas por vectores, en medicina veterinaria, son prevalentes en zonas tropicales. El tratamiento por elección, durante muchos años, ha sido el uso de tetraciclinas. Sin embargo, hay pocos estudios que evalúen la resistencia a antibióticos en bacterias no cultivables en el país. El objetivo del estudio es determinar la presencia de genes tet asociados a resistencia a tetraciclinas en muestras positivas de caninos y felinos para bacterias transmitidas por vectores. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio retrospectivo de bases de datos de muestras enviadas al laboratorio TestMol para diagnóstico de hematófilos y genes tet mediante qPCR, provenientes de centros veterinarios de Medellín (Enero-Junio 2024). Se llevó a cabo un análisis estadístico descriptivo y bivariado de variables demográficas mediante Jamovi 2.3.21 (p < 0,05). **Resultados.** Se encontró la presencia de genes tet en el 65,7% de las muestras, el 53% que está asociado a bombas de eflujo, el 37% a protección ribosomal y el 29% con ambos mecanismos de resistencia, observando mayor presencia de genes en caninos (74,6%). Dentro de los agentes hematófilos detectados en animales con monoinfección, el 23% de las muestras con Ehrlichia spp., el 18% con Anaplasma spp., el 12% con Bartonella spp. y Mycoplasma spp. y el 3% con Borrelia spp. presentaron genes tet. No se encontraron asociaciones estadísticamente significativas entre las variables evaluadas. **Conclusiones.** Se evidencia la presencia de porcentajes significativos de resistencia a tetraciclinas en diferentes bacterias. Es crucial abordar esta problemática con celeridad ya que afecta la eficacia de programas de prevención y tratamiento.

P-022

Efecto de la fagoterapia combinada con oxacilina contra aislamientos clínicos Staphylococcus aureus resistentes a β-lactámicos dependientes e independientes de genes mec.

Mancera-García M, Vives M, Jiménez-Quiceno N, Celis Ramírez A. Universidad de los Andes, Universidad de Antioquia. Bogotá.
ma.mancera10@uniandes.edu.co

Introducción. El *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (SARM, mec) es un patógeno de distribución global. Tiene una frecuencia aproximada del 38% de aislamientos clínicos y una probabilidad de falla terapéutica y muerte de los pacientes en un 64%. Además, variantes con resistencia a β-lactámicos sin genes mec (MRLM) traen un nuevo desafío frente al diagnóstico y tratamiento estándar de *S. aureus*. Por esto, los bacteriófagos son una alternativa terapéutica para combatir el SARM y variantes MRLM. Este estudio propone a la fagoterapia combinada como la mejor aproximación para evitar resistencia antimicrobiana. **Materiales y métodos.** Se realizaron ensayos de tiempo de muerte durante 24h en 7 aislamientos SARM, 2 MRLM y 3 aislamientos susceptibles a β-lactámicos, ajustamos el inóculo bacteriano (OD 625 nm: 0,1) en LB [5 mM CaCl₂] a partir de fase exponencial de crecimiento. Simultáneamente, se adicionó oxacilina para una concentración final de, al menos, la mitad de la CIM para cada aislamiento y una multiplicidad de infección fago: bacteria (MOI): 1,5 y 10. **Resultados.** Se encontró un efecto sinérgico en cuanto a la reducción bacteriana para aislamientos SARM en la terapia combinada de OXA 8μg/mL y MOI:10, especialmente, frente aquellos aislamientos SARM multidrogoresistentes. Asimismo, se identificó reducción bacteriana empleando únicamente el bacteriófago sobre aislamientos MRLM y SARM. **Conclusiones.** Se establecieron CIM sub inhibitorias contra todos los aislamientos en el tratamiento fagoterapia combinada. Se evidenció una mayor eficiencia en reducción bacteriana del fago único frente a aislamientos sin componentes mec. De esta forma, se evidencia que los bacteriófagos y la fagoterapia combinada como una terapia promisorias sobre el fenómeno de resistencia antimicrobiana.

P-023

Alta especificidad de bacteriófagos y cócteles contra S. aureus sensible (MSSA) y resistente a meticilina (MRSA) pertenecientes al exitoso CC8 y productor de biopelícula.

Velasco-Castaño J, Salazar-Ospina L, Zapata-Montoya M, Tellez-Carrasquilla S, Jiménez-Quiceno N. Grupo de investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA) Medellín.
jjose.velasco96@gmail.com

Introducción. *S. aureus* sensible (MSSA) y resistente a meticilina (MRSA) pertenecientes al CC8, revisten gran relevancia epidemiológica en el entorno comunitario y hospitalario debido a su capacidad de diseminación y producción de factores de virulencia. Los bacteriófagos líticos resurgen como una alternativa para el control de estos patógenos. Este trabajo describe la caracterización de bacteriófagos y la evaluación de cócteles, contra aislados de *S. aureus* del CC8 y productores de biopelículas. **Materiales y métodos.** Estudio experimental. Los bacteriófagos se aislaron a partir de hisopados de humanos y mascotas. En la caracterización de los bacteriófagos se incluyó el rango de hospedero, eficiencia de plaqueo (EOP), curva de infección, curva de un paso, estabilidad de los bacteriófagos a diferentes condiciones de temperatura y pH, microscopía electrónica y secuenciación del genoma completo. Adicionalmente se evaluó la actividad anti-biofilm. **Resultados.** Se obtuvieron cinco bacteriófagos activos contra *S. aureus* con alta especificidad de género (100%). El rango de hospedero intra-especie mostró una actividad entre el 10% y 33%, con una acción preferencial contra los aislados del CC8 (hasta un 61,7%). La evaluación de cócteles mostró mayor actividad contra un 38% de los aislados y la curva de infección evidenció una inhibición del crecimiento bacteriano hasta del 100% a una multiplicidad de infección de 0,0001 durante 12 horas (FSA 4). Finalmente, los bacteriófagos tuvieron actividad anti-biofilm y eran pertenecientes a la clase de los Caudoviricetes. **Conclusiones.** Estos resultados evidencian una alta especificidad de los bacteriófagos aislados contra *S. aureus* perteneciente al CC8 productores de biopelícula. Además las características biológicas demuestran su potencial uso en el control de este microorganismo.

P-024

Nuevas mutaciones en PBP1 y AcrB relacionadas con la resistencia a meticilina en aislamientos clínicos de Staphylococcus aureus sin variantes del gen mec en Colombia.

Matiz-González J, Mancera M, Leal A, Baptista R, Rincón S, Carvajal L, Arias C, Celis-Ramírez A, Reyes J. Unidad de Genética y Resistencia Antimicrobiana - Universidad El Bosque, Grupo de Investigación Celular y Molecular de Microorganismos Patógenos - Universidad De Los Andes, Grupo de Investigación en Enfermedades Infecciosas - Universidad Nacional de Colombia, Houston Methodist Research Institute - Houston Methodist Hospital - Weill Cornell Medical College. Bogotá.
jmmatiz@unbosque.edu.co

Introducción. En aislamientos de *S. aureus* resistentes a metilina (MRSA) y carentes de los genes *mecA* o *mecC*, se asocia la resistencia con mutaciones en PBP1-PBP4, GdpP o AcrB, las cuales no han sido reportadas en Colombia. Se caracterizaron los determinantes genéticos en dos aislamientos clínicos de *S. aureus* resistentes a metilina sin variantes del gen *mec*. **Materiales y métodos.** Uno de los aislamientos (SaA) fue recuperado en 2015 de un cultivo de orina y el segundo (SaB) en 2016 de una secreción de líquido peritoneal. La susceptibilidad a oxacilina se evaluó mediante microdilución en caldo, y la confirmación de especie y detección de *mecA*, por PCR múltiple. Se realizó la secuenciación de genoma completo por Illumina para evaluar la presencia de variantes *mec* (A/B/C) y otros determinantes asociados con resistencia a oxacilina (mutaciones en PBP1-PBP4, promotor de *pbp4*, GdpP y AcrB). **Resultados.** Ambos aislamientos fueron identificados como MRSA (CIM de oxacilina 16 µg/mL) y sin *mecA* por PCR. La caracterización genómica mostró que SaA (ST-5/CC-5/agr-III) y SaB (ST-765/CC-30/agr-I) no portan ninguna variante de *mec*, y que el operón *bla* estaba completo en SaB, pero ausente en SaA. Adicionalmente, se encontraron cambios genéticos en SaA y SaB, previamente asociados con resistencia a la metilina sin *mec*, algunos comunes en ambos (PBP1: N118D, PBP3: T438S y PBP4: T409A) o exclusivos (i.e., P285A/R717* en la PBP2 de SaB). Notablemente, se identificaron mutaciones novedosas, como D604G en PBP1 y mutaciones en AcrB (T52S/A282T/P285S/A577T/A677V/A711T/V747I). **Conclusiones.** Se encontraron nuevas mutaciones en PBP1 y AcrB en aislamientos clínicos de MRSA sin *mec*, junto con cambios genéticos previamente documentados.

P-025

Análisis de resistoma rectal de pacientes colonizados y no colonizados por carbenemasas mediante PCR e hibridación.

Josa D, Martínez D, Pescador Á, Hurtado L, Trujillo P, Leal R, Benavides R, Montaña D, Silva-Monsalve E, Osorio J, Hernández P, Torres I, Cortés F, Mejorano J. Clínica Shaio. Bogotá.
diego.josa@shaio.org

Introducción. El tracto gastrointestinal es el principal reservorio de diferentes genes de resistencia antimicrobiana. La colonización rectal es el mayor factor de riesgo para el desarrollo de infecciones. Nuestro objetivo fue realizar el análisis y comparación de los genes presentes en el resistoma de pacientes colonizados versus pacientes no colonizados. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo. Se analizaron 100 muestras de hisopado rectal, (50 pacientes colonizados con carbenemasas y 50 pacientes sin detección de colonización). Se realizó PCR e hibridación por el kit MDR Direct Flow HybriSpot (Vitro Master Diagnostica®) para la detección de 56 genes de resistencia antimicrobiana para nueve clases de antibióticos diferentes. **Resultados.** Frecuencia de genes en pacientes (%) colonizados / (%) no colonizados: β-lactámicos: blaSHV (84/16), blaKPC (84/0), blaNDM (80/0), blaCMY (62/58), blaCTX-M (42/18); Fenicol/quinolonas: *oqxA* (90/14), *oqxB* (72/8) *qnrB* (64/2), *qnrS* (36/40); Clo-ranfenicol: *catB3* (60/2); Oxacilina: *mecA* (38/16); Sulfonamidas: *sul1* (58/24), *sul2* (30/10), *sul3* (12/2); Vancomicina: *vanA* (14/0); macrólidos: *mefA/E* (61/28), *ermB* (48/28), *ermC* (16/6), *ermA* (2/0); MLS: *cfr* (2/2). **Conclusiones.** Nuestro estudio muestra la gran diferencia en la cantidad de genes de resistencia antimicrobiana detectados en el resistoma de los pacientes colonizados por alguna carbenemasa, a diferencia de los pacientes no colonizados, que mostraron una menor frecuencia. Se observó alta prevalencia de genes de resistencia a quinolonas y betalactamasas de espectro extendido (CTX-M y SHV) en los pacientes colonizados por carbenemasas. Se evidenció cefalosporinas (blaCMY) en similar proporción en los dos grupos de pacientes.

P-026

Caracterización del perfil de resistencia de aislamientos de *Salmonella* spp. de muestras clínicas y alimentos de Bogotá 2022-2023.

Maldonado-Cortés L, Rico-Gaitán M, Serrano-Sánchez A. Secretaría Distrital de Salud. Bogotá.
ljmaldonado@saludcapital.gov.co

Introducción. Teniendo en cuenta el concepto *One-health* (una sola salud), en el cual se señala que la salud humana y la salud animal son interdependientes y requieren un planteamiento global, se realizó la caracterización de la resistencia a los antimicrobianos en aislamientos de *Salmonella* spp. recuperados de las diferentes matrices de alimentos y de los aislamientos enviados por la red de laboratorios clínicos de Bogotá en 2022-2023. **Materiales y métodos.** Se realizó la determinación de los perfiles de resistencia de *Salmonella* spp. en

355 aislamientos de Vigilancia de Enfermedades (VE) y en 119 aislamientos de Vigilancia de Ambiente y Consumo (VAC). Los perfiles se identificaron mediante la concentración mínima inhibitoria automatizada, estandarizada y fue llevada a cabo en la Subdirección del Laboratorio de Salud Pública (SLSP) de Bogotá. **Resultados.** Durante el periodo 2022-2023, se confirmaron 474 aislamientos de *Salmonella*. De estos, 355 (74,8%) corresponden a VE y 119 (25%) a VAC. También, 117 (32,9%), 191 (53,57%) y 47 (13,1%) presentan susceptibilidad disminuida a la ampicilina, Ciprofloxacina y Trimetoprima/sulfametoxazol, respectivamente. 84 (23%) presentan resistencia a más de 2 antibióticos. En cuanto a VAC 45 (37,1%) son resistentes a Ciprofloxacina. No se presentaron aislamientos resistentes a carbapenémicos. **Conclusiones.** La susceptibilidad disminuida a las fluoroquinolonas en *Salmonella* spp. de origen humano y alimenticio refleja repercusión de su uso en la industria alimentaria y su propagación de multiresistencia en la salud humana.

P-027

Péptidos híbridos derivados de melitina, buforina y/o lactoferrina: obtención y evaluación de la actividad antibacteriana.

Ramírez-Celis D, Cuero-Amu K, Chávez-Salazar F, García-Castañeda J, Fierro-Medina R, Rivera-Monroy Z. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
daaramirezce@unal.edu.co

Introducción. El uso indiscriminado de antibióticos ha generado un incremento de la resistencia bacteriana. Razón por la cual, la OMS ha priorizado la búsqueda de nuevas moléculas con potencial terapéutico. Entre estas, se destacan los péptidos antimicrobianos (PAMs). En el presente trabajo se sintetizaron péptidos truncados de Melitina y péptidos híbridos de esta secuencia con Lactoferrina Bovina y Buforina II. y se evaluó su actividad antibacteriana contra *E. coli* ATCC 25922 y *S. aureus* ATCC 29213. **Materiales y métodos.** Los péptidos se obtuvieron mediante la síntesis de péptidos en fase sólida (SPPS) utilizando la estrategia Fmoc/tBu. Estos fueron purificados mediante extracción en fase sólida (RP-SPE) y se caracterizaron por RP-HPLC y LC-MS. Se determinó la concentración mínima inhibitoria (CMI) y concentración mínima bactericida (CMB) de los péptidos contra *E. coli* ATCC 25922 y *S. aureus* ATCC 29213. **Resultados.** Se obtuvieron seis péptidos cortos de melitina: MEL (1-9), MEL (5-13), MEL (10-18), MEL (12-26), MEL (15-23) y MEL (19-26). El péptido MEL (15-23) presentó la mejor actividad antibacteriana y, a partir de esta secuencia, se obtuvieron péptidos ramificados y ramificados, híbridos que contenían las secuencias RRWQWR y/o RLLR por SPPS-Fmoc/tBu y química click. Los péptidos fueron obtenidos con alta pureza y los valores de CMI y CMB fueron determinados. **Conclusiones.** Se encontraron 2 péptidos truncados de MEL que presentaron actividad antibacteriana contra *E. coli* ATCC 25922. Además, se obtuvieron doce PAMs quiméricos que no han sido reportados, los cuales, presentaron actividad antibacteriana contra las dos cepas evaluadas, siendo moléculas promisorias para su uso como agentes terapéuticos.

P-028

Vigilancia genómica de *Vibrio cholerae* en Colombia, 2024.

Montaña L, Gil S, Rodríguez E, Duarte C, Diaz-Guevara P, Vargas M, Escandón P, Montilla-Escudero E. Grupo de Microbiología - Instituto Nacional de Salud (INS). Bogotá.
pdiaz@ins.gov.co

Introducción. *Vibrio cholerae* considerado una amenaza a la salud global, actualmente ha generado alertas en la región. En Colombia, a partir de la vigilancia intensificada de Cólera en 2010, se han reportado 280 casos clínicos y 413 ambientales. Se describe la genómica de aislamientos de *V. cholerae* recuperados en 2024. **Materiales y métodos.** Se analizaron tres aislamientos clínicos de *V. cholerae* (no-O1/no-O139), no toxigénicos, recuperados en abril y mayo de 2024. Las muestras proceden del Atlántico, Bogotá y Córdoba por la vigilancia del Instituto Nacional de Salud (INS). Fueron aislados en Agar TCBS y confirmados por cuerda, oxidasa, serogrupo y serotipo por antisueros, PCR género *Vibrio cholerae*, toxina (CT), factor de colonización (TCP), PCR serogrupo O1 y O139. Secuenciadas en Miseq (Illumina). Los datos crudos se analizaron en Resfinder, VFDB, pubMLST, filogenia por máxima verosimilitud (IQTree) y análisis de SNPs comparando 16 aislamientos latinoamericanos y dos *V. cholerae* epidémicos colombianos. **Resultados.** Se confirmaron los tres casos de *V. cholerae* (no-O1/no-O139) no toxigénicos; un caso correspondió a un viajero procedente de Asia, con gastroenteritis y hubo dos casos autóctonos, con celulitis y leucemia linfocítica-EDA con mortalidad asociada. Los aislamientos carecen

de los genes de virulencia clásicos pero presentan T6SS y toxinas RTX. Los determinantes de resistencia fueron: los aminoglucósidos, SXT y tetraciclinas. La filogenia indica que son heterogéneos y distantes con aislamientos epidémicos. **Conclusiones.** El incremento de casos clínicos por *V. cholerae* no toxigénicos (no-O1/no-O139) sugiere asociación con limitaciones en saneamiento básico y factores climáticos. Los factores de virulencia citotoxina RTX y T6SS confirman su potencial patogénico causante de enfermedad grave.

P-029

Mecanismos moleculares de diseminación de carbapenemasas en *Klebsiella pneumoniae* en dos ciudades colombianas (2018 – 2021).

Bolano N, De-La-Cadena E, Castro B, Rodríguez J, Marín A, Villegas M, Mojica M. Universidad Popular del Cesar, Universidad El Bosque, Universidad de Santander y Centro de Investigaciones Microbiológicas del Cesar, Clínica General del Norte, Clínica Imbanaco - Grupo Quironsalud, Case Western Reserve University. Valledupar. nallethbolano@unicesar.edu.co

Introducción. Colombia es un país con genes endémicos de blaKPC, principalmente por la diseminación clonal de blaKPC-3 en el ST258 en *K. pneumoniae* y la diseminación plasmídica de blaKPC-2 en diferentes especies de Gram negativos. Sin embargo, recientemente ha habido un aumento de blaNDM entre *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos (CR-Kp). El objetivo de este estudio es identificar los mecanismos moleculares de transmisión resistencia entre aislamientos de CR-Kp en 2 ciudades colombianas. **Materiales y métodos.** Se recolectaron 89 aislamientos clínicos de CR-Kp en 7 hospitales de Valledupar y Barranquilla (2018 – 2021). Se realizó qPCR para carbapenemasas y Electroforesis de Campus Pulsados para la selección de 31 aislamientos para secuenciación. **Resultados.** Se identificaron 12 STs; 72% (64/89) portaban blaKPC, 22,5% (20/89) blaNDM, y blaKPC/blaNDM o blaKPC/blaVIM en el 4,5% (4/89). Un aislamiento producía 3 carbapenemasas (KPC-2, NDM-1, y VIM-24). El ST11 se asoció con blaKPC-3, mientras blaKPC-2 y blaNDM se asociaron con diversos STs. Otros genes como blaOXA-1 y blaCTX-M-15 se encontraron en 81% y 61% de los aislamientos, respectivamente. El 81% de los genes blaKPC-2 y blaKPC-3 se encontraron en un Tn4401b. Finalmente, los plásmidos tipo IncF se encontraron en la mayoría de los aislamientos. **Conclusiones.** Aunque KPC sigue siendo la carbapenemasa más frecuente entre CR-Kp, es preocupante la diseminación de NDM-1 asociados a diferentes ST, incluidos clones de alto riesgo. Asimismo, es alarmante el aumento de aislamientos productores de carbapenemasas de diferentes clases moleculares, puesto que su constituyen un desafío de diagnóstico. Financiado por Minciencias, convocatoria 727

P-030

Medición del consumo de antibióticos en pacientes adultos: comparación entre dosis diaria definida y duración de tratamiento.

Rendón-Valencia L, Valencia-Rey P, Valencia-Acosta N. Hospital San Vicente Fundación. Medellín. yuli.agudelo@sanvicentefundacion.com

Introducción. Nuestro objetivo es comparar la dosis diaria definida (DDD) y la duración de un tratamiento (DOT) con antibióticos en la población adulta con el fin de determinar si existen diferencias significativas al correlacionar ambas medidas. **Materiales y métodos.** Estudio analítico, observacional, retrospectivo, en pacientes adultos hospitalizados en salas generales o de cuidado crítico, en un hospital de alto nivel de complejidad, que recibieron antibióticos entre Enero 2022 a Diciembre 2023. Se realizó análisis bivariado utilizando GraphPad Prism 9[®]. Se utilizó análisis por regresión de la línea recta y correlación de Pearson, considerando correlación entre variables si $R^2 > 0,8$, $Syx > 0,8$. **Resultados.** Se analizaron 69349 datos de 4981 pacientes. El medicamento con mayor cantidad de datos analizados fue piperacilina tazobactam en UCI con 16045 (2700 pacientes). Con $R^2 < 0,8$, $Syx > 15$ y $R.Pearson < 0,8$ se demostró que no existe correlación entre la DDD y DOT cuando se analiza la suma de todos los medicamentos. Se analizó por separado la suma de UCI y Hospitalización o se analizó la suma de los medicamentos cuyo rango intercuartílico de consumo es diferente a la DDD teórica reportada por la OMS. El único grupo de medicamentos que demostró correlación entre DDD y DOT con $R^2 > 0,8$, $Syx > 0,8$ fue la suma de los medicamentos cuyo Rango Intercuartílico de Consumo es igual a la DDD teórica reportada por la OMS (ertapenem - amikacina).

Conclusiones. En instituciones de alta complejidad, en donde la variedad de patologías atendidas ameritan ajuste en la dosis ya sea por falla renal o hepática o por indicación (microorganismos inusuales), DDD no es confiable para la medición del consumo de antimicrobianos.

P-031

Caracterización de Enterobacterales productoras de carbapenemasas en unidades de cuidados intensivos de un hospital de tercer nivel en Cali, Colombia.

Fernandes-Pineda M, Martínez-Buitrago E, Bravo J, Matta-Cortés L, Ospina-Galíndez J, Paredes-Amaya C. Universidad del Valle, Pontificia Universidad Javeriana, Universidad Autónoma de Occidente. Cali. monica.fernandes.pineda@gmail.com

Introducción. Los Enterobacterales productores de carbapenemasas (EPC) representan una gran amenaza para la salud pública. Aunque, existen informes de endemicidad de EPC en países en vías de desarrollo, la información sobre estos microorganismos continúa siendo limitada. Este estudio tuvo como objetivo caracterizar la frecuencia y tipos de carbapenemasas de EPC aisladas de pacientes en las unidades de cuidados intensivos (UCI) de un hospital en Cali, Colombia. **Materiales y métodos.** Se desarrolló un estudio observacional transversal. Se recogieron hisopados rectales de pacientes ingresados en la UCI entre julio de 2022 y abril de 2023. Se emplearon métodos de fenotipificación para la identificación bacteriana y la producción de carbapenemasas, mientras que el tipo de carbapenemasas se confirmó utilizando métodos inmunocromatográficos y moleculares. Se extrajeron los datos demográficos y clínicos de registros médicos electrónicos. **Resultados.** En el estudio participaron 223 pacientes, de los cuales, 36 estaban colonizados o infectados por EPC, lo que resultó en una prevalencia de EPC del 16.14%. Los factores asociados con la colonización/infección por EPC incluyeron: una estancia prolongada en la UCI, exposición previa a antibióticos carbapenémicos, realización de procedimientos invasivos y admisión debido a trauma. Entre los EPC, *Klebsiella pneumoniae* (n = 21) fue el microorganismo más prevalente, seguido de *Escherichia coli* (n = 5), *Enterobacter cloacae* (n = 4) y *Klebsiella oxytoca* (n = 2). Las carbapenemasas predominantes identificadas fueron KPC (57,8%) y NDM (37,8%). **Conclusiones.** Este estudio revela una prevalencia relativamente baja de EPC en nuestras UCI, con una notable presencia de *K. pneumoniae* portadora del gen blaKPC.

P-032

Género Piper: conocimiento de las propiedades antimicrobianas y antioxidantes para el desarrollo de nuevos fármacos.

Peláez-Villegas J, Mesa-Vanegas A. Universidad de Antioquia. Medellín. janneth.pelaez@udea.edu.co

Introducción. El uso de antibióticos durante más de 100 años ha desencadenado la transferencia rápida y generalizada de Genes de Resistencia a los Antibióticos (ARG) entre bacterias. La resistencia bacteriana a los antibióticos surge casi al mismo tiempo que cuando los nuevos antibióticos ingresan al mercado y se implementan considerablemente en nuestra sociedad (OMS, 2023). Existe un enorme interés en desarrollar nuevos agentes con enfoques alternativos para tratar dichas infecciones. En la medicina tradicional el género *Piper sp.* se utiliza para tratar enfermedades como malaria, neumonía, anemia, cólera y artritis. El cual, presenta diferentes clases de compuestos bioactivos. El objetivo de este trabajo es determinar las propiedades antimicrobianas y antioxidantes de extractos etanólicos de cuatro especies del género *Piper sp.* **Materiales y métodos.** Se evaluó la inhibición del crecimiento bacteriano *in vitro* de 4 extractos etanólicos de *Piper sp.* por método de difusión con discos de Kirby-Bauer contra bacterias patógenas Gram- y Gram+ transmitidas por alimentos. Por otro lado, el potencial antioxidante fue evaluado con los métodos espectrofotométricos DPPH• y ABTS•+ **Resultados.** Los extractos presentaron actividad antioxidante en concentraciones entre 1000-31,25 ppm y actividad antibacteriana a concentraciones de evaluación de 400 µg/ disco con halos de inhibición entre 8 y 25mm **Conclusiones.** El conocimiento del potencial antimicrobiano y antioxidante permiten el desarrollo de agentes antibacterianos más eficaces que minimicen la resistencia a los medicamentos. Agradecimientos a la vicerrectoría de investigación comité para el desarrollo de investigación -CODI- por el financiamiento del proyecto código 2023-63350

INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA

P-033

Caracterización clínica de las infecciones por *Staphylococcus aureus* en pediatría: resultados preliminares de estudio multicéntrico Staphylored Colombia 2023.

Gutiérrez-Tobar I, Camacho-Moreno G, Beltrán-Echeverry M, Díaz-Díaz A, Camacho-Cruz J, Toro-Maldonado J, Chaucanez-Bastidas Y, Luengas-Monroy M, Patiño-Niño J, Pérez-Camacho P, Araque-Muñoz P, Beltrán-Higuera S, Pardo-López Y, Jaimes-Sanabria M, Sandoval-Calle L, Jaramillo-Estrada L, Carvajal C, Pérez-Romero I, Londoño-Ruiz J, Vásquez-Hoyos P, Andrade-Fernández J. Clínica Infantil Colsubsidio, HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia, Hospital de San José, Hospital General de Medellín, Hospital de San José - Cruz Roja Rafael Henao, Clínica Medilaser, Hospital Infantil Los Ángeles, Fundación Valle Del Lili, Clínica del Country, Clínica Universitaria Colombia - Colsanitas, San Rafael de Facatativa, Universidad Nacional de Colombia, Staphylored Latam, Universidad Finis Terrae, Universidad de los Andes, Clínica Infantil Santa María del Lago, Fundación Universitaria de Ciencias de la Salud, Hospital Militar Central. Bogotá. majaimess@unal.edu.co

Introducción. *Staphylococcus aureus* es una causa importante de infección en pediatría, con variaciones en presentación y gravedad. El objetivo de este estudio es describir las características clínicas de las infecciones por *S. aureus* en niños colombianos. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo que incluyó a todos los pacientes pediátricos con infección por *S. aureus* atendidos en once instituciones de salud, en siete ciudades de Colombia, entre enero y junio 2023. Se recopilaron datos demográficos, y clínicos. Se realizó un análisis descriptivo de los variables principales. **Resultados.** Se incluyeron 536 casos, 60,4%(324) personas de sexo masculino. La mediana de edad es de 5,5 años (RIQ: 0,7-12,1). El 27,2%(145) presentó alguna comorbilidad. El origen más frecuente fue piel y tejidos blandos(PYTB) (41,2%), seguido de infección osteoarticular(IOA)(20%) y respiratorio(20%). En menores de 1 año, el origen más frecuente fue infección pulmonar(36,3%); de 1 a 5 años, PYTB(49,5%); y de 5 a 12 años, IOA(47,5%). El 31%(161) presentó bacteriemia, siendo más frecuente en mayores de 12 años(32,9%). El 15,3%(82) cursaron con infecciones múltiples. El 32%(173) ingresaron a cuidados intensivos. La mediana de hospitalización fue de 13 días (RIQ: 7 - 25); un 18% por menos de 10 días y un 30% más de 21 días. Ocho niños (1,5%) murieron, la mayoría (n=3, 37,5%) en el grupo de 5 a 12 años. **Conclusiones.** *S. aureus* representa una causa significativa de morbimortalidad en pediatría. Las PYTB e IOA son las causas más comunes y generalmente implican hospitalizaciones prolongadas. Es crucial el seguimiento y la comprensión de su presentación clínica.

P-034

Caracterización clínica, epidemiológica y microbiológica de la enfermedad neumocócica invasiva en pacientes mayores de 5 años. ¿Una oportunidad de prevención?

Pulido E, Camacho-Moreno G, Lucía-Leal A, Patiño J, Moreno V, Vásquez P, Gutiérrez I, Londoño J, Beltrán S, Álvarez-Olmos M, Mariño C, Espinosa F, Rojas J, Arango-Ferreira C, Trujillo M, Díaz-Díaz A, Suárez M, López-Medina E, López P, Coronell W, Chaucanez Y, Mendoza L, Romero A, Toro J, Sosa L, Guerrero M, Arias A, Ramos N, Barrero R, Restrepo-Cedeño A, Montañez A. Red neumocolumbia, Universidad Nacional de Colombia, HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia, Fundación Valle del Lili, Clínica Santa María del Lago, Clínica Infantil Colsubsidio, Clínica Universitaria Colsanitas - Clínica Pediátrica, Clínica Universitaria Colombia, Fundación Cardioinfantil - Instituto de Cardiología, Hospital Militar Central, Hospital Infantil Universitario de San José, Fundación Clínica Infantil Club Noel, Hospital Universitario San Vicente Fundación, Hospital Pablo Tobón Uribe, Hospital General de Medellín, Unidad de Servicio de Salud Tunal, Hospital Universitario San Ignacio, Centro Médico Imbanaco, Hospital Universitario del Valle, Hospital Infantil Napoleón Franco Parejo, Hospital Infantil los Ángeles de Pasto, Grupo Clínica Médicos Valledupar, Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo, Clínica Medilaser, Clínica San Luis de Bucaramanga, Hospital Erasmo Meoz, Clínica Medical Duarte, Cobos Medical Center, Unidad de Servicios de Salud Santa Clara - Subred Centro Oriente, Hospital San Rafael de Facatativa, Hospital Universitario Clínica San Rafael. Bogotá. epulidos@unal.edu.co

Introducción. La enfermedad neumocócica invasiva (ENI) causa alta morbimortalidad en personas ≤ 5 años, sin embargo, los datos epidemiológicos en población mayor de 5 años son limitados. **Materiales y métodos.** Análisis descriptivo secundario de la Red neumocolumbia, que recoge, prospectivamente, pacientes pediátricos mayores de 5 y menores de 18 años con ENI admitidos en 30 hospitales de Colombia desde enero de 2017 hasta diciembre de 2022. Se describieron los diagnósticos, comorbilidades y vacunación. Se presentaron las categorías de estancia, ingreso a UCIP y letalidad. También las categorías de serotipos aislados y la sensibilidad antibiótica. Todas estas variables fueron analizadas mediante estadística descriptiva. **Resultados.** Se identificaron 121 casos (18.9%) de la cohorte total. 52 casos (43%) con neumonía, 30 (25%) meningitis, 2 (1,6%) ambas, 27 (22%) bacteriemia primaria y 10 (8%) otra infección. 69 casos (57%) tenían comorbilidades, las más frecuentes fueron: neoplasias (n=24), patología neurológica crónica (n=20) e inmunodeficiencia (n=13). Solo 38% (n=46) tenían esquema completo de vacunación. La mediana de estancia hospitalaria fue de 13 días (RIQ=6-21). 56% (n=68) ingresaron a UCIP. Letalidad, 17%(n=20). Se obtuvo serotipo en 43%(n=52) casos; los más frecuentes fueron 19^a (33%), 6C (7,7%), 15^a (5,8%). Se obtuvo sensibilidad en 99 aislamientos (81,8%); 76 No meningeos (NM) y 23 meningeos(M), Los aislamientos meningeos presentaron sensibilidad disminuida a penicilina y ceftriaxona el 48% y 18% respectivamente. Los NM presentaron sensibilidad disminuida a penicilina y ceftriaxona el 24% y 18% respectivamente. **Conclusiones.** La ENI es una causa importante de morbilidad, ingreso a UCI y letalidad en pacientes mayores de 5 años particularmente con comorbilidades. El Spn19A es el más frecuente. Se debe fortalecer la cobertura de vacunación en este grupo etario.

P-035

Caracterización clínica y microbiológica de la meningitis bacteriana aguda por *Streptococcus pneumoniae* en Colombia durante el periodo de vacunación masiva con PCV10 (2017-2022) en medio de la pandemia de COVID-19.

Restrepo-Cedeño A, Patiño-Niño J, Camacho-Moreno G, Leal-Castro A, Moreno-Mejía V, Vásquez-Hoyos P, Gutiérrez I, Beltrán S, Álvarez-Olmos M, Mariño C, Barrero-Barreto R, Rojas-Hernández J, Espinosa F, Arango C, Suárez M, Trujillo-Valencia M, López-Medina E, López-López P, Coronell-Rodríguez W, Pinzón-Redondo H, Ramos-Rodríguez N, Montañez-Ayala A. Universidad ICESI - Red neumocolumbia, Fundación Valle del Lili, HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia - Universidad Nacional de Colombia, Clínica Infantil Colsubsidio, Clínica Pediátrica - Clínica Universitaria Colsanitas, Clínica Universitaria Colombia, Fundación Cardioinfantil Instituto de Cardiología, Hospital Militar Central, Unidad de Servicios de Salud Santa Clara - Subred Centro Oriente, Fundación Clínica Infantil Club Noel, Hospital Infantil Universitario de San José, Hospital Universitario San Vicente Fundación, Hospital Universitario San Ignacio, Hospital Pablo Tobón Uribe, Centro Médico Imbanaco, Hospital Universitario del Valle, Hospital Infantil Napoleón Franco Parejo, Los Cobos Medical Center. Cali. a.restrepo.ced@gmail.com

Introducción. La Red Neumocolumbia se encarga de estudiar la enfermedad neumocócica invasiva en Colombia analizando su comportamiento posterior a la introducción de la vacunación con PCV10 en 2012. El objetivo del estudio es dilucidar cómo evolucionaron los casos de meningitis bacteriana aguda (MBA) por *Streptococcus pneumoniae* en Colombia durante el periodo de vacunación masiva con PCV10 (2017-2022), incluida la pandemia de COVID-19. **Materiales y métodos.** Este informe incluye a pacientes menores de 18 años con MBA por *Streptococcus pneumoniae* registrados prospectivamente en 17 hospitales colombianos entre 2017 y 2022. Comparamos las características clínicas diferenciales entre los periodos de 2017-2019 y 2020-2022. **Resultados.** De los 530 pacientes, 53 (10%) tenían MBA. La edad promedio fue de 60 meses, 30 eran varones (57%). Hubo 31 casos (59%) en Bogotá, 21 casos durante el periodo de 2017-2019 (1.14 casos por cada 100.000 niños), y 12 casos durante 2020-2022 (0.63 casos por cada 100.000 niños). Se registraron 10 casos (20%) en Cali, 6 en Medellín (12%) y 4 en Cartagena (9%). La serotipificación de 27 pacientes (51%) reveló 25 casos con serotipos no incluidos en PCV10 (47%). 18 aislamientos fueron resistentes a la penicilina (34%), de los cuales 8 fueron Spn19A. La duración promedio de la estancia hospitalaria fue de 18 días (4 SD) y fallecieron 17 pacientes (32%). **Conclusiones.** No se encontraron diferencias en el espectro clínico de la MBA causada por *S. pneumoniae* entre los periodos evaluados. Las políticas de cuarentena y prevención pudieron haber reducido el número de casos en general. El serotipo Spn 19A aumentó en ambos periodos.

P-036**Evaluación *in vitro* de la actividad antimicrobiana de diferentes antibióticos innovadores y genéricos de uso pediátrico.**

Torres-Morales S, López-García Á, Ramírez-García M, Cruz-Palacios M, Arbeláez-Quintero I, García-Cepero A. Corporación para Investigaciones Biológicas – CIB, Escuela de Microbiología UDEA, Facultad de Ciencias Farmacéuticas y Alimentarias - UDEA. Tecnoquímicas S.A. Rionegro.
anamariagarciacepero@gmail.com

Introducción. El uso de antibióticos genéricos es una alternativa viable y económica siempre que se garantice su calidad comparativa con medicamentos innovadores. El alto costo de estos últimos dificulta el acceso responsable a la terapia antimicrobiana, sin el cual, se propicia la aparición de la resistencia a los antibióticos. En este trabajo se evaluó y comparó la actividad antimicrobiana *in vitro* de antibióticos genéricos e innovadores comunes en el uso pediátrico. **Materiales y métodos.** Se evaluó y comparó la actividad antimicrobiana de azitromicina, amoxicilina, trimetropin/sulfa y amoxicilina/clavulanato en 3 concentraciones, tanto genéricos como innovadores, frente a cepas ATCC de *Streptococcus pneumoniae*, *Streptococcus pyogenes*, *Escherichia coli* y *Enterococcus faecalis*. Se realizó el Kirby Bauer según el manual M-100 del CLSI. La significancia estadística se estimó por ANOVA con valores de $p < 0,05$ para determinar las diferencias estadísticamente significativas. **Resultados.** Los antibióticos ensayados presentaron actividad sobre todas las bacterias evaluadas y no se observaron diferencias estadísticamente significativas entre la actividad antimicrobiana, de los productos genéricos y los innovadores, con halos de inhibición equivalentes en todos los casos. **Conclusiones.** Se determinó que los productos genéricos evaluados poseen actividad antimicrobiana equiparable a los productos innovadores evaluados, representando una alternativa terapéutica económica, de alta competitividad y equivalencia *in vitro* sobre las cepas de bacterias evaluadas. Sin embargo, su comparabilidad *in vivo* debe ser determinada.

P-037**Resurgimiento de *Mycoplasma pneumoniae* en pediatría e infección severa: estudio multicéntrico en la era post-pandemia en Colombia.**

Gutiérrez-Tobar I, Beltrán-Arroyabe C, Londoño-Ruiz J, Cruz-Acevedo D, Rendon-Cifuentes J, Ballén-Pinilla L. Clínica Infantil Santa María del Lago y Clínica Infantil Colsubsidio, Clínica El Rosario. Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud - Universidad del Rosario. Bogotá.
ivanfeligutiérrez@gmail.com

Introducción. El *Mycoplasma pneumoniae* presenta variaciones en severidad y circulación. Durante pandemia presentó marcada disminución, con aumento a nivel global posterior al confinamiento. Se describe la experiencia en Bogotá y Medellín de aumento de casos graves de *M. pneumoniae* en pediatría. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, retrospectivo de pacientes pediátricos con *M. pneumoniae* por PCR múltiple por infección grave durante el 2023, en 2 centros en Bogotá y Medellín. Se incluyeron datos demográficos y clínicos. Se realizó un análisis descriptivo y se comparó grupo de UCIP vs manejo en pisos. **Resultados.** Se incluyeron 90 pacientes, con edad de 4 años (RIQ, 2-7), 54 (59,3%) fueron hombres; 44(48,3%) con algún factor de riesgo, el más frecuente fue bronquiolitis o episodio bronco obstructivo previo(38,5%) y asma (11%); 62(68,1%) presentaron fiebre, 85(93,4%) tos, y 33(36,3%) sibilancias. 45 pacientes (49,4%) presentaron opacidades intersticiales y alveolares y 6 (6,7%) derrame pleural. Se encontró codetección en 54 (59,4%); Rhino/enterovirus 34 (37,4%), adenovirus 16 (17,6%) y VRS 13 (14,3%) las más frecuentes. 62(68,1%) requirieron UCIP, con estancia de 5 días (RIQ 3-6 días). 32(35,2%) requirieron CNAF, 23(25,3%) máscara de no reinhalación, 20 (22,0%) cánula nasal y 10 (11,0%) ventilación mecánica. Menor edad (4 vs. 5 años, $p=0,0597$), mayor frecuencia de codetecciones (67,7% vs. 37,9%, $p=0,007$) y mayor presencia de sibilancias (46,8% vs. 13,8%, $p=0,002$) fueron más frecuentes en pacientes que ingresaron a UCIP. 1(1,1%) paciente falleció. **Conclusiones.** Posterior a la pandemia se describe aumento de casos graves en Colombia por *Mycoplasma pneumoniae*. Las condiciones de menor edad, co-detecciones y sibilancias parecen tener relación con una mayor severidad. Debe continuar la vigilancia de circulación y clínica de *M. pneumoniae*.

P-038**Diferencias regionales en cuanto a la enfermedad neumocócica invasiva pediátrica en Colombia tras la introducción de PCV10 (2017-2022).**

Camacho-Moreno G, Moreno-Mejía V, Leal-Castro A, Patiño-Niño J, Vásquez P, Gutiérrez-Tobar I, Londoño J, Beltrán S, Álvarez-Olmos M, Mariño C, Espinosa F, Rojas J, Arango-Ferreira C, Trujillo M, Díaz-Díaz A, Suárez M, López-Medina E, López P, Coronell W, Chaucanez Y, Mendoza L, Romero A, Toro J, Sosa L, Guerrero-González M, Arias A, Ramos N, Barrero R, Restrepo-Cedeño A, Montañez A. Universidad Nacional de Colombia - HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia - Hospital San Rafael de Facatativá, Red neumocolombia, Fundación Valle de Lili, Clínica Santa María del Lago, Clínica Infantil Colsubsidio, Clínica Universitaria Colsanitas - Clínica Pediátrica, Clínica Universitaria Colombia, Fundación Cardioinfantil - Instituto de Cardiología, Hospital Militar Central, Hospital Infantil Universitario de San José, Fundación Clínica Infantil Club Noel - Universidad del Valle - Universidad Libre, Hospital Universitario San Vicente Fundación, Hospital Pablo Tobón Uribe, Hospital General de Medellín - Hospital Pablo Tobón Uribe, Unidad de Servicio de Salud Tunal - Hospital Universitario San Ignacio, Centro Médico Imbanaco, Hospital Universitario del Valle, Hospital Infantil Napoleón Franco Parejo, Hospital los Ángeles de Pasto, Grupo Clínica Médicos Valledupar, Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo, Clínica Medilaser, Clínica San Luis de Bucaramanga, Hospital Erasmo Meoz, Clínica Medical Duarte, Los Cobos Medical Center, Unidad de Servicios de Salud Santa Clara - Hospital Universitario Clínica San Rafael. Bogotá.
neumocolombia@gmail.com

Introducción. La enfermedad neumocócica invasiva (ENI) puede variar según la región. Este reporte describe diferentes regiones de Colombia después de la introducción de PCV10. **Materiales y métodos.** Análisis descriptivo secundario de Red neumocolombia, de pacientes pediátricos con ENI en 30 hospitales de Colombia desde enero 2017 hasta diciembre 2022. Se compararon los resultados de Bogotá, Medellín y Cali (Cohorte A) con Cartagena, Cúcuta, Neiva, Bucaramanga, Pasto, Facatativá y Valledupar (Cohorte B). Los resultados se analizaron mediante estadística descriptiva. **Resultados.** Se incluyeron 639 pacientes: 504(79%) en la Cohorte A y 135(21%) en la Cohorte B. La mediana de edad fue 28 meses (RIQ 11-49) en la Cohorte A y 26 meses (RIQ 9-51) en la Cohorte B. La neumonía se observó en un 65% de la Cohorte A y un 58% de la Cohorte B, con derrame pleural en un 38% y 58%, respectivamente. Hubo más bacteriemia primaria en la Cohorte A (38% vs. 25%), con iguales frecuencias en meningitis(11%). La Cohorte B tuvo más ingresos a UCIP (71% vs. 49%) y más letalidad (21% vs. 9%). Se serotipificó más la Cohorte A (58% vs. 28%) y los más frecuentes fueron Spn19A (53% vs. 47%), Spn6C (7% vs. 8%) y Spn3 (6% vs. 5%). La penicilina mostró sensibilidad disminuida en aislamientos meningococcos (19% Cohorte A, 25% Cohorte B), y no meningococcos (25% vs. 36%). **Conclusiones.** Las ciudades de la Cohorte B presentan más neumonías complicadas, ingreso a UCIP y letalidad, con menor serotipificación y sensibilidad a penicilina. Financiación: ACIN capitulo central, grants independientes Pfizer No.WI235048,57700237,76564173,

MEDICINA TROPICAL Y PARASITOLOGÍA**P-039****Patrones histopatológicos identificados en biopsias de piel con leishmaniasis tegumentaria: una serie de casos en Colombia.**

Aristizábal-Parra L, Ospina-Gómez J, Serrano-Coll H. Instituto Colombiano de Medicina Tropical - Universidad CES, Universidad de Antioquia. Sabaneta.
hserrano@ces.edu.co

Introducción. La leishmaniasis tegumentaria es una enfermedad crónica desatendida que afecta la piel y mucosas. Su detección oportuna es un desafío debido a la falta de un método de detección directa, lo que destaca la importancia de identificarla mediante patrones clínicos, histopatológicos y epidemiológicos para un diagnóstico precoz. Objetivo: describir los patrones histopatológicos asociados a un grupo de muestras con leishmaniasis tegumentaria. **Materiales y métodos.** Este estudio descriptivo se realizó a través de evaluación histopatológica usando la tinción de hematoxilina-eosina en 43

muestras embebidas en parafina de leishmaniasis tegumentaria crónica categorizadas en tres grupos: carga parasitaria moderada a alta (n=15), carga baja (n=15), e inflamación granulomatosa crónica (n=13). **Resultados.** Se observó hiperplasia epidérmica en el 34,9% y úlceras en el 62,8% de los casos con un infiltrado linfo-plasmocitario predominante en el 67,4%. Se evidenció un infiltrado histiocitario en el 90,7% de las muestras. En cuanto a la carga parasitaria, se observó que, en las muestras con carga ausente, el infiltrado histiocitario estuvo presente en el 94,8% de los casos. En las muestras con baja carga parasitaria, el infiltrado histiocitario fue alto en el 55,5%, y en las muestras con alta a moderada carga, se encontró en el 86,6%. **Conclusiones.** El diagnóstico histopatológico de la leishmaniasis tegumentaria plantea desafíos debido a la dificultad para visualizar amastigotes, especialmente en formas crónicas. Identificar patrones específicos, como el infiltrado linfo-plasmocitario e histiocitario, es crucial, independientemente de la carga parasitaria.

P-040

Perfil de parásitos intestinales de perros domésticos en la ciudad de Barranquilla, Colombia.

Sarmiento-Rubiano L, García-Toscano Y, Delgado-Soraca L, Ruiz J, Bettin-Martínez A, Becerra-Enríquez J. Grupo de Investigación Alimentación y Comportamiento Humano, Grupo Caribe de Investigación en Enfermedades Infecciosas y Resistencia Microbiana - Universidad Metropolitana, Biovet Centro de Diagnóstico Veterinario Especializado. Bogotá.
lusarru@hotmail.com

Introducción. Las zoonosis representan alrededor del 58% de las enfermedades infecciosas humanas. El 73% de los patógenos considerados reemergentes, por la OMS, están relacionados por el contacto humano con una fuente animal. La transmisión de parásitos zoonóticos entre humanos y mascotas, como los perros, está relacionada con el manejo inadecuado de los excrementos. El objetivo de este trabajo fue evaluar parasitismo intestinal entre perros y dueños en la Ciudad de Barranquilla (años 2016 a 2018). **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo que incluyó 3.279 reportes parasitológicos de heces de perro desde un laboratorio clínico que atiende una red de servicios veterinarios de la ciudad de Barranquilla. **Resultados.** El 49,2% de los perros presentaban algún tipo de parásito intestinal. Los más frecuentes fueron los helmintos: *Strongylus sp.* 9,6%, *Toxocara canis* 7,7% y *Ancylostoma caninum* 6,2%; y los protozoos: *Entamoeba spp.* 10,0%, *Isospora spp.* 6,9% y *Giardia spp.* 5,7%. No se observaron diferencias significativas en el número de animales parasitados por año. Sin embargo, el año con mayor prevalencia de helmintiasis fue el 2017 mientras que el 2016 reportó mayor prevalencia de protozoos, siendo esta diferencia significativa (prueba de Chi-cuadrado p **Conclusiones.** La presencia de parásitos intestinales de transmisión zoonótica en perros con dueño evidenció la necesidad de establecer medidas correctivas y preventivas en el ámbito de la salud pública que permitan su control al constituir un riesgo significativo de enfermedad en la comunidad.

P-041

Prevalencia de *Cryptosporidium* y *Cyclospora* en niños con enfermedad diarreica aguda en Armenia, Colombia: un estudio observacional.

Triviño-Valencia J, Nati-Castillo H, Cabeza-Acevedo N, Lora-Suárez F, Gómez-Marín J. Universidad del Quindío, Universidad Autónoma de Manizales, Hospital San Juan De Dios. Manizales.
jessica.valenciat@autonoma.edu.co

Introducción. Las enfermedades diarreicas son una de las causas principales de mortalidad en niños menores de cinco años en Colombia. Muchos casos no tienen una causa identificable. Este estudio evalúa la prevalencia de *Cryptosporidium spp.* y *Cyclospora cayetanensis* en niños con diarrea en el Hospital San Juan de Dios de Armenia usando técnicas microscópicas y moleculares. **Materiales y métodos.** Se recolectaron 150 muestras fecales de niños menores de 15 años con diarrea y 20 muestras de niños hospitalizados por otras causas. Las muestras se analizaron mediante la técnica de tinción de Ziehl-Neelsen modificada para la identificación de ooquistes de *Cryptosporidium* y *Cyclospora*. Además, se emplearon técnicas moleculares para detectar ADN de estos parásitos. La extracción de ADN se realizó utilizando lisis química y mecánica seguida de PCR para la amplificación y secuenciación de los genes específicos. **Resultados.** De las 150 muestras, 31 (19,7%) fueron positivas para *Cryptosporidium* y 15 (10,9%) para *Cyclospora* mediante tinción de Ziehl-Neelsen. Se encontró una asociación significativa entre la presencia de *Cyclospora*

y fiebre (p=0,0096). La PCR confirmó la presencia de *Cryptosporidium* en el 21% de las muestras analizadas y de *Cyclospora* en el 73%. La secuenciación permitió identificar las especies específicas de los protozoos. **Conclusiones.** La prevalencia de *Cryptosporidium* y *Cyclospora* en niños que acuden al servicio de urgencias por diarrea en Armenia, Quindío, destaca la importancia de incorporar técnicas moleculares en el diagnóstico rutinario. Es fundamental realizar una búsqueda sistemática de estos patógenos en nuestra región.

P-042

Caracterización epidemiológica de los focos activos de malaria en el Caribe colombiano 2008-2020.

Acuña-Cantillo L, Olivera M, Cortés-Alemán L, Chaparro-Narváez P, Padilla-Rodríguez. Facultad Nacional de Salud Pública - Universidad de Antioquia - Red del Conocimiento en Malaria, Grupo Parasitología - Instituto Nacional de Salud de Colombia, Laboratorio de Salud Pública - Secretaría de Salud de Bolívar, Observatorio Nacional De Salud. Medellín.
lm.acuna.cantillo@gmail.com

Introducción. La región Caribe presenta dos focos de transmisión activa de malaria situados en los departamentos de Bolívar y La Guajira. Sin embargo, no se conoce detalladamente la dinámica epidemiológica de estos, lo que hace relevante caracterizarlos. El objetivo de este estudio fue caracterizar los focos activos de malaria en la región del Caribe Colombiano. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio transversal retrospectivo a partir de fuentes secundarias para caracterizar el comportamiento epidemiológico entre 2008-2020. Se eligieron siete municipios en el estrato de riesgo cuatro en Bolívar y La Guajira, teniendo en cuenta variables sociodemográficas, índices parasitarios y revisión vectores reportados. Se utilizó Microsoft Excel Office 365® para la organización de los datos, el lenguaje de programación de R-studio® para el análisis estadístico y el programa QGIS 3.6.5 para la elaboración de mapas. Los análisis se realizaron teniendo en cuenta la naturaleza de las variables. **Resultados.** Se notificaron 23.313 casos y una mediana del IPA de 7,3 casos por cada 1.000 habitantes. El 84% (19.659 casos) se notificaron por *Plasmodium vivax*. El municipio de Montecristo aportó el 43% (9.782 casos). El 67% (15.554 casos) se notificaron (15.554) en individuos de sexo masculino y el 89% (20.726 casos) en población joven 14-28 años y primera infancia. En los municipios de Montecristo, Santa Rosa del Sur y Tiquisio se registraron los vectores: *Anopheles albimanus*, *An. nuneztovari* y *An. darlingi*. **Conclusiones.** Las características epidemiológicas identificadas exponen a la luz la necesidad de intervenciones urgentes para abordar la malaria en estos dos focos de la región Caribe.

P-043

Reactivación de la enfermedad de Chagas en pacientes postrasplante: lineamientos nacionales para su seguimiento.

Segura-Alba M, Salinas M, Patiño Y, Arias Y, Cortés-Cortés L, Guerra-Vega A, Romero-Barbosa Y, Ayala-Sotelo M. Instituto Nacional de Salud. Bogotá.
msecura@ins.gov.co

Introducción. La Enfermedad de Chagas (ECh) es endémica en 21 países de América Latina y afecta cerca de 6 a 8 millones de personas. En Colombia se estima que la población expuesta asciende a 12'288.270 de personas. La fase crónica afecta en su mayoría a personas entre los 20 a 50 años; entre el 20 a 30% de las personas con infección por *T. cruzi* sufren afectaciones predominantemente cardíacas. Algunas complicaciones constituyen una indicación para trasplante de corazón. El uso del tratamiento inmunosupresor en el post trasplante favorece la reactivación de la ECh, la cual, puede llegar a confundirse con un rechazo del nuevo órgano y agudizar su manifestación. Por lo tanto, se deben establecer lineamientos para identificar la reactivación de la enfermedad post trasplante. **Materiales y métodos.** Estudio transversal descriptivo en pacientes post trasplante de corazón, en el periodo del 2023 (n: 99) y 2024 (n: 43). En total se han trasplantado 142 personas, los cuales, se les intensifica la vigilancia por el laboratorio para identificar oportunamente la posibilidad de reactivación. **Resultados.** Se identificaron 6 pacientes con resultados positivos por PCR, de los cuales, 5 sobrevivieron y 1 falleció. Todos presentaron algunos signos y/o síntomas asociados a reactivación posterior al trasplante cardíaco. **Conclusiones.** Se elaboró el lineamiento nacional para detectar oportunamente la reactivación de la ECh, con el propósito de instaurar un tratamiento oportuno y disminuir e impactar la morbilidad y mortalidad asociada a esta parasitosis.

P-044**Efecto de la respuesta autoinmune sobre la anemia y la trombocitopenia en niños coinfectados con *Plasmodium vivax* y geohelminths en Córdoba Colombia.**

Hernández M, García Y, Yasnot M. Universidad de Córdoba. Montería. myasnot@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. Las enfermedades infecciosas provocan daños en el huésped y pueden promover la autoinmunidad en humanos. El propósito de este estudio fue evaluar el efecto de la respuesta autoinmune sobre la anemia y trombocitopenia de niños coinfectados con *Plasmodium vivax* y geohelminths en Córdoba. **Materiales y métodos.** Se evaluaron los niveles de anticuerpos anti-fosfatidilserina, anti-eritrocitos y anti-ADN mediante ELISA; la infección por geohelminths se determinó mediante la técnica de Kato katz y la caracterización hemática por hemograma de IV generación en 4 grupos de niños: control sano (CS), pacientes con malaria no complicada (MNC), pacientes con geohelminths (G), pacientes con malaria-geohelminths (MG). Todos los análisis y gráficas se realizaron mediante el software SPSS 25.0. **Resultados.** Se encontró una diferencia significativa en los niveles de anticuerpos anti-fosfatidilserina, anti-eritrocitos y anti-ADN entre (G) y (MG), los niveles de todos los autoanticuerpos analizados fueron superiores en este último grupo. La hemoglobina y las plaquetas mostraron diferencias significativas en (CS) y (MG), pero no entre el (CS) y (G). Los grupos con malaria (MNC y MG) fueron los que presentaron niveles más bajos de hemoglobina y plaquetas. No se encontró diferencia significativa en los autoanticuerpos analizados entre (MNC) y (MG). **Conclusiones.** Los geohelminths no parecen estar causando inmunomodulación sobre la infección por *Plasmodium vivax* y el incremento de los autoanticuerpos antifosfatidilserina, anti-eritrocitos y anti-ADN sugieren ser producto de la infección por *P. vivax*.

P-045**Efecto de la infección por *P. vivax* sobre las citoquinas y quimiocinas y su rol en los grados de trombocitopenia.**

Muskus M, Velasco M, Yasnot M, Cantero M. Universidad de Córdoba. Montería. myasnot@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. La trombocitopenia constituye una de las alteraciones clínicas más frecuentes en los pacientes con malaria vivax. El propósito de este estudio fue evaluar el efecto de la infección por *Plasmodium vivax* sobre las concentraciones plasmáticas de citoquinas y quimiocinas y su rol en los grados de trombocitopenia. **Materiales y métodos.** Se seleccionaron 163 pacientes con mono infección por *P. vivax* con trombocitopenia (MT), un grupo con malaria sin trombocitopenia. A todos los voluntarios, que aceptaron participar, se les diligenció el consentimiento informado y ficha clínica. La cuantificación de citoquinas (IL-2, IL-4, IL-1 β , TNF- α , IL-17A, IL-6, IL-10, IFN γ , IL-12p70, y TGF- β 1) y quimiocinas (IP-10, MCP-1 y IL-8), se realizó por citometría de flujo. Se usó el software estadístico R versión 4.3.3 para el análisis de datos. **Resultados.** La parasitemia tuvo una media de 5887 p/ μ L, se refirió tríada clásica de malaria; el 22,04% de los pacientes requirió de hospitalización. La distribución de los grados de trombocitopenia en MT, fue del 33,3% (n= 42) para MT Leve, 42,06% (n=53) para MT Moderada, 24,60% (n=31) para MT Severa. Se demostró que las citoquinas y quimiocinas proinflamatorias, INF- γ , IL-6, MCP-1 e IP-10, IL-8 tuvieron concentraciones altas **Conclusiones.** En este estudio la trombocitopenia parece estar generada por fagocitosis influenciada por el IFN γ y la IL-6. El TGF- β 1 parece estar involucrado en la regulación eficaz más P-045 que la IL10.

P-046**Efectividad del tratamiento de trimetoprim - sulfametoxazol en la ciclosporidiasis: un metanálisis.**

Mosquera-Solano L, Bermúdez-Rodríguez S, Vargas-Ricaute M, Gómez-Marín J. Universidad del Quindío. Armenia. luisf.mosqueras@uqvirtual.edu.co

Introducción. La enfermedad transmitida por el parásito *Cyclospora cayatanensis* genera síntomas gastrointestinales siendo más pronunciados en niños y en pacientes inmunosuprimidos. Actualmente, el tratamiento es Trimetoprim/Sulfametoxazol, sin embargo, su uso ha reportado recidivas que pueden requerir ciclos de tratamiento más largos. En consecuencia, se busca

realizar un metaanálisis sobre el tratamiento con Trimetoprim/Sulfametoxazol para ciclosporidiasis en niños e inmunosuprimidos **Materiales y métodos.** Se realizó una búsqueda bibliográfica en PubMed, Scopus y Google scholar hasta el 3 de noviembre de 2023 con la ecuación de búsqueda "*Cyclospora* treatment AND randomized trial". Se seleccionaron artículos de ensayo doble ciego con grupo de control aleatorizado. Esta información fue organizada en una matriz de evidencia con el objetivo de establecer la eficacia del tratamiento Trimetoprim/Sulfametoxazol para *C. cayatanensis* por medio del cálculo del porcentaje de la erradicación de ooquistes en heces al día 7 **Resultados.** Se encontraron 19 artículos, según los términos de búsqueda, de los cuales, había 6 duplicados y 3 cumplían con los criterios de inclusión. En el metaanálisis, se observó que el porcentaje de erradicación de ooquistes al día 7 con el uso de Trimetoprim/Sulfametoxazol es de 83,8% con un IC de entre 72,7% y 94,9% (p=0.001). **Conclusiones.** Se requieren nuevas investigaciones con muestras homogéneas para establecer la eficacia del tratamiento de la ciclosporidiasis en diferentes grupos clínicos, pues la evidencia actual se ha obtenido con grupos muy heterogéneos entre ellos (VIH, adultos, niños).

P-047**Evaluación del efecto *in vitro* de 3-1H-indol-3-il-pirazoles sobre *Toxoplasma gondii*.**

Vanegas-Suárez D, Gómez-Marín J, Cortés-González E. Universidad del Quindío, Universidad del Tolima. Armenia. dlvanegas@uniquindio.edu.co

Introducción. El tratamiento para la toxoplasmosis consiste en una mezcla de pirimetamina y sulfadiazina o, en algunas ocasiones, antimicrobianos combinados con otros fármacos. Efectos secundarios como hipersensibilidad, toxicidad, supresión de la médula ósea, entre otros, hacen necesario encontrar nuevos fármacos que puedan ser usados en el tratamiento contra la toxoplasmosis. Los compuestos derivados de pirazol e indol han mostrado actividad antiparasitaria evidenciando, en diferentes estudios, su posible actividad como inhibidores de *Toxoplasma gondii*. El presente trabajo tuvo como objetivo evaluar el efecto de nuevos compuestos del tipo 3-1H-indol-3-il-pirazoles sobre la invasión y proliferación de *T. gondii* en un modelo *in vitro*. **Materiales y métodos.** La evaluación se realizó utilizando células HFF, Vero y THP-1, así como la cepa RH que expresa β -galactosidasa. Se evaluó la actividad citotóxica en células HFF y THP-1 y la viabilidad de taquizoítos de *T. gondii*. Se realizaron ensayos de evaluación colorimétrica para conocer el efecto en la proliferación e invasión del parásito. Posteriormente, se realizó el análisis de datos usando el paquete estadístico GraphPad. **Resultados.** Se evaluaron 16 compuestos a los cuales se les realizó ensayo de citotoxicidad en células HFF y THP-1, en el cual se pudo observar que ninguno de los compuestos presentaba toxicidad en células. Fue posible observar un cambio morfológico. El análisis del efecto directo sobre los taquizoítos mostró que con tres compuestos hubo una reducción significativa de la viabilidad de los parásitos **Conclusiones.** Se logró evidenciar un efecto de los compuestos sobre la invasión del parásito a la célula huésped.

P-048**Síndrome febril tropical en pacientes del Hospital Militar Central: enero 2023 a mayo 2024.**

Vergara-Samur H, Faccini-Martínez A, Gómez-Quintero C. Hospital Militar Central. Bogotá. hvergara@homil.gov.co

Introducción. La distribución de enfermedad febril tropical puede variar significativamente según el sexo y la edad de los pacientes. El objetivo de este estudio fue analizar dicha distribución en el Hospital Militar Central. **Materiales y métodos.** Se realizó un análisis descriptivo sobre la frecuencia de diagnósticos de enfermedades febriles tropicales en pacientes atendidos en un hospital desde enero de 2023 hasta mayo de 2024. Se comparó la prevalencia de cada enfermedad entre hombres y mujeres y se analizó la distribución etaria de cada diagnóstico. **Resultados.** La mediana de edad de los pacientes fue de 29 años (IQR: 23 - 38). El 16,79% (n=47) de los pacientes eran mujeres y el 83,21% (n=233) hombres. Los diagnósticos confirmados más frecuentes fueron malaria (44,29%, n=124), dengue (40,71%, n=114) y leptospirosis (4,29%, n=12). La malaria afectó predominantemente a hombres (98,3%, p<0,001). El dengue también fue más común en hombres (64%) comparado con mujeres (35,9%), con una diferencia estadísticamente significativa (p<0,001). No se observaron diferencias significativas en los casos de leptospirosis entre hombres

(83%) y mujeres (16,6%). En el análisis por grupos de edad se observó que el dengue fue más frecuente en pacientes mayores de 30 años (64,91% frente a 35,09%, $p < 0,001$). La malaria, por otro lado, fue más común en pacientes menores de 30 años (80,65% frente a 19,35%, $p < 0,001$). **Conclusiones.** El estudio encontró diferencias significativas en la incidencia de malaria y dengue según el sexo y la edad de los pacientes.

MICOLOGÍA

P-049

Actividad antifúngica e inmunomoduladora del péptido LL37-1 en el tratamiento de la candidiasis vulvovaginal: un estudio *in vitro* e *in vivo*.

Suárez-Velandia M, Monsalve-Carmona D, Medina-Parra R, Guzmán-Torres K, Rodríguez-Castañeda Y, Gómez-Giraldo B, Muñoz-Henao J. Instituto Nacional de Cancerología - Fundación Universitaria de Ciencias de la Salud FUCS, Grupo de Estudios en Microbiología Traslacional y Enfermedades Emergentes, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Centro de Enfermedades Autoinmunes (CREA) - Universidad del Rosario. Bogotá.

mmauriciosuarez@unicolmayor.edu.co

Introducción. La candidiasis vulvovaginal (CVV) es una enfermedad inflamatoria del tracto genital que afecta a mujeres inmunocompetentes. En este estudio se evalúa la actividad antifúngica e inmunomoduladora del péptido LL37-1 para el tratamiento de la CVV. **Materiales y métodos.** *In vitro* se evalúa la toxicidad del péptido en fibroblastos murinos (L929) y la interacción de LL37-1 con polimorfonucleares (PMN) y células mononucleares de sangre periférica humanas (PBMC). Además, se analiza el efecto de LL37-1 en el proceso de netosis mediante la evaluación de MPO por inmunofluorescencia. En el modelo *in vivo* de candidiasis vulvovaginal se cuantifica la carga fúngica de los animales tratados con el péptido análogo LL37-1, se analiza la presencia de PMN mediante inmunohistoquímica de células MPO+ y los niveles de citoquinas en el canal vaginal se miden a través de ELISA. **Resultados.** LL37-1 potencia la capacidad fagocítica e induce la muerte de levaduras por neutrófilos, estimulados con este péptido, y además inhibe la netosis. LL37-1 aumenta la viabilidad de PMN y no es tóxico en células murinas. Los PMN y PBMC estimulados con LL37-1 aumentaron significativamente los niveles de IFN- γ e IL-17A. Se evidencia una disminución significativa de la carga fúngica en canales vaginales tratados con LL37-1, además, LL37-1 reduce la presencia de células MPO+ y la presencia de citoquinas proinflamatorias, regulando positivamente IL-17A en CVV. **Conclusiones.** LL37-1 es una alternativa terapéutica promisoriosa para la CVV, ya que disminuye la carga fúngica y estimula la inmunidad innata, regulando positivamente IFN- γ e IL-17A.

P-050

Langmuir-Blodgett study of the interaction between lipid of mycelial and yeast phases of *Histoplasma capsulatum* (Hc) of clinical and environmental isolates with Amphotericin B (AmB).

Araque-Marín P, Peláez-Jaramillo C, Giordani C, Sarprieto M, Jiménez-Alzate M. Universidad EIA, Università Degli Studi Di Catania, Universidad de Antioquia. Medellín.

del Pilar.jimenez@udea.edu.co

Introduction. Histoplasmosis is the most frequent endemic mycosis in the Americas. The clinical forms of this mycosis could be local or disseminated; the severe clinical forms require primary therapy with AmB. **Materials and methods.** In this study, the chemical extraction and characterization of the associated lipid composition of the mycelial (saprophytic) and yeast (parasitic) phases of Hc clinical and environmental isolates were conducted using chromatography techniques. Surface pressure-area isotherms and compression module curves of the AmB and lipid extract monolayers, as well as AmB-lipid extract mixed monolayers, were recorded. **Results.** Differences in unsaturated/saturated phospholipid composition ratios were evident in the mycelial but not in the yeast phase of environmental and clinical Hc isolates; the environmental isolates have 60% more unsaturated fatty acids. Results showed affinity of AmB towards lipid from the yeast phase. The most stable monolayers were formed by AmB + lipids from the environmental isolate with a mass ratio of 1:1 and AmB + lipids from the clinical isolate with a mass ratio of 1:2. The surface coupling of AmB and the lipids from the mycelial phase of the clinical isolate was 1:2, while the ratio between AmB and the lipid associated with those of the environmental isolate was 1:3. **Conclusions.** Characterizing the AmB aggregation processes at a molecular

level and analyzing lipid extracts provide insights into how AmB interacts with lipid fractions of Hc. The prevalence of the glycolipid Glu-C18:0-OH/C20:2-Cer in the yeast phases of environmental and clinical isolates provides insight into the role of cell wall-associated lipids in fungal biology.

P-051

Caracterización de infecciones por *Cryptococcus spp.* en adultos atendidos en un hospital de cuarto nivel.

Contreras-Torres A, Arango-Duque Á, Patiño-Torres D. Universidad del Rosario, Fundación Cardioinfantil La Cardio. Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales. Bogotá.

alma_c8@hotmail.com

Introducción. La criptococosis es una infección fúngica que tiene gran impacto entre la población con inmunosupresión y se estima que excede los 220.000 casos anuales a nivel mundial. En Colombia la notificación de esta enfermedad no es obligatoria por lo que los datos epidemiológicos son limitados; este estudio tiene como objetivo caracterizar los factores sociodemográficos, clínicos y de laboratorio de un grupo de pacientes con criptococosis. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo tipo serie de casos que incluyó pacientes mayores de 18 años con infección por *Cryptococcus spp.* confirmada por métodos microbiológicos directos o inmunodiagnóstico atendidos en la Fundación Cardioinfantil en el periodo 2011-2021. **Resultados.** Se identificaron 46 pacientes con infección por *Cryptococcus spp.* durante el periodo propuesto; la infección por VIH fue la condición concurrente más frecuente (37%) seguida por el uso de esteroides (26,1%). El síndrome clínico predominante fue la meningoencefalitis. Las manifestaciones clínicas más importantes incluyeron: cefalea (48,9%) y alteración del estado de conciencia (40%). Cerca de la mitad de los pacientes presentaron coinfecciones de diversas etiologías. Se estableció que en pacientes con condiciones de inmunosupresión diferentes al VIH existe una mayor frecuencia de anomalías en las imágenes de tórax ($p < 0,005$), se presenta más enfermedad diseminada y extrameningea (0,005), y una mayor mortalidad (0,008). **Conclusiones.** Los pacientes con criptococosis y condiciones de inmunosupresión diferentes a la infección por VIH presentaron peores resultados clínicos. Se resalta la importancia de reconocer tempranamente la enfermedad en poblaciones de alto riesgo y así posibilitar un tratamiento oportuno que permita mejorar los desenlaces.

P-052

Histoplasmosis: una infección fúngica relevante no necesariamente asociada a inmunosupresión.

Durán-Sánchez S, Amaya-Muñoz M, Nasner-Posso K, Herrera-Díaz A. Universidad Autónoma de Bucaramanga, Universidad Militar Nueva Granada, Hospital Militar Central. Bogotá.

silviajulianadurans@hotmail.com

Introducción. *Histoplasma capsulatum* es un hongo dimórfico: tiene forma de moho (ambiente) y de levadura (tejidos humanos). Existen dos variantes principales: *H. capsulatum* var. *capsulatum* y *H. capsulatum* var. *duboisii*, sumamente endémica excepto por *H. duboisii* exclusiva de África. Esta micosis se asocia principalmente a infección por VIH, pero también se registran casos sin esta patología. Se destaca la relación entre histoplasmosis y pacientes VIH negativos en el presente estudio. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de una serie de casos de pacientes VIH negativos con infección por histoplasma en el Hospital Militar Central de Bogotá durante los últimos 10 años. Se excluyeron los pacientes con infección por VIH y se incluyeron aquellos mayores de 18 años con diagnóstico de histoplasmosis confirmado-clínica o microbiológicamente. **Resultados.** Se estudiaron 15 pacientes, la mitad ($n=8$) con diagnóstico de histoplasmosis diseminada y con tratamiento eficaz con anfotericina B e itraconazol, excepto por un desenlace fatal. Se observaron 6 casos de histoplasmosis pulmonar y uno con compromiso ganglionar. Las principales comorbilidades documentadas fueron: enfermedades autoinmunes en tratamiento inmunosupresor ($n=3$), trasplante renal con inmunosupresión ($n=1$), timoma ($n=2$) y glioblastoma multiforme ($n=1$). Sin embargo, el 53% de los pacientes no tenían enfermedades que condicionan un riesgo relevante para la infección por este agente. **Conclusiones.** Consideramos importante compartir los resultados de una cohorte de pacientes sin VIH con infección por histoplasma. Aunque la literatura señala la terapia inmunomoduladora y el antecedente de trasplante como principales factores de riesgo, es relevante destacar que en nuestra población muchos pacientes no presentaban comorbilidades asociadas.

P-053**Distribución de frecuencia y susceptibilidad antifúngica en especies de *Candida spp.* de candidemias en Antioquia, Colombia 2017-2023.**

Saldarriaga-Quintero E, Jiménez-Henao L, Berrio-Medina I. Gobernación de Antioquia, Laboratorio Departamental de Salud de Antioquia, Hospital General de Medellín Luz Castro de Gutiérrez E.S.E. Medellín. indiraberriom@hotmail.com

Introducción. En candidemia es crucial conocer las especies predominantes de *Candida spp.* y su susceptibilidad a antifúngicos para mejorar el tratamiento empírico y la supervivencia. Este estudio busca definir estos perfiles en Antioquia. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, retrospectivo de aislamientos de *Candida spp.* en hemocultivos reportados de Antioquia entre 2017- 2023. Se usaron las bases de datos de WHONET 5.6 recolectadas por el Sistema de Vigilancia del Nacional en Salud Pública. Se reporta la frecuencia por año de las especies, así como los porcentajes de sensibilidad antifúngica según puntos de corte del Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). **Resultados.** Se analizaron 2128 aislamientos. *C. albicans* fue la especie más frecuente (37,6%), seguida de *C. parapsilosis* (21,9%), *C. tropicalis* (18,7%) y *C. glabrata* (14,4%). *C. albicans* mostró una susceptibilidad antifúngica superior al 95% para fluconazol, equinocandinas y anfotericina B. *C. parapsilosis* redujo su sensibilidad a fluconazol del 75% en 2017 al 67% en 2023, pero mantuvo una sensibilidad del 100% a micafungina. *C. tropicalis* redujo su sensibilidad a fluconazol del 100% al 86,4% y a micafungina del 100% al 97,6%. *C. glabrata* mostró una sensibilidad del 96,8% a micafungina en 2023. **Conclusiones.** Los principales agentes de candidemia en Antioquia son *C. albicans*, *C. parapsilosis*, *C. tropicalis* y *C. glabrata*. El aumento de la resistencia a fluconazol en *C. parapsilosis*, la segunda especie más común, desaconseja su uso empírico por el alto riesgo de fallo terapéutico. Las equinocandinas siguen siendo una opción empírica eficaz para *Candida spp.* en la región.

P-054**Frequency, distribution and antifungal sensitivity profiles of *Candida spp.* involved in Candidemia, GERMEN antimicrobial resistance surveillance network, Colombia 2018-2022.**

Luna-López M, Galvis-Ayala J, Montañón-Céspedes A, Ramirez K, Vélez J, Robledo-Restrepo C, Robledo-Restrepo J, Berrio I, Benjumea D. Center Of Excellence - Laboratorio Médico de Referencia - Clínica el Rosario - Biomérieux (coe), Grupo Germen, Corporación Para Investigaciones Biológicas, Hospital General de Medellín. Medellín. investigaciones@labmedico.com

Introduction. Candidemia causes high morbidity and mortality in hospitals. The antifungals susceptibility may vary according to setting. Objective: To describe the frequency, distribution and trends in antifungal susceptibility of *Candida spp.*, involved in fungemia. **Materials and methods.** Descriptive study of distribution and antimicrobial susceptibility of *Candida spp.* in blood stream infections between 2018 and 2022 in GERMEN antimicrobial surveillance network Colombia. Trends in isolate frequencies in *Candida spp.* and antimicrobial susceptibility profiles were estimated using the Mann Kendall and Sen slope estimator test. **Results.** In 2022 *Candida albicans* (n=146, 38,2%) and *Candida parapsilosis* (n=95, 24,9%) were the most prevalent isolates. *Candida tropicalis* represents the 17,5% (n=67) of the cases. There were no significant changes in the trends for these microorganisms (2018-2022). Some unusual species have appeared, such as *Diatina rugosa* (n= 2). The sensitivity of *Candida albicans* for all antifungals has remained above 95% in the last 5 years. However, the trend for voriconazole (2022=96 --1%) has decreased (p = 0,04; Slope= -0,99). In contrast, *Candida tropicalis* present a lower sensitivity to fluconazole and voriconazole (83% and 76,6% respectively). In *Candida parapsilosis* the sensitivity was 80% (for both antifungals). **Conclusions.** The main etiologic agents of candidemia were *C. albicans*, *C. tropicalis*, *N. glabrata* and *C. parapsilosis*. Sensitivity is lower for non-albicans *Candida*, with no change in recent years. This aspect is relevant for the establishment of empirical therapies for the treatment of these infections.

P-055**El extracto etanólico de hojas *Anacardium occidentale* L inhibe el crecimiento y proliferación de *Candida albicans* y *Candida auris* a través del aumento de ROS y la disfunción mitocondrial.**

Quejada-Sánchez L, Hernández A, Chitiva L, Faria R, Modesti-Costa G, Parra-Giraldo C. Fiocruz (rj; Brasil), Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá. lquejada@javeriana.edu.co

Introducción. La enfermedad fúngica invasiva (EFI) causa una alta morbilidad y mortalidad entre los pacientes inmunocomprometidos. La candidiasis es la EFI más predominante y *C. albicans* es el agente etiológico más aislado. En la actualidad la resistencia a las moléculas convencionales y la toxicidad asociada al aumento de dosis terapéuticas resaltan la necesidad de terapias antifúngicas alternativas. En este estudio se evaluó el potencial antifúngico del extracto etanólico de hojas de *Anacardium occidentale* frente a *C. albicans* y *C. auris*. **Materiales y métodos.** La actividad antifúngica se determinó mediante el método de microdilución en caldo y curvas de cinética de crecimiento. Respecto al mecanismo de acción, se realizaron ensayos con espectrofluorofotometría, microscopía confocal y microscopía electrónica de barrido y transmisión. Además se incluyeron en el estudio cepas knockout heterocigotas asociadas con la resistencia al estrés oxidativo. **Resultados.** Se encontró que *A. occidentale* puede inhibir la proliferación y el crecimiento de *C. albicans* en concentraciones de 62,5 y 125 µg/ml; el tiempo de duplicación también se vio drásticamente afectado, pasando de 2,8 horas a 22,5 horas. Lo cual, también fue observado en *C. auris*. El extracto indujo la acumulación de especies reactivas de oxígeno (ROS) intracelulares, resultando en estrés del retículo endoplasmático y disfunción mitocondrial, adicionalmente, no mostró citotoxicidad ni actividad hemolítica considerable. **Conclusiones.** Este trabajo dilucida preliminarmente los mecanismos de acción del extracto de *A. occidentale* contra *C. albicans* y *C. auris* y puede proporcionar una opción potencial para el tratamiento de la candidiasis invasiva. Sin embargo, más estudios deben ser realizados.

P-056**Evaluación de un método para la identificación directa de levaduras del género *Candida* a partir de botellas de hemocultivo utilizando la metodología EM MALDI-TOF.**

Gómez-Velásquez J, Duque-Restrepo C, Patiño-Hurtado J, Patiño-Acevedo G. Laboratorio Clínico Synlab S.A.S., Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia. Medellín. jugovela@yahoo.com

Introducción. Las infecciones del torrente sanguíneo (ITS) causadas por especies del género *Candida* representan una amenaza creciente para la salud pública con una mortalidad que va del 36% al 78%. La incidencia de candidiasis invasiva en Colombia es alarmantemente más alta que en el resto de los países latinoamericanos. Lo que resalta la urgencia de mejorar los métodos diagnósticos y terapéuticos para el tratamiento oportuno de estas infecciones. **Materiales y métodos.** Seleccionamos un total de 22 cepas, previamente almacenadas, de pacientes con diagnóstico de candidemia, *Candida albicans* 13/22, *Candida tropicalis* 4/22, *Candida parapsilosis* 3/22, ATCC 22019 *Candida parapsilosis* 1/22. Las muestras fueron inoculadas en botellas de Myco/F Lytic BD xico inóculo (300 ufc/ml), e incubadas en el equipo BACTE FX 40. Se probaron dos métodos (SDS con modificaciones y un método comercial) para la obtención de biomasa. La identificación de levaduras, a partir de botella, se realizó usando la metodología EM MALDI-TOF. **Resultados.** El tiempo promedio de positividad de las botellas fue de 30,4 horas. Los resultados de concordancia del método de lisis SDS modificado fue de 100% y el método comercial 81,80% comparados con la identificación de medio sólido. Los análisis estadísticos se calcularon utilizando el software BM SPSS Statics 25,0. Las puntuaciones Kappa; 1,0 (Concordancia casi perfecta) y 0,1 (Concordancia leve) respectivamente. **Conclusiones.** La identificación temprana de los hongos del género *Candida* causantes de fungemia permite una elección más precisa y oportuna del antifúngico disminuyendo así la mortalidad atribuible a estas infecciones.

P-057**Análisis de la virulencia de aislamientos clínicos de *Candida spp.* de pacientes con candidiasis vulvovaginal recurrente.**

Consuegra-Asprilla J, Tabora F, Pérez V, Rodríguez-Echeverri C, Muñoz J, González Á. Universidad del Rosario, Universidad de Antioquia. Medellín. jmarcelo.consuegra@udea.edu.co

Introducción. La candidiasis vulvovaginal recurrente (CVVR) se ha asociado con un incremento en la resistencia a los antifúngicos. Recientemente, reportamos que aislamientos de *Candida* de pacientes colombianas con CVVR no presentaron aumento en la resistencia antifúngica. El objetivo de este estudio fue evaluar la virulencia de aislamientos de *Candida* provenientes de pacientes con CVVR. **Materiales y métodos.** Se evaluaron 40 aislamientos de *Candida* (37 *C. albicans* y 3 *C. lusitanae*) de pacientes con RVVC. Se empleó el ensayo XTT para evaluar la formación de biopelículas y un modelo de in-

fección en *Galleria mellonella* para evaluar la supervivencia y la carga fúngica. **Resultados.** Se observó que todos los aislamientos de *Candida* mostraron capacidad para formar biopelículas. Sin embargo, los aislamientos de pacientes que sufrieron ≥ 8 episodios de CVV por año mostraron una mayor capacidad para formar biopelículas que aquellos de pacientes con ≤ 7 episodios de CVV. Interesantemente, la *C. lusitanae* mostró una mayor capacidad para formar biopelículas en comparación con *C. albicans*. Además, en el modelo de *G. mellonella* se observó que las larvas inoculadas con *C. albicans* mostraron una supervivencia aproximada del 20%. Finalmente, las larvas infectadas con *C. albicans*, de pacientes que sufrieron ≥ 8 episodios de CVV, mostraron una carga fúngica significativamente mayor en comparación con las infectadas con *C. albicans* de pacientes que sufrieron ≤ 7 episodios de CVV. **Conclusiones.** Estos resultados indican que los aislamientos de *C. albicans* de pacientes con RVVC exhiben una alta virulencia; y sugieren que la virulencia podría ser uno de los mecanismos de recurrencia más que la resistencia antifúngica.

MICOBACTERIAS

P-058

Identificación y susceptibilidad de micobacterias no tuberculosas en el servicio diagnóstico de la Corporación para las Investigaciones Biológicas CIB, 2010-2024.

Fernández Á, Muñoz C, Gómez V, Realpe T, Álvarez N, Robledo J. Corporación para Investigaciones Biológicas. Itagüí. trealpe@cib.org.co

Introducción. Las infecciones por micobacterias no tuberculosas (MNTs) están aumentando a nivel mundial y son difíciles de diagnosticar y tratar. El objetivo del estudio fue analizar los datos de identificación y susceptibilidad de MNTs. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo. Se revisaron datos de identificación de aislamientos recibidos en el servicio diagnóstico de la CIB entre enero 2014-2024 y de susceptibilidad durante 2010-2024. Para la identificación de especie se aplicaron métodos fenotípicos y/o moleculares. Se determinó la CIM a amikacina, claritromicina, moxifloxacina y doxiciclina según el CLSI. **Resultados.** Se identificaron 1.584 aislamientos, las especies más frecuentes fueron *Mycobacterium fortuitum*, *Mycobacterium abscessus*, *Mycobacterium chelonae* y MAC. Se evaluó la susceptibilidad de 448 aislamientos, 117 *M. fortuitum*, 131 *M. abscessus*, 33 *M. chelonae* y 167 MAC. 242 aislamientos pulmonares y 206 extrapulmonares. La susceptibilidad a claritromicina fue del 31% en *M. fortuitum*, 64% en *M. abscessus*, 85% para *M. chelonae* y 89% para MAC. Para moxifloxacina la susceptibilidad en *M. fortuitum* fue 91%, en *M. abscessus* 17% y en *M. chelonae* 27%. **Conclusiones.** La identificación de MNTs permite instaurar tratamientos adecuados. Los antimicrobianos utilizados para tratar MNTs son parcialmente efectivos, se evidencia baja susceptibilidad a dos de los antibióticos de elección sugiriendo la búsqueda de nuevas opciones terapéuticas. Financiación: CIB.

P-059

Genomic and phenotypic characterization of two *Mycobacterium abscessus* complex isolates in Medellín, Colombia.

Hurtado-Páez U, Álvarez-Zuluaga N, Realpe-Quintero T, Robledo-Restrepo J. Corporación Para Investigaciones Biológicas, Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín. uhurtado@cib.org.co

Introduction. *Mycobacterium abscessus* complex (MABSC) is a pathogen associated with lung infections in patients with cystic fibrosis. This study aimed to perform a genomic and phenotypic characterization of two MABSC isolates, to identify specific members, genetic variants related to antibiotic resistance and evaluating Minimum Inhibitory Concentration (MIC) for both two antibiotics and two synthetic peptides (SAMPs). **Materials and methods.** Drug susceptibility testing (DST) of Mabs391 and Mabs1050 isolates to clarithromycin and amikacin were performed using the broth microdilution method. Parallel, two SAMPs were tested against both isolates. The samples were sequenced using Illumina (HiSeq-2500). *In house* bioinformatics pipeline was developed for the analysis. Peptides evaluation was performed using MHB in microplates, the MIC at different peptides concentration was determined on day 3. **Results.** The DST showed that Mabs1050 was sensible to clarithromycin (MIC 1 mg/L) and to amikacin (MIC 16 mg/L), Mabs391 was resistant to clarithromycin (MIC 16 mg/ml) but sensible to amikacin (MIC

4 mg/L). We identified an erm41 deletion (274bp) in Mabs1050 and in the rrl two SNPs (A2058G/T, A2059G/C). Phylogenetic analysis revealed that Mabs1050 and Mabs391 belong to subspecies: *massiliense* and *boletti*. MICs of Mabs1050 isolate were 32 mg/L to peptide A and peptide B didn't show activity. The MICs for the Mabs391 was 8 mg/L for peptide A, and 16 mg/L for peptide B. **Conclusions.** We found two subspecies of the MABCS. Amikacin was the most effective antimicrobial between the two tested. Susceptibility to clarithromycin was very low, which is explained by the erm41 deletion. Additionally, the two SAMPs tested showed antimicrobial activity against this pathogen. We have identified two SAMPs with antimycobacterial activity against MABCS, highlighting their therapeutic potential

P-060

Análisis sociodemográfico de la mortalidad por tuberculosis meningea en Colombia.

Cárdenas-Londoño J, Obando-Rondón A, León-Gómez J. Fundación Cardioinfantil - La Cardio, Fundación Santa Fe de Bogotá, Centro de Tratamiento e Investigación Sobre Cáncer Luis Carlos Sarmiento Angulo (CTIC). Bogotá. cardenas.jairo@outlook.es

Introducción. La meningitis tuberculosa es una manifestación de tuberculosis extrapulmonar y se desarrolla en entre el 1% y el 5% de los casos. Es la forma más letal de infección por *Mycobacterium tuberculosis*. **Materiales y métodos.** Se tomaron datos recopilados por el Departamento Administrativo Nacional de Estadística (DANE) entre 2007 y 2022. El análisis univariado incluyó medidas de tendencia central (dependiendo de la naturaleza y distribución de los datos). El análisis bivariado incluyó la prueba X² y un modelo de regresión logística, para obtener OR, con sus correspondientes intervalos de confianza, del 95%. **Resultados.** Se recolectaron 5.657 pacientes. El rango de edad es de 1-85 años. Se registraron 127 casos de población migrante. El 91% de los pacientes se encontraban hospitalizados al momento del reporte. La proporción de presentación entre hombres:mujeres es de 2:1. La mortalidad por grupo etario es superior en el adulto mayor 29,8 y fue explorada como factor de riesgo de mortalidad con una P estadísticamente significativa. La mortalidad es mayor en el grupo de pacientes hospitalizados (24,6%) respecto a los no hospitalizados (7,2%). La población con un tipo de seguridad social subsidiada tiene una mortalidad del 26,4% frente al 19,3% para el tipo contributivo. **Conclusiones.** Esta es la serie más grande reportada por un país. Se encontraron factores de riesgo estadísticamente significativos asociados a la mortalidad: edad mayor de 65 años, afiliación a régimen subsidiado, hospitalización al momento del diagnóstico. No existe asociación entre ubicación geográfica y mortalidad. Y se identificó que los hospitales con menor número de casos tienen mayor mortalidad.

EPIDEMIOLOGÍA Y CONTROL DE INFECCIONES

P-061

Impacto de la implementación de una estrategia multimodal para la contención de los Microorganismos Productores de Carbapenemasas (MPC) en un hospital pediátrico de cuarto nivel en Bogotá, Colombia.

Romero-Torres S, Fonseca-Aldana L, Camacho-Moreno G. HOMI Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia - Universidad Nacional de Colombia. Bogotá. lilianarometorres@gmail.com

Introducción. Las infecciones causadas por microorganismos productores de carbapenemasas (MPC) son un serio problema de salud pública alrededor del mundo. La disminución de la resistencia bacteriana y las Infecciones Asociadas a la Atención en Salud (IAAS) precisa de una estrategia multimodal, que comprenda la detección temprana de casos, el control de la transmisión y de un programa de optimización de antibióticos. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo de la implementación de la estrategia multimodal para el control de resistencia bacteriana en población. **Resultados.** Con un índice de tamización de MPC que aumentó de 29,02% a 75,9%, el índice de positividad disminuyó de 23,5% a 18,9%. Estrategia de control de la transmisión con una adherencia a higiene de manos de 75% y 71%, precauciones por contacto 75% y 91%, limpieza y desinfección 72% y 77% y adherencia a terapia empírica apropiada del 94% y 93%, en los periodos comprendidos entre junio de 2022 a mayo de 2023 y junio de 2023 a mayo de 2024 respectivamente.

Se ha logrado la disminución de la tasa de IAAS por MPC del 3,32 a 2,37 por 10.000 días de estancia. La prevalencia de: *Klebsiella pneumoniae*, productora de carbapenemasas, de 33% a 24%; *Pseudomonas aeruginosa*, productora de carbapenemasas, de 58,5% a 8,4% en los mismos periodos. **Conclusiones.** La implementación de una estrategia multimodal para el control de la resistencia bacteriana contribuye eficazmente en la disminución de las IAAS y la producción de MPC en un entorno hospitalario.

P-062

Impacto de la estrategia de identificación de colonización por Microorganismos Productores de Carbapenemasas (MPC): experiencia en un hospital universitario de referencia en Bogotá, Colombia.

Valderrama-Ríos M, Cortés-Luna J, Saavedra-Trujillo C, Álvarez-Hernández S, Aguilera-Lozano M, Vásquez-Morales A, Sánchez-Hernández M. Hospital Universitario Nacional de Colombia. Bogotá. mavalherramar@unal.edu.co

Introducción. Las estrategias de identificación temprana de pacientes colonizados es un aspecto fundamental para la prevención, vigilancia y control de infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS). El objetivo del presente estudio es describir la experiencia exitosa de la implementación de una estrategia de identificación de colonización por MPC en un hospital universitario. **Materiales y métodos.** Estudio cuasi-experimental antes-después realizado en el Hospital Universitario Nacional de Colombia (HUN). Se realizó una evaluación inicial durante el primer trimestre de 2023 (antes), implementación de una estrategia de identificación de colonización por MPC mediante hisopado rectal al ingreso a hospitalización según factores de riesgo durante octubre-diciembre de 2023, considerada la intervención, y se realizó la evaluación posterior durante el primer trimestre de 2024 (después), manteniendo la estrategia. **Resultados.** Se evidenció disminución clínicamente significativa en: La tasa de IAAS por MPC por 1.000 días de estancia hospitalaria en el HUN (0,84 [n=16] vs 0,38 [n=7]; p=0,047). El consumo de antibióticos medido en dosis diarias definidas: meropenem en unidad de cuidado intensivo (UCI) (23,35 vs 13,55), y en hospitalización general (5,31 vs 4,34); ceftazidima/avibactam en UCI (5,71 vs 3,11), y en hospitalización general (2,23 vs 0,68). El porcentaje de resistencia en aislamientos de *Klebsiella pneumoniae* de UCI a ceftriaxona (59% [n = 26] vs 47% [n = 16]; p = 0,290) y meropenem (22% [n = 50] vs 11% [n = 32]; p = 0,117). **Conclusiones.** La implementación adecuada de estrategias de identificación temprana de pacientes colonizados por MPC tiene un impacto positivo en IAAS, consumo de antibióticos y perfil microbiológico.

P-063

Predictores de mortalidad en pacientes con COVID-19 grave: experiencia de la unidad de cuidados intensivos en un centro de referencia colombiano.

Rebolledo-Maldonado C, Polo-Barranco A, Vargas-Cantillo S, Patiño-Patiño J, Rambal-Torres J, Bettin-Martínez A, Osorio-Rodríguez E. Universidad Metropolitana, Clínica Iberoamérica, Universidad Simón Bolívar. Soledad. osorioelver@gmail.com

Introducción. La falta de información local y desconocimiento del espectro clínico de predictores de mortalidad temprana en COVID-19 complica el curso clínico de la enfermedad. El objetivo fue identificar predictores de mortalidad en pacientes con COVID 19 grave en cuidados intensivos de un centro de referencia colombiano durante el año 2021-2022. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo descriptivo y de corte transversal en pacientes adultos con neumonía grave por SARS-CoV-2 ingresados a cuidados intensivos de una clínica privada de Barranquilla. Se usaron medidas de tendencia central. Dos análisis multivariados fueron realizados a través de modelos de regresión para identificar los predictores de mortalidad. **Resultados.** El 59,9% de 232 pacientes fallecieron. Los predictores relacionados con mortalidad en el análisis multivariado fueron choque (OR: 9,63), síndrome de disfunción orgánica múltiple (OR: 13,77), ventilación mecánica invasiva (OR: 111,9), uso de relajante (OR: 9,14), agentes vasoactivos ≥ 2 (OR: 32,77), niveles de nitrógeno ureico ≥ 30 mg/dl (OR: 3,86), lactato deshidrogenasa ≥ 600 U/l (OR: 3,40) y ferritina ≥ 1.000 ng/ml (OR: 1,83). **Conclusiones.** Los predictores de mortalidad encontrados fueron: El choque, síndrome de disfunción orgánica múltiple, ventilación mecánica invasiva, uso de relajante y agentes vasoactivos ≥ 2 , parámetros de laboratorio como niveles de nitrógeno ureico ≥ 30 mg/dl, lactato deshidrogenasa ≥ 600 U/l y ferritina ≥ 1.000 ng/ml.

P-064

Prevalencia y prácticas de higiene de manos entre pacientes en un hospital de alta complejidad en Medellín.

Ramírez-Osorio J, García-Rincón C, Díaz-Leottau R, Zapata-Rodríguez J, Villa-Henríquez A. Universidad Pontificia Bolivariana. Itagüí. julianf.ramirez@upb.edu.co

Introducción. La importancia del lavado de manos entre el personal de salud es bien conocida, pero poco se sabe sobre el impacto de esta estrategia en los pacientes. Este estudio buscó evaluar la prevalencia de la higiene de manos en “cinco momentos clave” entre los pacientes de un hospital de alta complejidad en Medellín. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio transversal utilizando encuestas para recolectar datos. La encuesta se distribuyó a la totalidad de las camas ocupadas en un día de hospitalización, incluyendo 132 pacientes (97 mujeres y 35 hombres). Los pacientes estaban distribuidos en: pediatría 6,8%, obstetricia 22,7%, cuidado crítico 4,5% y hospitalización de adultos 65,9%. La edad media de los pacientes fue de 44,6 años y la media de días de hospitalización fue de 8 días. **Resultados.** El 70% de los pacientes reportaron realizar higiene de manos antes de tocar heridas o dispositivos médicos, 67% después de tocarlos, 71% antes de comer, 62% después de comer, 92% después de usar el baño, 27% al entrar o salir de la habitación y 35% cuando el personal ingresaba a la habitación. **Conclusiones.** Las tasas más altas de higiene de manos auto-reportadas fueron después de usar el baño y antes de comer, mientras que las tasas más bajas se observaron al entrar o salir de la habitación y cuando el personal ingresaba a la habitación. Las intervenciones futuras deben centrarse en mejorar la higiene de manos en los “cinco momentos clave”, enfatizando aquellos momentos que los pacientes no consideran de alto riesgo.

P-065

Factores ambientales y sociales de las comunidades, relacionados a la frecuencia de casos de dengue en Tuluá, Valle del Cauca en el año 2023.

Delgado-Garcés N, Llanos-Posso V, Castaño-Rentería M, Henao-Agudelo J. UCEVA. Tuluá. nicolas.delgado01@uceva.edu.co

Introducción. El dengue, causado por cuatro serotipos virales (DENV 1 - DENV 4) y transmitido por el mosquito *Aedes aegypti*, es influenciado, en Tuluá, por factores como: la temperatura superior a 24°C, la altitud de 960 msnm y la alta densidad poblacional. **Materiales y métodos.** Se hizo un estudio descriptivo ecológico en Tuluá, Valle del Cauca, enfocado en las comunas más afectadas según los mapas de calor de incidencia del dengue. La recopilación de datos incluyó documentos oficiales, boletines epidemiológicos y datos del DANE, la CVC y la UES. Se realizó un análisis univariado de los casos de dengue y factores climáticos usando gráficos y comparaciones de mapas de calor generados con QGIS. **Resultados.** Los resultados muestran mapas de calor que indican la distribución de casos de dengue en Tuluá y su relación con instituciones educativas en riesgo, depósitos de agua y la presencia de larvas de *Aedes aegypti*. Hay una alta correlación entre comunidades de bajos recursos, bajo nivel educativo, hacinamiento, temperaturas elevadas y depósitos de agua mal atendidos. **Conclusiones.** El análisis de los mapas de calor revela una correlación significativa entre factores ambientales y sociales y la propagación del dengue. La concentración de casos, en zonas de bajos recursos y cercanas a aguas estancadas, sugiere una interacción compleja entre condiciones de vida, infraestructura y clima. Proyecto financiado por la convocatoria 890 de Minciencias.

P-066

Desarrollo de un modelo de predicción multivariable diagnóstico de un resultado positivo de SARS-CoV-2 RT-PCR en trabajadores de la salud con sospecha de infección por SARS-CoV-2 en entornos hospitalarios.

Valderrama-Beltrán S, Cuervo-Rojas J, Rondón M, Montealegre S, Vera J, Martínez-Vernaza S, Bonilla A, Molineros C, Fierro V, Moreno A, Villalobos L, Ariza B, Álvarez-Moreno C. Hospital Universitario San Ignacio - Pontificia Universidad Javeriana, Universidad Nacional de Colombia, Clínicas Colsonitas. Bogotá. slvalderrama@husi.org.co

Introducción. A pesar de la disminución en la incidencia de COVID-19, los trabajadores de la salud (TS) siguen enfrentando un riesgo elevado de adquirir SARS-CoV-2. El objetivo de este estudio fue desarrollar un modelo de predic-

ción del resultado positivo de RT-PCR para SARS-CoV-2 en TS con sospecha de infección. **Materiales y métodos.** Estudio observacional de corte transversal. Enfocado en TS que presentaron síntomas o signos de COVID-19 que fueron contactos estrechos de personas con diagnóstico de COVID-19 y que tuvieron una prueba de RT-PCR solicitada en un hospital universitario de Bogotá entre Marzo 2020 a Febrero 2022. Se realizó un modelo de regresión logística y se seleccionó el mejor modelo teniendo en cuenta las variables clínicamente relevantes y evaluando el mejor ajuste del modelo. **Resultados.** El estudio incluyó 2.498 episodios. Las variables seleccionadas fueron: edad, nivel socioeconómico, ocupación, servicio, síntomas (fiebre, tos, fatiga/debilidad, diarrea, anosmia o disgeusia), asma, antecedente de infección, vacunación y positividad de RT-PCR a nivel poblacional. El modelo logró un AUC de 0,79 (IC95%: 0,77-0,81), calibración adecuada y especificidad del 93%. En entornos de baja circulación de SARS-CoV-2 el modelo alcanzó un AUC de 0,93 (IC95%: 0,90-0,95) en la validación interna. **Conclusiones.** El modelo propuesto es una herramienta útil para mejorar la asignación de recursos y decisiones sobre pruebas de RT-PCR en TS. Puede utilizarse como prueba diagnóstica en lugar de la prueba de referencia en periodos de baja circulación del virus o como prueba de selección en momentos de alta circulación.

INFECTOLOGÍA ADULTOS

P-067

Caracterización de una cohorte de pacientes con bacteriemia asociada al catéter de hemodiálisis en un hospital de la ciudad de Medellín.

Montoya-Castillo M, Morales-Taborda J, Ruiz-Gil L, Díaz-Ruiz J. Universidad Cooperativa de Colombia, Nefrouros - Hospital General de Medellín, Universidad de Antioquia. Medellín.
marimontoya13@gmail.com

Introducción. En Colombia hay pocos estudios que evalúen la caracterización de pacientes con bacteriemia asociada al catéter de hemodiálisis. Este estudio tiene como objetivo describir características sociodemográficas, clínicas, patógenos aislados y las resistencias antimicrobianas que presentaron pacientes con bacteriemia asociada a catéter de hemodiálisis. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo en pacientes mayores de 18 años atendidos en un hospital de la ciudad de Medellín-Antioquia entre Junio 1 del 2021 y mayo 31 del 2022, que desarrollaron bacteriemia asociada al catéter de hemodiálisis. La unidad de análisis fueron los pacientes. Se incluyeron variables sociodemográficas, clínicas, y microbiológicas. **Resultados.** Se incluyeron 68 pacientes con mediana de edad de 56 años (rango intercuartil 35,8-62,3). 36 eran hombres (52,9%). En 21 de ellos había antecedente de bacteriemia relacionada a catéter. La principal causa de enfermedad renal fue nefropatía diabética (n=23; 33,3%). El microorganismo más frecuentemente aislado fue *Staphylococcus aureus* en 38 pacientes (55,1%) y los patrones de resistencia más evidenciados fueron resistencia a metilicina (n=18), presencia de beta lactamasas de espectro extendido (BLEE) (n=3) y AmpC (n=2). Todos los pacientes requirieron hospitalización, encontrando a la fiebre, escalofríos y malestar general como los síntomas más frecuentes. **Discusión:** Se lograron describir las características sociodemográficas, clínicas y patógenos con sus resistencias encontradas en pacientes con bacteriemia asociada a catéter de hemodiálisis. **Conclusiones.** La bacteriemia asociada a catéter de hemodiálisis y la resistencia antibiótica son problemas de salud pública. La epidemiología varía ampliamente según el centro hospitalario, por lo que es importante conocerla y actualizarla constantemente.

P-068

Hepatitis por dengue: características epidemiológicas, clínicas y desenlaces en un centro de cuarto nivel de atención del sur colombiano.

Perdomo D, Leiva L, Melgar C, Salinas D, Polania D, Paya A. Hospital Universitario Hernando Moncaleano, Universidad Surcolombiana. Neiva.
dapequi302@gmail.com

Introducción. El objetivo es determinar la prevalencia de hepatitis e insuficiencia hepática aguda por dengue en un centro de cuarto nivel del Sur colombiano. **Materiales y métodos.** Pacientes con diagnóstico confirmado de dengue, durante el periodo junio 2023 a mayo 2024, que presentaron una elevación de las transaminasas más de 2 LSN. **Resultados.** De 887 pacientes con dengue, 190 cumplieron con los criterios de inclusión, teniendo una pre-

valencia del 21,4%; la mayoría fueron de sexo masculino 55,3%. Se presentó una mediana de AST en 170 y ALT en 139 con una relación AST/ALT de 1,5. Al realizar análisis por Rho de Spearman se encontró correlación entre los niveles de transaminasas con los días de estancia hospitalaria (ALT p=0,034 AST p=0,048). El Score de APRI presentó correlación con niveles séricos de creatinina (p=0,05) y hemoglobina (p=0,03). Por medio de la prueba de Kruskal - Wallis se encontraron diferencias entre la presencia de edema perivesicular y el valor de ALT (p=0,029) y AST (p=0,016), líquido libre en cavidad abdominal y el valor de ALT (p=0,030) y AST (p=0,026) y el derrame pleural ALT (p=0,034) AST (p=0,028). No se presentaron casos de insuficiencia hepática aguda. La mediana de estancia hospitalaria fue de 4 días y uno de UC. **Conclusiones.** En Colombia, la hepatitis por dengue se encuentra en aumento, con una correlación entre los niveles de transaminasas y la presencia de signos imagenológicos de fuga vascular, creatinina, hemoconcentración y estancia hospitalaria.

P-069

Caracterización de la diversidad genética en aislamientos colombianos de *Porphyromonas gingivalis*.

Delgadillo-Salgado N, Corredor-Rozo Z, Abril-Riaño D, Lafaurie G, Parra-Giraldo C, Castillo D. Universidad El Bosque, Unidad de Investigación Básica Oral (UIBO), Vicerrectoría de investigaciones, Facultad de Odontología; Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana (LGMB), Pontificia Universidad Javeriana, Unidad de Investigación en Proteómica y Micosis Humanas, Facultad de Ciencias. Bogotá.
ndelgadillos@unbosque.edu.co

Introducción. *P. gingival* es altamente prevalente en pacientes con periodontitis y variable en su virulencia lo que sugiere múltiples clones asociados con la salud o enfermedad periodontal. Razón por la cual, es necesario explorar su diversidad y sus patrones de intercambio genético. **Objetivo:** Evaluar y comparar la diversidad genética de aislamientos clínicos colombianos de *P.gingivalis*. **Materiales y métodos.** Se evaluaron 39 aislados de *P.gingivalis* de placa subgingival (n=34) y sangre periférica (n=5) de pacientes con periodontitis cultivados en agar Brucella suplementado a 37°C durante 7 días en condiciones anaeróbicas. Se tipificaron mediante espectrometría de masas (MALDI-TOF-MS) tipificación de secuencias multilocus (MLST) y electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE). *P.gingivalis* ATCC 33277 y W83 se incluyeron como controles. Se evaluó el Índice de Diversidad de Simpson y la concordancia entre métodos utilizando el Índice de Rand ajustado y el Coeficiente de Wallace ajustado. **Resultados.** Todos los aislamientos exhibieron nuevos tipos de secuencia (ST), no reportados previamente a nivel mundial, mostrando alta heterogeneidad y diferencias con las cepas de referencia. Los índices de diversidad de Simpson fueron 0,994, 0,983 y 0,979 para PFGE, MALDI-TOF-MS y MLST, respectivamente. Los resultados revelaron una concordancia del 11,2 % entre MALDI-TOF-MS y MLST, del 35,8 % entre MLST y PFGE y del 20,3 % entre MALDI-TOF-MS y PFGE. Las comparaciones MALDI-TOF-MS ↔ MLST y MALDI-TOF-MS ↔ PFGE mostraron diferencias estadísticas p=0,024. **Conclusiones.** Los aislamientos de *P.gingivalis* exhiben una marcada diversidad genética. Aunque MALDI-TOF-MS es valioso para revelar la variabilidad existen diferencias significativas en comparación con otros métodos de tipificación.

P-070

Comparación entre RT qPCR y métodos tradicionales en la identificación de la colonización nasofaríngea por *Streptococcus pneumoniae* en adultos con comorbilidades.

Lozada J, Ibáñez-Prada E, Serrano-Mayorga C, Méndez L, Eciso-Prieto V, Reyes L. Doctorado en Biociencias - Facultad de Ingeniería - Facultad de Medicina - Clínica - Universidad de la Sabana, Pandemic Sciences Institute - University Of Oxford. Bogotá.
andreviga@unisabana.edu.co

Introducción. La prevalencia estimada de colonización por neumococo en países desarrollados es de hasta el 60% y se asocia con un mayor riesgo de enfermedad neumocócica invasiva, siendo esencial, estandarizar una prueba diagnóstica efectiva y práctica para poder identificarla. En el presente estudio pretendemos establecer si la reacción en cadena, de la polimerasa cuantitativa en tiempo real con transcripción inversa (RT qPCR), es útil como método de identificación. **Materiales y métodos.** Se obtuvieron aspirados nasofaríngeos de pacientes adultos comorbidos. En los cultivos positivos la RT qPCR fue comparada contra la identificación por MALDI-TOF o VITEK 2. Después se realizaron

análisis de sensibilidad y área bajo la curva (AUC ROC). **Resultados.** Se incluyeron un total de 812 adultos con 1,5% (12/812) de pacientes colonizados en MALDITOF o VITEK 2 y 9,5% (77/812) en RT qPCR. Solo 0,9% (7/812) de pacientes dieron positivos por ambos métodos. El análisis de sensibilidad mostró que la RT qPCR tiene una sensibilidad de 58,3% y una especificidad de 91,3% con un valor predictivo positivo de 9,0%, valor predictivo negativo de 99,3%, y una prevalencia de 1,4%. La AUC ROC (95% IC) fue de 0,75 (0,62-0,89). **Conclusiones.** Se demostró que la RT-qPCR tiene una menor sensibilidad y una mayor especificidad que los otros métodos. Esto se puede atribuir a diferencias en el cultivo de *S. pneumoniae*; por lo tanto el cultivo tradicional pudo no haber identificado todos los pacientes colonizados. La RT qPCR puede ser una buena alternativa, pero se necesitan más estudios para confirmar estos resultados.

P-071

Prevalence of *Pseudomonas aeruginosa* in patients with ICU-related respiratory infections: a secondary analysis of the European Network for ICU-Related Respiratory Infections (ENIRRI).

Serrano-Mayorga C, Olivella-Gómez J, Torres A, Martín-Loeches I, Reyes-Velasco L. Universidad de la Sabana, Hospital Clínic Of Barcelona, St James's University Hospital - Trinity College. Bogotá. cristiansema@unisabana.edu.co

Introduction. Microorganisms causing healthcare-associated infections are usually difficult to treat Gram-negative bacteria, making the empiric antibiotic selection challenging. *Pseudomonas aeruginosa* (PA) is a microorganism associated with hospital-acquired infections, and its rate of antimicrobial resistance has increased in the last ten years. However, the international prevalence of *P. aeruginosa* in ICU-Related Respiratory Infections (ICU-RI) is unknown. This study aims to bridge this gap in literature using a multicenter cohort study. **Materials and methods.** This prospective cohort was conducted in 12 countries over two continents from 9th May 2016 until 16th August 2019. Characteristics and outcomes of ICU-RI were collected. We assessed the prevalence of *Pseudomonas aeruginosa* ICU-RI. **Results.** 1059 patients with ICU-RI who underwent testing for microbiological diagnosis were included, and 710 (67,0%) had bacterial microbial identification. The overall prevalence of confirmed PA was 14,5% (n=153), and the overall prevalence of PA with at least one mechanism of antimicrobial resistance was 5,1% (n=55), with differing prevalence among the countries (Table 1/ Figure 1-2). 19,6 % (30/55) of the PA with at least one mechanism of antimicrobial resistance were cataloged as multidrug-resistant, and 11,1% (17/55) presented carbapenemase and beta-lactamase production (Table 2). Germany followed by Argentina and France were the countries with a major overall prevalence of PA. Turkey followed by Argentina and France were the countries with a major overall prevalence of PA with at least one mechanism of antimicrobial resistance (Figure 1-2). **Conclusions.** This multi-country study shows a high prevalence of PA and PA with at least one mechanism of antimicrobial resistance in ICU-RI.

P-072

Un panel de PCR múltiple para neumonía en pacientes críticamente enfermos con neumonía no demostró reducción de la mortalidad: un estudio de Cohorte.

Riaño-Sánchez L, Álvarez-Moreno C, Pimiento-Díaz M, Buitrago-Bahamón C, Pérez-Moreno E, Guaje-Guerra D, Vargas-Chaparro S, Cortés-Luna J. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá. Irianos@unal.edu.co

Introducción. La neumonía grave es una causa de admisión a Unidad de Cuidados Intensivos (UCI). La identificación del agente, en UCI, puede permitir ajustes de antibióticos. Se evaluó si la realización del panel de PCR múltiple-neumonía en pacientes con neumonía en UCI tiene efecto sobre la mortalidad, estancia hospitalaria y en UCI y duración de antibióticos. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva de pacientes adultos con neumonía en UCI en 4 hospitales (Bogotá noviembre 2019 y junio 2023). Se evaluó mortalidad a 30 días, estancia hospitalaria y en UCI, duración de antibióticos y su asociación con la realización del panel PCR múltiple-neumonía (exposición) utilizando puntaje de propensión con asignación de pesos para ajustar por covariables y confundidores. Se determinó el efecto de la valoración por infectología. **Resultados.** 304 pacientes incluidos, 150 expuestos, 154 no expuestos. Edad 65,0 años (DE 14,6) y escala de Charlson 4,5 (DE 2,8). 186 (61,2%) presentaron COVID-19. No se encontró asociación entre la exposición y la mortalidad a 30 días, HR 1,14 (IC 95% 0,76-1,70). Tampoco entre la exposición y la duración de

antimicrobianos, IRRa 1,17 (IC 95% 0,90-1,54) ni la estancia hospitalaria IRRa 1,02 (IC 95% 0,75-1,38). La valoración por infectología se asoció con menor mortalidad HR 0,29 (IC 95% 0,19-0,45) **Conclusiones.** El uso del panel de PCR múltiple-neumonía en pacientes en UCI no se asocia con cambios en la mortalidad, en la estancia, ni en la duración de antibióticos. Integrar estas pruebas a programas de optimización de antimicrobianos puede contribuir a la toma de decisiones racionales.

P-073

Risk factors for *Pseudomonas aeruginosa* in ICU-Related Respiratory Infections. An analysis from the European Network for ICU-Related Respiratory Infections (ENIRRI) study.

Serrano-Mayorga C, Olivella-Gómez J, Torres A, Martín-Loeches I, Reyes-Velasco L. Hospital Clínic Of Barcelona, St James's University Hospital - Trinity College, Universidad de la Sabana. Bogotá. cristiansema@unisabana.edu.co

Introduction. Nosocomial low respiratory infections (nLRTIs) represent a significant complication prevalent among patients who require admission to the intensive care unit (ICU). This study describes the characteristics and outcomes of patients with confirmed *Pseudomonas aeruginosa* (PA) nLRTI, as the necessity of antipseudomonal treatment is unclear. **Materials and methods.** This cohort was conducted in 12 countries over two continents from 9th May 2016 until 16th August 2019. Characteristics and outcomes of nLRTIs' patients admitted to the ICU were collected. Patients with confirmed isolation for PA were compared to patients with non-PA isolation. **Results.** 1059 patients with nLRTIs who underwent testing for microbiological diagnosis were included, 14,4% of patients had confirmed infection by PA. 74% were male with a median age of 64 (49-73) years old. The principal diagnosis among patients with PA was VAP. The principal comorbidities were diabetes and heart disease, followed by COPD. The most frequent complication was septic shock, followed by acute kidney injury. There were differences among the groups' in the comorbidities, complications, and outcomes (Table 1). However, there were no differences in mortality (Table 1 - Figure 1). VAT and VAP diagnosis, COPD Gold D and AKI on the 1st day were associated with a high risk of infection by PA (Table 2). **Conclusions.** This multi-country study found some important risk factors associated with PA in nLRTI patients. Differences among groups were notorious. Diabetes and COPD comorbidities are more frequent among PA nLRTI patients. Finally, PA infection increases the length of stay of patients. Further studies are needed to confirm these findings.

P-074

Experiencia de infección por dengue en pacientes oncológicos en un hospital de tercer nivel en Colombia.

Rosso-Suárez F, Vinuesa-Obando D, Rebellón-Sánchez D, Durán V, Einav S. Fundación Valle del Lili, Universidad de Stanford. Cali. frosso07@gmail.com

Introducción. La literatura sobre los desenlaces clínicos de pacientes con neoplasias es limitada. Este estudio evalúa nuestra experiencia en el manejo del dengue en la población oncológica. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio prospectivo basado en el registro de inmunodengue (CEIB 2015.919). Se incluyeron variables sociodemográficas, de laboratorio, de severidad y desenlaces clínicos como: requerimiento de transfusiones, necesidad de ventilación mecánica y mortalidad. **Resultados.** De 468 pacientes hospitalizados por dengue, se incluyeron 23 con neoplasias activas, de los cuales, el 65,2% eran mujeres, con una edad promedio de 53 años. El 34,78% tenía cáncer hematológico y el 56,52% cáncer sólido. El tiempo promedio de síntomas, al momento de la consulta, fue de cuatro días. Las principales manifestaciones fueron cefalea (73,9%) y mialgias (65,2%). Se detectaron síntomas de alarma en el 56,5% y manifestaciones hemorrágicas en el 13,04% de los casos. El 65,2% fue clasificado como dengue con signos de alarma y el 4,35% como dengue grave. La mayoría (82,6%) requirió hospitalización, con el 13,04% manejado en UCI; ninguno requirió soporte vasoactivo ni ventilación mecánica. El 87% presentó trombocitopenia y al egreso esta no se había resuelto en el 70%. El 8,7% recibió transfusiones de hemocomponentes. No hubo muertes. **Conclusiones.** Nuestros datos indican que los pacientes oncológicos con dengue tienen un riesgo elevado de complicaciones hematológicas, especialmente, trombocitopenia prolongada. Esto subraya la necesidad de vigilancia estrecha de los parámetros hematológicos y manejo hospitalario riguroso para minimizar morbimortalidad en esta población vulnerable.

P-075**Caracterización de adultos con aislamiento de *Stenotrophomonas maltophilia* en una institución de alta complejidad entre 2019 y 2023.**

Burgos-Angulo G, Cruz J, Cruz D, Pérez-Franco J, Mendieta-Alvarado Y, Gómez-Sepúlveda V. Fundación Cardioinfantil - Instituto De Cardiología, Universidad Del Rosario, Bogotá.
gburgos856@gmail.com

Introducción. Las infecciones por *S. maltophilia* presentan desafíos clínicos debido a las limitadas opciones terapéuticas y su asociación con resultados adversos. En nuestro país no existen datos acerca de susceptibilidad antimicrobiana, tratamientos o desenlaces en pacientes con este microorganismo. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de cohorte único retrospectivo para caracterizar las infecciones por *S. maltophilia*. Se recopilaron datos demográficos, comorbilidades, adquisición de la infección, focos infecciosos, sensibilidad antimicrobiana y desenlaces clínicos. Se realizó un análisis exploratorio para establecer asociación entre los desenlaces y las variables clínicas más relevantes. **Resultados.** Se incluyeron 58 pacientes en un periodo de 5 años. La mortalidad fue de 51,7% y la adquisición nosocomial fue común en el 82,8% de los casos. La neumonía fue la presentación clínica más común (34,5%) seguida de la traqueítis (22,4%) y la bacteriemia (19%). El 20% de la población fueron pacientes con trasplante de órgano sólido y se observó la asociación entre la Co-infección por SARS-CoV-2 y mortalidad. **Conclusiones.** Los hallazgos resaltan los pobres desenlaces asociados a *S. maltophilia*. Es importante profundizar en el entendimiento de la respuesta al tratamiento en pacientes con trasplante de órgano sólido, dada su alta prevalencia en nuestra cohorte. En conjunto estos hallazgos proporcionan una visión detallada de las características clínicas, el manejo terapéutico y los resultados en pacientes con infecciones por *S. maltophilia*, ofreciendo una base sólida para futuras investigaciones y una guía práctica para mejorar la atención de estos pacientes.

P-076**Detección de genes de resistencia por PCR múltiple en una institución de alta complejidad de Colombia, 2019-2024.**

Buitrago-Gómez D, Alzate-Carvajal C, Chimá-Lozano C, Páez-Valencia M, Hernández J, Aranzazu-Velásquez M, Osorio-Pinzón J. Clínica San Rafael Pereira y Universidad Libre de Pereira, Institución Universitaria Visión de las Américas. Pereira.
dianapbg21@gmail.com

Introducción. El uso de biología molecular, para detección de microorganismos y genes de resistencia, viene cobrando importancia en la práctica clínica y el control de infecciones. Este estudio describe las características de la resistencia detectada por PCR múltiple en una institución hospitalaria. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo en una institución de alta complejidad en Pereira, Colombia. Se incluyeron resultados de paneles de sepsis, neumonía y genes de resistencia por PCR múltiple (FilmArray™ BioMerieux) realizados en pacientes hospitalizados entre abril 1 de 2019-marzo 31 de 2024. Se empleó estadística descriptiva con frecuencias y proporciones. **Resultados.** Se incluyeron 1286 pruebas; 944 paneles de sepsis y 342 de neumonía. Fueron positivos 90,1% y 79,8% respectivamente. Los microorganismos más frecuentes en el panel de sepsis fueron *E. coli*, *K. pneumoniae* y *S. aureus*. En el de neumonía, *K. pneumoniae*, *S. aureus*, *H. influenzae*, *E. coli* y *P. aeruginosa*. En paneles de neumonía con detección positiva y genes de resistencia, los más frecuentes fueron CTX-M (47, 32,64%), KPC (46, 31,94%) y VIM (19, 13,19%). En paneles de sepsis con detección positiva, los genes más comunes fueron CTX-M (75, 33,04%), Mec A (66, 29,07%) y KPC (62, 27,31%). **Conclusiones.** El diagnóstico por PCR múltiple en sepsis y neumonía permite la detección temprana de patógenos y genes de resistencia. Esto puede contribuir a mejorar la gestión clínica, el pronóstico de los pacientes con estas condiciones y las medidas de control de infecciones.

P-077**Bioactive IL-1B is a strict local cytokine in infectious inflammation. A potential follow-up biomarker and therapeutic target in chronic inflammation?**

Olivella-Gómez J, Méndez L, Cáceres E, Bustos I, Vinan-Garcés A, Serrano-Mayorga C, Reyes L. Clínica Universidad de La Sabana. Cajicá.
juanolgo@unisabana.edu.co

Introduction. IL-1 β , a potent inflammatory cytokine, sets off the cascade of inflammation, influencing monocyte differentiation and driving leukocyte migration. Elevated IL-1 β levels are associated with adverse outcomes in infections, autoimmune diseases, and trauma. Recent findings, including COVID-19 cases, suggest that blocking IL-1 activity may alleviate severity and

decrease mortality rates. However, uncertainties persist regarding its systemic versus local activity, hindering its potential as a targeted therapeutic aim or follow-up biomarker. This study seeks to unravel IL-1 β 's distribution in inflammation, potentially enabling targeted therapies or facilitating disease control objective **Materials and methods.** A Western Blot using IL-1B polyclonal antibody detected IL-1B in plasma and sputum from 9 pneumonia patients, standardized via Gen5, using chemiluminescence with Myec from ThermoFischer® for detection. **Results.** In the first membrane, corresponding to the pneumonia patient's plasma samples, only B-Tubulin was detected as a quality protein control antibody with 50 kDa bands in all samples. Contrary to the sputum samples, B-Tubulin was also detected alongside bands with a molecular weight of 17 kDa indicating the presence of cleaved IL-1B in all wells except the sample from patient 288 due to low protein charge. Figure 1 presents the membranes and the standard used. A graphical representation of the findings is presented in Figure 2. **Conclusions.** Bioactive IL-1B was identified in its active form in sputum samples and not in plasma samples, suggesting its localized cleaved state. This new insight may confirm the local activity of this interleukin, making it a potentially promising biomarker and therapeutic target in cases of chronic inflammation.

P-078**Diversidad del microbioma pulmonar asociada con la mortalidad hospitalaria en pacientes intubados admitidos en la UCI.**

Bustos-Moya I, Baker J, Brown C, Falkowski N, Ranjan P, Méndez-Castillo L, Sanabria-Herrera N, Dickson R, Reyes L. Universidad de la Sabana, Universidad de Michigan. Cajicá.
ingridbusmo@unisabana.edu.co

Introducción. La microbiota pulmonar en individuos sanos es estable, pero la disbiosis incrementa la gravedad de las enfermedades respiratorias y las tasas de mortalidad. Este estudio investiga la composición microbiana del tracto respiratorio inferior y su relación con la mortalidad en pacientes de la UCI con ventilación mecánica. **Materiales y métodos.** Este estudio de cohorte prospectivo se realizó en la Clínica Universidad de La Sabana, Colombia, en enero de 2020 a julio de 2022. Se inscribieron pacientes ventilados en las primeras 12 horas de admisión a la UCI. Se recolectaron muestras de lavado broncoalveolar el día de la intubación. Las unidades taxonómicas operacionales (OTUs) se identificaron mediante secuenciación del gen 16S rRNA. Los análisis estadísticos se realizaron con RStudio. **Resultados.** Se analizaron 141 pacientes intubados, mayoritariamente hombres (65%), con una mediana de edad de 50 años. La secuenciación generó 20'808.915 lecturas y se identificaron 18.477 OTUs, con un promedio de 130.873 lecturas y 13 OTUs por muestra. El refinamiento redujo significativamente las OTUs a 2096. El análisis comparativo indicó una diferenciación significativa ($p=0,02$) entre pacientes fallecidos y sobrevivientes, con los componentes principales explicando el 73,2% de la varianza ($R^2=0,73$). Predominaron *Prevotella*, *Acinetobacter*, *Streptococcus*, *Staphylococcus* y *Veillonella*, sin diferencias significativas entre los grupos. **Conclusiones.** La disbiosis del microbioma pulmonar, caracterizada por una reducción en la diversidad beta y un aumento en *Acinetobacter*, se asoció con mayor mortalidad en pacientes con ventilación mecánica invasiva en la UCI. Estos hallazgos resaltan la importancia de comprender las alteraciones microbianas pulmonares y sus implicaciones clínicas en entornos de UCI.

P-079**Tuberculosis gastrointestinal en países de las Américas: revisión sistemática de literatura 2014-2023.**

Castaño-Orozco J, López-Restrepo J, Higueta-Gutiérrez L. Universidad Cooperativa de Colombia. Universidad de Antioquia. Medellín.
luis.higueta@campusucc.edu.co

Introducción. La tuberculosis gastrointestinal (TBGI) es una forma poco común de la tuberculosis extrapulmonar. El diagnóstico es difícil debido a la inespecificidad de síntomas y la necesidad de pruebas diagnósticas invasivas. El objetivo del estudio fue describir las características de los pacientes, diagnóstico, tratamiento y la evolución en los casos de TBGI publicados en los países de las Américas del 2014-2023. **Materiales y métodos.** Revisión sistemática de literatura en cinco bases de datos. Se siguió un protocolo de búsqueda exhaustivo y reproducible siguiendo la guía PRISMA y las indicaciones del instituto Joanna Briggs. El análisis de la información se hizo con frecuencias absolutas y relativas **Resultados.** Se revisaron 38 estudios sobre tuberculosis gastrointestinal en 9 países diferentes de las Américas. Se inclu-

yeron 44 pacientes, 66% hombres, la edad promedio fue de 42,4±15,9 años. El 21% presentó algún inmunocompromiso. Los pacientes presentaron complicaciones como obstrucción (15,9%) y perforación intestinal (9,1%). Más de la mitad requirió intervenciones quirúrgicas, el 15,9% murió. Se realizaron múltiples pruebas diagnósticas de tipo endoscópico o radiológico por sospecha de enfermedad de Crohn y cáncer, pero el diagnóstico definitivo se hizo con la observación del bacilo en las biopsias. **Conclusiones.** La tuberculosis gastrointestinal es común en países de las Américas. No se circunscribe a pacientes inmunocomprometidos. Presenta síntomas inespecíficos y se diagnostica tarde. Por lo tanto, los pacientes desarrollan complicaciones que comprometen sus vidas. Es importante incluir la TBGI en los diagnósticos diferenciales de pacientes con patología gastrointestinal compatible con cáncer colorrectal y enfermedad de Chron.

INMUNOSUPRIMIDOS NO VIH

P-080

Mortalidad intrahospitalaria en pacientes adultos inmunodeprimidos con neumonía adquirida en la comunidad ingresados en la UCI.

Viñán-Garcés A, Olivella J, Ibáñez-Prada E, Duque-Vallejo S, García-Gallo E, Reyes L. Instituto de Ciencias Pandémicas - Universidad de Oxford, Clínica Universidad de la Sabana. Cajicá.
ingridbusmo@unisabana.edu.co

Introducción. La neumonía adquirida en la comunidad (NAC) en pacientes inmunocomprometidos requiere consideraciones específicas. Se pretende determinar la causa de inmunosupresión asociada con un mayor riesgo de mortalidad intrahospitalaria en adultos inmunodeprimidos con NAC ingresados en la unidad de cuidados intensivos (UCI). **Materiales y métodos.** Usando la cohorte prospectiva de la base de datos MIMIC-IV entre 2008 y 2019, se incluyeron pacientes adultos inmunocomprometidos con NAC ingresados en la UCI durante las primeras 24 horas. Se subcategorizaron según la causa de inmunosupresión: tumor sólido, tumor hematológico, estado de autoinmunidad, estado de trasplante, asplenia, VIH, enfermedad de células falciformes y enfermedad inflamatoria intestinal. Se desarrolló un modelo de regresión logística para evaluar la relación entre inmunocompromiso y mortalidad intrahospitalaria. **Resultados.** Se incluyeron 1776 pacientes. El tumor sólido fue la causa más frecuente de inmunosupresión (55,68% [989/1776]) seguido del tumor hematológico (17,3% [307/1776]). Se identificó el agente etiológico en el 25% [446/1776] de la cohorte. Los patógenos bacterianos típicos relacionados con la NAC fueron los más frecuentes (57,39% [256/446]). El 71,6% (1274/1776) de los pacientes fallecieron durante la hospitalización. La edad avanzada y los tumores sólidos se asociaron a un riesgo de mortalidad dos veces mayor entre los pacientes con inmunosupresión. **Conclusiones.** Entre los pacientes inmunodeprimidos con NAC, el tumor sólido está asociado con la mortalidad intrahospitalaria, y cada causa de inmunosupresión representa un riesgo de mortalidad diferente para esta población. Los pacientes inmunodeprimidos con NAC podrían tener resultados clínicos diferentes según la etiología de su inmunosupresión y deberían ser tratados individualmente.

P-081

Biomarcadores inflamatorios en pacientes con lupus eritematoso sistémico en urgencias.

Perdomo D, Fernando-Salinas D, Álvarez-Perdomo L, Ramos-Castañeda. Universidad Surcolombiana, Hospital Universitario Hernando Moncaleano. Neiva.
dapequi302@gmail.com

Introducción. La infección en pacientes con lupus eritematoso sistémico (LES) es una causa importante de morbilidad, responsable hasta del 50% de los ingresos hospitalarios en este grupo de pacientes. El objetivo de este estudio es describir el perfil de biomarcadores en LES y correlacionar con infección versus exacerbación de su enfermedad en urgencias. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte ambispectivo realizado durante cinco años. La muestra retrospectiva se tomó de historias clínicas; la cohorte prospectiva fue capturada al ingreso y se solicitaron los paraclínicos en las primeras 24 horas. Se registraron las variables de SRIS, biomarcadores como procalcitonina, proteína C reactiva, Velocidad de sedimentación globular, ferritina e Índice neutrófilo/linfocito; además estudios microbiológicos y aplicación de la escala ECLAM. Finalmente se analizaron los pacientes que cursaron con exacerbación de la

enfermedad e infección. **Resultados.** Se registraron 99 pacientes, de los cuales, 87,5% fueron mujeres; 25 desarrollaron infección y 48 exacerbación de la enfermedad. La mediana, en la escala ECLAM, fue de 6,5 puntos. Alrededor del 31% de los pacientes tenía tratamiento inmunosupresor. El 38% de los pacientes tenía SRIS. Un valor de PCR bajo o negativo podría ser indicativo de exacerbación del LES, sin embargo, su nivel alto no corresponde solo a infección ($p=1,141$). En comparación con valores elevados de PCT que sugieren infección ($p=0,0085$). **Conclusiones.** En pacientes con LES, los biomarcadores de PCT y PCR deben tomarse en las primeras 24 horas de ingreso al servicio de urgencias sumado a aislamientos microbiológicos y la aplicación de índices como ECLAM para realizar un adecuado enfoque clínico y terapéutico.

P-082

Características clínicas y factores asociados a mortalidad en bacteriemia por *Stenotrophomonas maltophilia* en población oncológica.

Hoyos-Pulgarín J, Gutierrez-Durán O, Benítez-Mejía J, Escobar-Paredes D, Fajardo K. Oncólogos del Occidente, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira.
juanhope9@hotmail.com

Introducción. La *Stenotrophomonas maltophilia* es un patógeno oportunista, reconocido por su emergente crecimiento global particularmente entre pacientes inmunocomprometidos y con infecciones amenazantes para la vida. Como objetivo buscamos documentar las características clínicas y los factores asociados a mortalidad en pacientes oncológicos que desarrollan bacteriemia por *Stenotrophomonas maltophilia*. **Materiales y métodos.** Estudio cuantitativo, retrospectivo, transversal y analítico en tres unidades de hematología del eje cafetero entre abril del 2018 y enero del 2023. Se incluyeron todos los pacientes adultos del servicio de hospitalización con diagnóstico de malignidad hematooncológica que desarrollaron bacteriemia por *Stenotrophomonas maltophilia*. Se revisaron las historias clínicas con el fin de documentar las características clínicas y el desenlace vital. **Resultados.** Se documentaron 25 pacientes con bacteriemia por *Stenotrophomonas maltophilia*, 15 fueron hombres, 9 mujeres. 4 de los pacientes requirieron ingreso a unidad de cuidado intensivo. La mortalidad fue del 16%. Los tumores sólidos predominaron con el 54%. La presencia de enfermedad ulcerosa del tracto gastrointestinal $p=0,021$, neoplasia sólida $p=0,020$ y neoplasia sólida metastásica $p=0,015$ demostraron una relación estadísticamente significativa con el riesgo de mortalidad por bacteriemia causada por *Stenotrophomonas maltophilia*. **Conclusiones.** La mortalidad en pacientes oncológicos que desarrollan bacteriemia por *Stenotrophomonas maltophilia* es alta. La enfermedad ulcerosa del tracto gastrointestinal y la neoplasia sólida en estadios tempranos y avanzados se relacionan con su desarrollo.

P-083

Impacto de la inmunosupresión en los resultados clínicos de pacientes críticos con neumonía.

Sanabria-Herrera N, Torres A, Martín-Loeches I, Reyes L. Hospital Clínic Of Barcelona, St James's University Hospital. Clínica Universidad de la Sabana. Cajicá.
ingridbusmo@unisabana.edu.co

Introducción. Las infecciones nosocomiales de las vías respiratorias inferiores (IRAN) están relacionadas con peores resultados clínicos y un coste sanitario significativo. Sin embargo, sigue existiendo incertidumbre en cuanto a los factores de riesgo de mortalidad entre los enfermos críticos, en particular, los que presentan diversos grados de inmunocompromiso. Este estudio pretende identificar y comparar los microorganismos predominantes en ambos grupos y evaluar el impacto de la inmunosupresión en términos de supervivencia. **Materiales y métodos.** En este análisis se utilizaron datos de la cohorte prospectiva, multicéntrica y multinacional desarrollada por la Red Europea de Infecciones Respiratorias Relacionadas con las UCI (ENIRRI). La descripción de la cohorte incluye 1060 pacientes adultos diagnosticados con IRAN. Se realizó un análisis de supervivencia ajustado por la gravedad de la infección (SAPS II) mediante un modelo de riesgos proporcionales de Cox para explorar a fondo la mortalidad en estos subgrupos. **Resultados.** Se observó inmunosupresión en el 25% de los pacientes (264/1060). En ambas cohortes, *Pseudomonas aeruginosa* fue el microorganismo predominante, afectando especialmente a los pacientes inmunodeprimidos (25,3% vs. 16,7%, $p = 0,032$), seguido de *Klebsiella spp* y *Acinetobacter baumannii*. El análisis de supervivencia y el análisis de regresión de Cox ajustado revelaron una menor probabilidad de supervi-

encia en los inmunocompetentes tras su ingreso en la UCI. **Conclusiones.** Esta descripción profundiza la relación entre la inmunosupresión, la etiología microbiana y los resultados clínicos en pacientes con IRAn. Curiosamente, la inmunosupresión no se asoció con peores resultados clínicos, incluso después de ajustar por la gravedad de la enfermedad.

PROA

P-084

Implementación del Programa de Optimización del Uso de Antimicrobianos (PROA) en pacientes adultos en el Hospital Universitario San Rafael de Tunja durante el periodo junio 2023 a julio 2024.

Sánchez-Pardo S, Reyes-Peña S, Casallas M, Mora-Robayo E, Noriega-Noriega J, Mejía-Ángel J, Ramírez-Benítez L, Palacios-Ariza M. Hospital Universitario San Rafael Tunja, Unisanitas. Bogotá. sasanchez21@hotmail.com

Introducción. La gestión antimicrobiana es un enfoque multidisciplinario que fomenta el uso responsable de los antiinfecciosos para minimizar la propagación de la resistencia. Su objetivo es mejorar los resultados clínicos de los pacientes y la salud pública en general. El objetivo es determinar el impacto en el consumo de antimicrobianos con la implementación del Programa de Optimización del Uso de Antimicrobianos (PROA) en una institución de III nivel en la ciudad de Tunja, Boyacá. **Materiales y métodos.** Estudio con enfoque cuantitativo, de tipo cuasiexperimental y diseño de antes y después. **Resultados.** Se analizaron 4112 prescripciones de antibióticos de amplio espectro. El 67,8% se intervinieron por infectología en la etapa pos-implementación. El mayor uso fue de Amikacina, Cefepime, Vancomicina, Ertapenem, Meropenem y Piperacilina Tazobactam y, posterior a la intervención las dosis diarias definidas, se mantuvieron menores al promedio del INS para el 2023. Se observó una disminución significativa de dosis diaria definida (DDD) para Vancomicina, Amikacina, Piperacilina, Tazobactam y Meropenem posterior a la implementación. El ahorro global hasta mayo fue de \$22'818.871, con un mayor ahorro en abril 2024 con \$51'602.501. La tasa de infecciones asociadas al cuidado de salud por BLEE por 1000 días / estancia en hospitalización pasó de 0,46 a 0,12 en los meses pos-implementación. La resistencia a Ceftriaxona en *E. coli* se mantiene estable en el periodo pos-implementación. **Conclusiones.** La implementación del PROA es una acción fundamental y necesaria. Se demuestran reducción de costos y reducción de microorganismos resistentes causantes de IAAS.

P-085

Impacto económico y microbiológico de la implementación del Programa de uso Optimizado de Antimicrobianos (PROA) en Clínica CES.

Uribe-Pulido N, Zuluaga-Serna Á, Ortiz-Aguilar J, Pallares-Gutiérrez C. Clínica Imbanaco - Grupo Quironsalud, Universidad el Bosque. Medellín. nataliuribep@gmail.com

Introducción. Los programas de uso optimizado de antimicrobianos (PROA) han logrado reducir consumo antimicrobiano y resistencia bacteriana en los hospitales, especialmente, en sus primeros años de implementación. El objetivo del estudio fue evaluar el impacto económico y microbiológico de la implementación del PROA en la unidad de cuidados intensivos (UCI) de Clínica CES (Colombia). **Materiales y métodos.** estudio ambispectivo observacional de intervención en UCI: pre-intervención (enero-diciembre 2022); post-intervención (enero-diciembre 2023). Se aplicó auditoría prospectiva con retroalimentación a las conductas antimicrobianas en 22 camas, evaluando: consumo (en dosis diaria definida), costos de antimicrobianos de uso restringido según resolución 2471 de 2022 (pesos colombianos/COP); porcentaje de resistencia para *Staphylococcus aureus* meticilino-resistente (MRSA), betalactamasas de espectro extendido (BLEE), y Enterobacteriales resistentes a carbapenémicos. Se realizaron comparaciones antes y después empleando estadística no paramétrica. **Resultados.** se redujo el consumo de: ertapenem (-59,3%; $p < 0,05$), cefepime (-20,4%; $p < 0,05$), meropenem (-14,8%; $p < 0,05$), y caspofungina (-59,4%); con un incremento en: ceftazidime/avibactam (52,9%; $p < 0,05$), ceftriaxona (43,1%; $p < 0,05$) y piperacilina/tazobactam (23,8%; $p < 0,05$). El ahorro total en costos fue 34,2% (\$ 358'370.513 COP). Se redujo el porcentaje de MRSA (-26%; $p < 0,05$) y BLEE+ (-4,1%; p NS) pero no de *K. pneumoniae* BLEE+ ni Enterobacteriales resistentes a carbapenémicos. **Conclusiones.** El PROA logró disminuir consumo y costos de antimicrobianos al inicio de su

implementación, previéndose la estabilización de este comportamiento en los próximos años. El impacto en disminución de la incidencia de patrones de resistencia específicos (BLEE's, bacterias resistentes a carbapenémicos) depende de la articulación de los PROA con las estrategias de prevención y control de infecciones en los hospitales

P-086

Identificación de prescripción inadecuada de antibióticos durante la implementación de un Programa de Optimización de Antimicrobianos (PROA) en una institución de alta complejidad.

Bernal-García E, Ochoa-Vera M, Silva-Pereira A, Luna-González M, Arias-Ariza A, Contreras-Contreras J. Universidad Autónoma de Bucaramanga - Complejo Hospitalario Foscil-FOSUNAB. Bucaramanga. jcontreras896@unab.edu.co

Introducción. La resistencia antimicrobiana representa una amenaza global significativa (1). La implementación de estrategias para controlar la prescripción antimicrobiana, como los programas de optimización de antimicrobianos (PROA), han demostrado ser importantes para identificar factores asociados con una prescripción inadecuada (3). Por esta razón se buscó identificar estos factores en una institución de alta complejidad durante la implementación del programa PROA. **Materiales y métodos.** Estudio transversal en el complejo hospitalario FOSCIL desde octubre de 2022 hasta marzo de 2023. Se analizaron 1.647 registros de prescripciones de antimicrobianos, excluyendo registros de menores de 18 años, profilaxis, y el uso de antimicóticos o antivirales. **Resultados.** De 1647 prescripciones analizadas, el 17,97% se consideraron inadecuadas. El espectro empírico incorrecto (34,7%) fue el tipo más frecuente de prescripción inadecuada y las intervenciones más comunes del programa PROA fueron la continuación con ajuste (33%) y el desescalamiento (30%). Se encontró una mayor probabilidad de prescripción inadecuada para los glucopéptidos (Vancomicina), RP 1,46; (IC95% 1,12 - 1,89, $p < 0,001$), y las infecciones del sistema nervioso central mayor probabilidad en comparación con las del tracto respiratorio (RP 3,72; IC95% 2,2 - 6,3, $p < 0,001$). **Conclusiones.** El PROA no solo permite identificar factores asociados con la mala prescripción de antimicrobianos sino que también, proporciona una herramienta esencial para desarrollar estrategias dirigidas a reducir estos errores y mejorar la gestión de antimicrobianos en entornos hospitalarios de alta complejidad.

P-087

Reacciones adversas a medicamentos en Unidad de Cuidados Intensivos (UCI): Una oportunidad para el Programa de Optimización de Antimicrobianos (PROA).

Narváez-Anganoy O, Insuasty-Portilla B, Gaviria-Narváez H, Rodríguez-Caicedo G, Ordoñez-Zarama Y, Alfaro X. Hospital Universitario Departamental de Nariño. Universidad De Nariño. San Juan de Pasto. oscarjhan76@hotmail.com

Introducción. Una reacción adversa a medicamentos (RAM), que incluye cualquier reacción dañina por un medicamento usado en dosis terapéutica, representan un problema de salud pública asociado a hospitalizaciones prolongadas, afectando la calidad de vida del paciente y aumentando el costo de la atención en salud. Los antibióticos son uno de los grupos farmacológicos más relevantes asociados a RAM. El objetivo de este estudio fue identificar qué grupos farmacológicos y qué RAM son más frecuentes en pacientes hospitalizados en UCI. **Materiales y métodos.** Estudio cuantitativo de tipo observacional-descriptivo-retrospectivo de corte transversal. Se analizaron 439 historias clínicas electrónicas del Hospital Universitario Departamental de Nariño entre el 2010 y el 2023. Se tuvo en cuenta que los pacientes fueran mayores de 18 años y tuvieran al menos una RAM durante su estancia en la UCI. La información se organizó en tablas dinámicas en donde se describen las frecuencias absolutas y relativas de cada variable. **Resultados.** De las 439 historias clínicas analizadas 91 (20,7%) de ellas reportaron RAM. Los antibióticos representaron el tercer grupo más frecuente asociado a RAM, se registraron 11 (12,1%) RAM en este caso. Los macrólidos (36,4%) se asociaron a más RAM, seguidos de los glucopéptidos (27,3%). Las RAM más frecuentes fueron: diarrea (27,3%), flebitis química (18,2%) y trombocitopenia (18,2%). **Conclusiones.** Las RAM secundarias a antibióticos son un problema frecuente y subdiagnosticado que puede mejorar mediante estrategias como el PROA, reduciendo tanto el consumo como la frecuencia de efectos adversos de este grupo de fármacos, favoreciendo la seguridad del paciente y contribuyendo a la salud pública.

P-088**Impacto del Programa de Optimización de Antimicrobianos (PROA) en el indicador de ajuste oportuno de la terapia antimicrobiana: experiencia en un hospital universitario de referencia en Bogotá, Colombia.**

Valderrama-Ríos M, Cortés-Luna J, Álvarez-Hernández S, Ibáñez-Triana A, Saavedra-Trujillo C. Hospital Universitario Nacional de Colombia. Bogotá.
mavalderramar@unal.edu.co

Introducción. Las actividades de auditoría prospectiva con retroalimentación, dirigidas al personal que realiza prescripción de antimicrobianos, es un aspecto fundamental en la implementación y consolidación de los programas de optimización de antimicrobianos (PROA). El objetivo del presente estudio es describir la experiencia exitosa de las actividades de auditoría prospectiva con retroalimentación en el indicador de ajuste oportuno de la terapia antimicrobiana en un hospital universitario. **Materiales y métodos.** Estudio antes-después realizado en el Hospital Universitario Nacional de Colombia (HUN) con medición del indicador durante el primer trimestre de 2023 (antes) y durante el primer trimestre de 2024 (después). Los participantes fueron profesionales de los servicios tratantes a cargo de la prescripción de antimicrobianos. El resultado principal fue la proporción de ajuste de terapia antimicrobiana dentro de las 36 horas posteriores al reporte de laboratorio clínico. **Resultados.** Los casos en los cuales no estaba indicado o no era posible realizar el ajuste fueron excluidos para el análisis de ambos periodos de tiempo, enero-marzo, de 2023 y de 2024 (45% [N=199] y 52% [N=122], respectivamente). Se evidenció incremento clínicamente significativo en la proporción de ajuste oportuno (87% [n=95] vs 98% [n=58]; p=0,015), y de ajuste realizado por los servicios tratantes (67% [n=64] vs 76% [n=44]; p=0,263). En ambos periodos de tiempo, más del 75% de los casos en los cuales se realizó ajuste oportuno por los servicios tratantes, tenían instaurados antimicrobianos como cefepime, piperacilina/tazobactam, meropenem, ceftazidima/avibactam, o vancomicina. **Conclusiones.** Las actividades de auditoría prospectiva con retroalimentación de los PROAs favorecen el uso prudente de antimicrobianos por parte de los servicios tratantes.

P-089**Impacto en la adherencia al protocolo "código sepsis" en un hospital de IV nivel en Colombia.**

Pallares-Gutiérrez C, Cruz-Lamus F, Pupiales N, García L, González-Aragón C, Quintero L, Franco A, Oñate J, Villegas-Botero M. Clínica Imbanaco Grupo Quironsalud - Universidad del Valle - Escuela de Salud Pública, Universidad el Bosque. Cali.
icako@hotmail.com

Introducción. La sepsis es frecuente en hospitales con mortalidad $\geq 30\%$ que puede aumentar por incumplimiento en administración temprana de antimicrobianos. Sin embargo, se han documentado bajas adherencias al inicio rápido de antimicrobianos. Este estudio tuvo como objetivo evaluar el impacto en adherencia al "código sepsis" en un hospital de IV nivel. **Materiales y métodos.** Estudio observacional cuasiexperimental. Se generó un protocolo de manejo de sepsis en adultos para urgencias, hospitalización y cuidado intensivo basado en alertas tempranas en historia clínica, activación de equipo humano de respuesta rápida, toma de hemocultivos y lactato, suministro de antimicrobianos y reanimación hídrica con metas. Se generaron foros de capacitación presencial-virtual para médicos-enfermeras sobre uso de antimicrobianos y socialización de guías de manejo empírico basadas en epidemiología local. Se evaluó adherencia antes y después de los foros al manejo empírico, toma de hemocultivos, administración de antimicrobianos y reanimación hídrica. Los resultados se compararon usando estadística no paramétrica. **Resultados.** Se evaluó la estrategia 1 año: se compararon las variables antes de la implementación, post implementación la adherencia global a metas. La sepsis aumentó 9% (73% versus 82%; p=0,03), cumplimiento en la administración del antimicrobiano en la 1ra hora 12% (61% versus 73%; p<0,05), reanimación hídrica precoz 8% (90% versus 98%; p=0,04), toma de hemocultivos 1% (97% versus 98%; p=0,79) y lactato 3% (92% versus 95%; p=0,56). **Conclusiones.** Implementar estrategias enfocadas en cumplimiento de metas de reanimación en sepsis aumenta la adherencia. La administración del antimicrobiano en la 1ra hora luego del diagnóstico de sepsis continúa siendo un reto para los hospitales.

P-090**Eficiencia hospitalaria de un Programa de Optimización de Antimicrobianos (PROA) pediátrico en un hospital de IV nivel.**

Monsalve A, Pallares-Gutiérrez C, Quintero L, Villegas-Botero M. Clínica Imbanaco Grupo Quironsalud - Universidad el Bosque. Cali.
icako@hotmail.com

Introducción. Los Programas de Optimización de Antimicrobianos (PROA) reducen consumo antimicrobiano, aumentan adherencia a guías y mejoran eficiencia hospitalaria. En adultos la implementación de PROA, en Colombia, lleva más de una década, pero en pediatría aún es incipiente. La norma del país es reciente y no incluyó a los pacientes pediátricos. Este estudio evaluó el impacto de un PROA pediátrico en la eficiencia hospitalaria administrativa de un hospital de IV nivel. **Materiales y métodos.** Estudio observacional cuasiexperimental. Se elaboraron guías de manejo empírico de infecciones para pacientes. **Resultados.** Se realizó el seguimiento durante 10 meses. Se observó una adherencia global a las guías 70%, al antimicrobiano correcto 97%, dosis correcta 99% y duración del tratamiento 59%. Consumo antimicrobiano promedio 1,9 DOT x 100 días hospitalización y 1,1 LOT x 100 días hospitalización (relación DOT/LOT=1,7). Tasa de ahorro promedio días de antimicrobiano y días de hospitalización durante seguimiento 13,2 días antimicrobiano y 10,5 días hospitalización (x 1.000 días hospitalización). **Conclusiones.** Los PROA pediátricos disminuyen días de uso de antimicrobianos y tiempo de hospitalización. Aunque los esquemas de tratamiento cada vez son más cortos, la adherencia a duración del antimicrobiano es un reto en los hospitales.

P-091**PROA VID: 6 años de indicadores de impacto en la práctica clínica y la seguridad del paciente.**

Roncancio-Villamil G, Pineda-Flórez A, Díaz-Ospina D, Vargas-Pérez A, Montoya-Duque A, García-Rincón C. Clínica Cárديو Vid. Medellín.
roncancio@gmail.com

Introducción. Los indicadores de los Programas de Uso de Antimicrobianos (PROA) deben ir más allá de los reportes de consumo y desescalada terapéutica. Se analiza el seguimiento del PROA en la Clínica Cardio Vid, Medellín durante 6 años. El PROA se basó en participación activa de farmacovigilancia e infectología, educación continua, manual de prescripción, auditorías retrospectivas y retroalimentación a prescriptores de antimicrobianos en adultos hospitalizados en piso, unidad de cuidado intermedio y unidad de cuidado intensivo (100 camas). **Materiales y métodos.** Estudio observacional analítico en institución de IV nivel de atención en Medellín, Colombia, entre 2019 y 2023. La información se toma de la base de datos de PROA llenada prospectivamente. Los datos fueron analizados usando estadística descriptiva e inferencial para identificar patrones y tendencias en uso y seguridad de antimicrobianos. **Resultados.** Se revisaron 2772 prescripciones: 58,3% en hospitalización, 31,4% en UCI y 10,3% en UCI intermedia. El 12,7% de las prescripciones corresponden a meropenem. Se identificaron 114 interacciones medicamentosas mayores (4,1%) y 62 reacciones adversas (2,2%), con disminuciones significativas en el tiempo (p=0,002 y p=0,035, respectivamente). 95% de las prescripciones eran pertinentes; en 4,8% se consideró una alternativa más efectiva y en 5,2% una más segura. 97,8% de las prescripciones tenía una duración definida y la dosis fue correcta en 97,9%. Infectología realizó directamente el 56% de las prescripciones. **Conclusiones.** Se resalta la importancia de mantener un PROA basado en intervención activa del servicio farmacéutico e infectología, junto con educación, vigilancia y retroalimentación a prescriptores como estrategia de seguridad y buen uso de antimicrobianos.

VACUNACIÓN**P-092****Comparación de la respuesta humoral a una vacuna inactivada contra SARS-CoV-2 (Coronavac®) en un esquema de vacunación convencional (0-4 semanas) versus extendido (0-≥5 semanas).**

Zarabanda D, Chacón J, Godoy M, Suárez P, Amaya M, Cortés J, Álvarez C. Grupo One Health - Clínica Colsanitas, Grupo INPAC - Clínica Colsanitas, Fundación Universitaria Sanitas, Grupo Enfermedades Infecciosas - Facultad de Medicina - Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
mjamayama@unal.edu.co

Introducción. Durante la implementación de la vacunación contra COVID-19 en Colombia fue necesario modificar esquemas de administración de las vacunas como Coronavac®. Sin embargo, no se conoce si la extensión en el tiempo de la administración entre dos dosis tiene un impacto en la respuesta humoral. El propósito de este estudio fue comparar la respuesta inmune humoral entre dos esquemas de administración. **Materiales y métodos.** En 2021 se constituyó una cohorte prospectiva de personas ≥ 18 años vacunados con Coronavac®, a quienes se les administró el esquema convencional, grupo 1 (0-4 semanas) y se les extendió el tiempo de administración de la segunda dosis, grupo 2 (0- ≥ 5 semanas). A los participantes se les tomaron muestras de sangre en los días 0, 28, 90 y 180 días. El nivel de anticuerpos totales anti-SARS-CoV-2 se midió utilizando el inmunoensayo Elecsys®. **Resultados.** Se incluyó un total de 247 y 284 participantes en los grupos 1 y 2 respectivamente. En el grupo 2 el promedio de administración de segunda dosis fue 39 días (+/-SD 3,34). Se observó una diferencia significativa en la media de las edades entre los grupos ($p < 0,001$). Al comparar ambos grupos a 3 y 6 meses, no hubo diferencias significativas en los títulos anticuerpos (442,17 +/- DS 756,517 vs 387,6 +/- DS 695,1; 384,7 +/- DS 671,1 vs 318,8 +/- DS 619,1 U/mL; Grupo 1 y 2 respectivamente). **Conclusiones.** Aumentar el intervalo entre la primera y la segunda dosis de la vacuna Coronavac® no tuvo diferencia en títulos de anticuerpos totales anti-SARS-CoV-2.

P-093

Pregnancy outcomes following unintentional exposure to tak-003, a live-attenuated tetravalent dengue vaccine.

Rauscher M, Youard Z, Faccin A, Patel S, Pang H, Zent O, Bernal M. Takeda Pharmaceuticals International Inc. – Cambridge – Ma - USA. Takeda Pharmaceuticals International Ag – Zürich – Switzerland, Takeda Colombia SAS. Bogotá. mauricio.bernal@takeda.com

Introduction. During development of a live-attenuated, tetravalent dengue vaccine (TAK-003; Qdenga®), participants who were confirmed as pregnant prior to vaccination were excluded from all clinical studies, and despite measures to avoid pregnancy in the clinical studies, some participants became pregnant. Objective: We report pregnancy outcomes and neonatal adverse events following unintentional TAK-003 exposure during pregnancy. **Materials and methods.** This post-hoc analysis comprised integrated data (cutoff: Aug-18-2023) from phase 2 and 3 TAK-003 clinical studies. Participants were considered "exposed" if their last menstrual period (LMP) date was within 6 weeks before vaccination up to the outcome of pregnancy. Pregnancies with unknown LMP date were excluded. Outcomes were summarized by vaccine administered (TAK-003 or placebo) and exposure status. Informed consent was obtained from all participants involved in the clinical studies. **Results.** A total 375 and 182 pregnancies were reported by 344 TAK-003 recipients and 159 placebo recipients, respectively; 52 participants had > 1 pregnancy. Most pregnancies occurred in the long-term follow-up period (up to 54 months) after vaccination in the DEN-301 study, and were considered not exposed. Of the 28 and 10 exposed pregnancies in TAK-003 and placebo recipients, respectively, 23 (82,1%) and 5 (50,0%) were live births, 2 (7,1%) and 2 (20,0%) were elective terminations, 3 (10,7%) and 2 (20,0%) were spontaneous abortions (unrelated to TAK-003 exposure), and 1 (10,0%, placebo) was an unknown outcome. No neonatal adverse events were attributable to TAK-003 exposure. **Conclusions.** The post-hoc integrated analysis did not reveal any evidence of increased adverse pregnancy or neonatal outcomes following inadvertent TAK-003 exposure.

P-094

Tendencias en la frecuencia de verrugas genitales tras la vacunación contra el Virus del Papiloma Humano (VPH) en Colombia.

Colonia C, Narváez J, Buitrago G, De-La-Hoz F, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá. fpdelahozr@unal.edu.co

Introducción. En 2012, Colombia, introdujo la vacunación universal contra el VPH para niñas y adolescentes. Se presentan aquí los resultados de una evaluación del impacto de esta vacunación en lesiones no malignas. **Materiales y métodos.** Se realizó un análisis ecológico de la incidencia de verrugas genitales en mujeres nacidas entre 1996 y 2003, incluidas en el programa de vacunación (cohortes expuestas), comparándolas con las nacidas antes de 1996 (no expuestas). Los datos se obtuvieron de la base de datos UPC. **Resultados.**

La incidencia promedio de verrugas genitales varió entre 0,5 y 4,5 por 104 por departamento. La incidencia fue más baja en las cohortes vacunadas en comparación con las no vacunadas. La reducción fue mayor en las cohortes vacunadas antes de 2014, y no se observó para otras enfermedades de transmisión sexual. La reducción relativa en la tasa de incidencia de verrugas fue similar en todas las subdivisiones territoriales. **Conclusiones.** La incidencia de verrugas genitales fue menor en las cohortes expuestas a la vacuna contra el VPH pero la diferencia disminuye después del 2014 sugiriendo una disminución de la efectividad. Es necesario continuar este monitoreo para establecer si es un efecto transitorio y para evaluar el efecto de la vacunación en niños recientemente introducida por el país.

EPIDEMIOLOGÍA Y CONTROL DE INFECCIONES

P-095

Calidad del agua en comunidades indígenas del Chocó: un desafío para reducir las enfermedades infecciosas gastrointestinales y de la piel.

Hernández-Sarmiento J, Montoya-Cedula S, Guzmán L, Nieto-Betancurt J, Gutiérrez S, García M, Osorno S, Pérez-Villa M. Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín. jose_mauricio_h@hotmail.com

Introducción. Las comunidades indígenas del Chocó se ubican en zonas selváticas y consumen agua de fuentes naturales. Estudios realizados por nuestro grupo de investigación han encontrado que hasta un 52% de las enfermedades, en estas comunidades, pueden ser ocasionadas por la mala calidad del agua. En el presente trabajo realizamos un estudio de la calidad del agua de consumo en comunidades indígenas de la zona. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de corte transversal. Se visitaron tres comunidades indígenas en la selva Chocoana, en las que caracterizamos las comunidades y tomamos muestras de diferentes fuentes de agua de consumo para ser evaluadas en el laboratorio de Aguas de la Universidad Pontificia Bolivariana en Medellín. Los parámetros evaluados fueron PH, Turbiedad, Mercurio, Mesófilos, coliformes totales, y *Escherichia coli*. **Resultados.** Se tomaron 14 muestras. Entre los resultados más importantes se halló que el promedio de coliformes fue de 2.419 NMP/100ml, *Escherichia coli* 627 NMP/100ml, Turbidez $< 1,4$ NTU, Mercurio $< 0,0012$ mg Hg/L, y PH de 6,1. **Conclusiones.** El agua que consumen las comunidades indígenas en el Chocó proviene de fuentes naturales y contiene una altísima contaminación con coliformes y *E. coli* lo cual explica la epidemiología de las enfermedades infecciosas en estas comunidades. Al ser fuentes naturales será difícil hacer tratamiento del agua en el origen, por lo tanto, es indispensable capacitar a las familias para que realicen un tratamiento casero del agua que elimine la contaminación bacteriana y disminuye la prevalencia de enfermedades transmitidas por el agua.

P-096

Flebitis infecciosa e infecciones del torrente sanguíneo asociada al uso de catéter venoso periférico en el Hospital San Vicente Fundación de Medellín.

Ortiz M, Valencia-Rey P. Hospital Universitario San Vicente Fundación. Medellín. andreav17@hotmail.com

Introducción. Las flebitis infecciosas y las infecciones del torrente sanguíneo (ITS) son complicaciones poco frecuentes de los catéteres venosos periféricos. No existe un estándar de referencia que permita fijar metas para estos eventos. Nuestro objetivo es describir su frecuencia en una institución de alta complejidad. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo de pacientes con flebitis bacteriana en el Hospital San Vicente Fundación de Medellín durante el año 2023. Todas las variables se analizaron descriptivamente proporcionando números y porcentajes para variables dicotómicas y politómicas. Para las variables continuas se analizaron medias, medianas, desviaciones estándar y rangos intercuartílicos. **Resultados.** En el 2023 se insertaron 64.021 catéteres venosos periféricos. La tasa global de flebitis infecciosa fue de 0,21 cada 1.000 días/catéter venoso periférico, con 29 flebitis infecciosas. Ocurrieron complicaciones como celulitis (7), bacteriemias (6), abscesos (3), tromboflebitis (2) y una muerte. El índice de ITS asociadas a catéter venoso periférico fue de 0,09 por cada 10.000 catéteres interpuestos, incidencia de 0,04 por cada 1.000 días-catéter. La literatura reporta frecuencias entre 0,5 y 3,5 bacteriemias por cada 10000 dispositivos insertados. No existe un estándar de referencia para las flebitis infecciosas. Solo 1 (3%) caso de flebitis bacteriana fue considerado no evitable. Los microorganismos aislados fueron 5 cocos gram positivos

(*S. aureus* y *S. epidermidis*) y *E. coli* (1) y *P. aeruginosa* (1). **Conclusiones.** Las flebitis infecciosas son una complicación infrecuente de los catéteres venosos periféricos. La frecuencia de ITS asociadas a catéter venoso periférico fue menor que lo reportado en la literatura.

P-097

Manejo y control de brote por rotavirus en una unidad neonatal de una institución de alta complejidad en la ciudad de Medellín.

Salazar-Patiño P, Camargo J, Lopera-Sánchez N, Mesa-Monsalve J, Díaz-Díaz A. Hospital General de Medellín. Medellín. alejodiaz81@gmail.com

Introducción. El rotavirus es la causa más común de diarrea en niños. Se transmite por vía fecal-oral, pero también mediante contacto con superficies contaminadas, ocasionando brotes hospitalarios. El objetivo es describir un brote ocurrido en la unidad neonatal y las estrategias implementadas para su control. **Materiales y métodos.** El diagnóstico de la infección se realizó con antígeno de rotavirus en materia fecal. El equipo de prevención de infecciones (EPI) participó en la definición de caso, medidas implementadas y con el reporte a la secretaria local de salud. **Resultados.** El 3 de marzo de 2024 se identificó un bebé hospitalizado que presentaba regurgitación y deposiciones líquidas. Se confirmó infección por rotavirus. El 5 de marzo de 2024, se reportó otro bebé sintomático en la misma sala. La tamización de expuestos resultó en cuatro casos más. El EPI activó medidas para controlar el brote (cohortización, educación personal y familias, reforzamiento higiene de manos, limpieza y desinfección). En total, hubo 29 pacientes (dos presentaciones graves, ningún fallecido) en 9 semanas. Todos pertenecían al mismo servicio o compartían personal asignado. Los principales factores asociados a la propagación fueron: fallas en la higiene de manos del personal y las familias y en la limpieza y desinfección de áreas y superficies. Se identificó, como factor protector, la lactancia materna entre pacientes expuestos. **Conclusiones.** Este brote confirma la relación existente entre las fallas en las medidas de prevención de infecciones, con la presencia de brotes institucionales. El reforzamiento de la vigilancia por el EPI, el replanteamiento de tiempos de aislamiento y la implementación de medidas para proteger y aumentar la lactancia materna, facilitaron su control.

P-098

Epidemiología de la meningitis en el departamento de Sucre, 2023.

Palencia-Sánchez D, De-La-Ossa A, Cala E, Paba B, Arrieta G, Mattar S. Secretaría de Salud. Universidad de Córdoba. Sincelejo. dianaopaolencia@gmail.com

Introducción. La meningitis bacteriana es considerada una emergencia médica debido a su rápida progresión y su potencial para causar complicaciones graves como daño cerebral y muerte. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo de corte transversal de pacientes con meningitis bacterianas y la enfermedad meningocócica notificados en el 2023 en el departamento de Sucre. Se incluyeron los datos recolectados de las fichas de notificación individual del código 535. Los datos demográficos, clínicos, así como los de laboratorio clínico fueron recolectados a través del SIVIGILA y el laboratorio de virología del INS. El análisis se fundamentó en la descripción de las variables de tiempo, lugar, persona y los indicadores. El estudio siguió las normas éticas del ministerio de salud. **Resultados.** Se notificaron 9 casos confirmados por laboratorio y 18 casos probables, 7 se descartaron. Las semanas epidemiológicas en donde se notificaron el mayor número de casos de la enfermedad fueron la semana 20 y 47 respectivamente con tendencia al aumento. El 55,5% de los casos se registraron en el sexo masculino, el 88,9% procedían de las cabeceras municipales, el 33,3% se registraron en el grupo de >65 años. El porcentaje de casos confirmados nuevos por *S. pneumoniae* en la población general fue del 56%. **Conclusiones.** El estudio permitió identificar los casos confirmados y probables de meningitis bacterianas y la enfermedad meningocócica los casos notificados por municipios de procedencia, el comportamiento demográfico del evento y los indicadores de impacto según lo estipulado en el protocolo de análisis de vigilancia y control de este evento del INS.

P-099

Infección por el virus varicela zoster (VZV) en el departamento de Sucre, 2023.

Palencia D, De-La-Ossa A, Cala E, Paba B, Buelvas D, Arrieta G, Mattar S. Secretaría de Salud, Universidad de Córdoba. Sincelejo. dianaopaolencia@gmail.com

Introducción. La VZV es altamente contagiosa y se transmite a través del contacto directo con las lesiones cutáneas. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo transversal de pacientes con VZV de Sucre. Se incluyeron los datos del 2023 recolectados en las fichas de notificación individual del código 831. Se realizó una búsqueda activa institucional a través del aplicativo SIANIESP, programa incorporado al SIVIGILA utilizando los registros individuales de prestación de servicios (RIPS). **Resultados.** En 2023 se notificaron 820 casos de VZV de los cuales 780 registros cumplieron la definición. Las semanas epidemiológicas con el mayor número de casos fueron la 35, 39, 31 y 34. El 50% de los casos de VZV fueron masculinos, el 84,5% procedían de los municipios; el 28,9% fueron de 0 a 4 años. La mayor incidencia se presentó en varones de 79,5/100.000 habitantes. En las semanas 33, 34 y 35 la población susceptible se ubicó en zona de alarma, en la semana 51 y 52 representó una fase de declive de la enfermedad. En la semana 52 la proporción de incidencia en la población fue de 78.9/100.000 habitantes o personas en riesgo. **Conclusiones.** El estudio permitió conocer que el VZV con 780 casos es una enfermedad infecciosa de importancia en salud pública en Sucre. La vigilancia de los casos realizadas por la secretaria de salud permitió mitigar el brote. El 71% de los casos se dieron en adultos por lo que la vacunación debe ser prioridad para controlar la infección.

P-100

Cambios de la microbiota ambiental en la Unidad de Cuidados Intensivos (UCI) adultos en un hospital colombiano cuatro años después de su ocupación 2018-2022.

Sanmiguel-Espinosa G, Castro B, Matiz-González J, Carvajal L, Parada A, Rincón S, Porras A, Reyes J. Universidad El Bosque y Los Cobos Medical Center. Bogotá. jinnethereyes@yahoo.com

Introducción. La microbiota hospitalaria tiene gran relevancia en IAAS. La ecología de comunidades bacterianas adaptadas al medio ambiente hospitalario está influenciada por el intercambio de microorganismos entre individuos y el medio ambiente. El objetivo fue identificar cambios de microbiota ambiental de UCI adultos de un hospital colombiano antes de su apertura y cuatro años después de la misma. **Materiales y métodos.** En 2018 (pre-apertura) se tomaron muestras de superficies en UCI-adultos (5/12 habitaciones, n= 34 muestras de barandilla-cama, colchón, lavamanos, monitor, timbre-enfermería, mesa y lavamano-pasillo UCI). En 2022 (post-apertura) se tomaron 34 muestras de las mismas superficies/ $\langle \rho \epsilon \alpha \sigma \rangle$. Los hisopados ambientales se almacenaron en tampón ADN/ARN y preservados -80°C. La composición de microbioma se determinó por secuenciación ARNr 16S-región V4 (MiSeq-Illumina). Las diferencias en composición 2018-2022, se calcularon con índices Simpson y Shannon. **Resultados.** En pre-apertura, las Proteobacterias predominaron en la barandilla-cama y lavamanos (abundancia >80%). En otras superficies se encontraron con abundancia cercano a 50% (con Firmicutes, Bacteroidota y Fusobacteriota). Acinetobacter y Pseudomonas fueron más abundantes en este periodo. En contraste, en post-apertura se observó aumento de abundancia de Bacteriodota, Firmicutes y Actinobacteriota con reducción de Proteobacterias, consistente con mayor abundancia de Prevotella, Staphylococcus, Corynebacterium y Faecalibacterium. Barandilla-cama y lavamanos fueron las únicas superficies con diferencias en diversidad-alfa relacionado con aumento de diversidad en post-apertura (índices Shannon y Simpson $p < 0,05$). En post-apertura se observó aumento de abundancia de Actinobacteria relacionado con género Corynebacterium en lavamanos. **Conclusiones.** Se identificaron cambios en microbiota ambiental de UCI potencialmente impulsados por la ocupación, con desplazamiento de miembros de microbiota ambiental por taxones asociados a microbiota humana.

INFECTOLOGÍA ADULTOS

P-101

Factores de riesgo para infección por microorganismos diferentes a *Escherichia coli* en pacientes adultos con pielonefritis aguda adquirida en la comunidad hospitalizados.

Pimiento-Díaz M, Nocua-Baez L, Reyes P, Cortés Luna J. Universidad Nacional de Colombia. Clínica Universitaria Colombia. Hospital Universitario Nacional. Bogotá. mpimiento@unal.edu.co

Introducción. La principal causa de pielonefritis aguda (PA) es *Escherichia coli*, no obstante, otros microorganismos pueden asociarse a tasas de recidiva mayores. El objetivo fue identificar los factores predictores de PA ocasionados por microorganismos distintos a *E. coli*. **Materiales y métodos.** Estudio de casos y controles anidado en una cohorte retrospectiva de pacientes mayores de 18 años con PA adquirida en la comunidad en 2 instituciones en Bogotá, entre enero de 2013 y diciembre de 2020. Se describieron las características socio-demográficas clínicas y microbiológicas de los pacientes. Se determinaron los factores de riesgo asociados con infección por Enterobacterales diferentes a *E. coli* utilizando un modelo de regresión logística multivariado. **Resultados.** Se incluyeron 1031 pacientes. 822 (79,5%) tuvieron aislamiento de *E. coli* y 199 (20,5%) de otros Enterobacterales, la más frecuente fue *Klebsiella pneumoniae* 75 (7,2%), seguido por *Proteus mirabilis* 67 (6,4%). Ajustado por los factores de confusión más relevantes se encontró como factores predictores para infección por Enterobacterales diferentes a *E. coli* el sexo masculino OR 1,44 (IC 97,5% 1,01-2,04), urolitiasis OR 3,76 (IC 97,5% 2,12-6,66), el índice de Charlson OR 1,15 (IC 97,5% 1,06-1,23) y edad con un OR de 1,13 por cada década de la vida (IC 97,5% 1,01-2,04), y como factores que se asociaban a una menor probabilidad el malestar general OR 0,50 (IC 97,5% 0,36-0,71) y el dolor lumbar OR 0,42 (IC 97,5% 0,25-0,67). **Conclusiones.** La edad, el sexo masculino, urolitiasis, y el índice de Charlson fueron predictores para PA por Enterobacterales diferentes a *E. coli*.

P-102

Desarrollo de un modelo de puntuación basado en LASSO para predecir la mortalidad a un año en pacientes con neumonía grave adquirida en la comunidad en cuidado crítico.

García-Gallo E, Duque-Vallejo S, Sanabria-Herrera N, Viñán-Garcés A, Martín-Loeches I, Reyes L. Instituto de Ciencias Pandémicas - Universidad de Oxford. Clínica Universidad de la Sabana. St James's University Hospital. Cajicá.
ingridbusmo@unisabana.edu.co

Introducción. La neumonía adquirida en la comunidad (NAC) severa es la principal causa de ingreso a UCI globalmente. Se han identificado previamente factores de riesgo de mortalidad a largo plazo; sin embargo las puntuaciones actuales de gravedad de NAC no discriminan a pacientes con mayor riesgo de mortalidad 1 año después del episodio de NAC severa. **Materiales y métodos.** Se obtuvieron datos de 4748 pacientes adultos con NAC severa de la base de datos MIMIC-IV (2001-2012). Se desarrolló un modelo predictivo y se comparó con la puntuación simplificada de fisiología aguda II (SAPS-II). Se utilizó un método de validación cruzada 10 veces para evaluar el rendimiento. Los datos se dividieron en conjuntos de entrenamiento y validación en proporción 4:1. Se utilizó el método de regresión LASSO para cribar las variables y comprobar la exactitud del modelo. **Resultados.** Se utilizaron 17 variables como factores de riesgo independientes para mortalidad a 1 año: edad, frecuencia cardíaca, temperatura, escala de coma de Glasgow, cáncer maligno, hepatopatía grave, SDRA, BUN, INR, PT, bilirrubina, hemoglobina, gasto urinario, oxígeno suplementario, vasopresores, piperacilina-tazobactam y ceftriaxona. El área bajo la curva (AUC) del modelo de entrenamiento y validación fueron superiores a los de las puntuaciones SAPS II, índice de comorbilidad de Charlson, SOFA y CURB-65 (0,79, 0,80, 0,71, 0,69, 0,62 y 0,64, respectivamente). **Conclusiones.** Este modelo predice eficazmente la mortalidad a 1 año tras el alta en pacientes con NAC severa con una precisión de clasificación superior en comparación con las escalas de gravedad existentes para pacientes en la UCI.

P-103

Factores asociados a mortalidad en pacientes oncológicos con bacteriemia por enterobacterias productoras de carbapenemasas.

Hoyos-Pulgarín J, Durán O, Benítez-Mejía J, Escobar-Paredes D, Páez M, Garzón V, Fajardo K. Oncólogos del Occidente. Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira.
juanhope9@hotmail.com

Introducción. la prevalencia de microorganismos multirresistentes es un problema de salud pública que continúa creciendo de forma global y genera una morbilidad y mortalidad significativa. Las bacterias multirresistentes, en especial los bacilos gram negativos (BGN), son una preocupación creciente. Como objetivo se busca determinar los factores asociados a mortalidad en pacientes oncológicos que desarrollan bacteriemia por BGN productores de carbapenemasas **Materiales y métodos.** se condujo un estudio con enfoque

cuantitativo, retrospectivo, transversal y analítico en tres unidades de hematología del eje cafetero entre mayo del 2018 y mayo del 2023, se incluyeron todos los pacientes adultos del servicio de hospitalización con diagnóstico de malignidad hematológica quienes desarrollaron bacteriemia por BGN productores de carbapenemasas. **Resultados.** Se documentaron 103 pacientes con bacteriemia por BGN productores de carbapenemasa. El microorganismo más frecuentemente aislado fue *Klebsiella pneumoniae* con el 77% de los casos. La mortalidad ascendió a un 33% de los pacientes que desarrollaron bacteriemia. En el análisis bivariado se identificó que el ingreso a unidad de cuidado intensivo $p=0,001$, el requerimiento de ventilación mecánica invasiva $p=0,001$. La presencia de bacteriemia polimicrobiana $p=0,011$, el desarrollo de bacteriemia secundaria a un origen abdominal $p=0,005$ presentaron una relación estadísticamente significativa con el riesgo de mortalidad en bacteriemia por BGN productores de carbapenemasa. **Conclusiones.** La mortalidad en pacientes oncológicos con bacteriemia por BGN asciende a un tercio de los afectados. Los factores que se asocian con la mortalidad son: el ingreso a unidad de cuidado intensivo, el requerimiento de ventilación mecánica, la bacteriemia polimicrobiana y el origen abdominal como causa secundaria de bacteriemia.

P-104

Bacteriemia y respuesta proinflamatoria tras tratamiento no quirúrgico y antibióticos coadyuvantes en pacientes con síndrome coronario agudo reciente.

Lafaurie G, Castillo D, Delgado N, Neuta Y, Castillo Y, Vargas P, Díaz-Báez D, Gómez L, Moscoso S, Sarmiento J, Cortés F, Mendoza F. Universidad El Bosque, Unidad de Investigación Básica Oral (UIBO), Vicerrectoría de investigaciones, Facultad de Odontología. Fundación Clínica Shaio, Bogotá, Colombia.
lafurielgloria@unbosque.edu.co

Introducción. Este estudio compara la incidencia de bacteriemia y citocinas proinflamatorias después de terapia periodontal con premedicación con amoxicilina (AMX) seguida de AMX y metronidazol (MTZ) en pacientes con síndrome coronario agudo (SCA). **Materiales y métodos.** Este estudio piloto incluyó doce personas con periodontitis y SCA reciente. Seis pacientes fueron tratados con instrumentación subgingival (IS) y seis con raspaje ultrasónico supragingival (US). Se administró premedicación con AMX 2gr en la primera visita seguida de AMX-MTZ durante una semana. La incidencia de bacteriemia se evaluó mediante hemocultivo, qPCR y secuenciación de próxima generación (NGS) antes del tratamiento (t0) y 30 minutos después (t1) (cuadrantes 1 y 2), y a la semana t3 y t4 antes y después del tratamiento (cuadrantes 3 y 4). Las citocinas proinflamatorias se evaluaron en t1, t3 y a los seis meses (t5). **Resultados.** La bacteriemia fue baja en 2/12 (16,6%), similar en ambos grupos de tratamiento. qPCR identificó *Porphyromonas gingivalis* y *Desulfobulbus oralis* 2/12 (16,6%), *Filifactor alocis*, *Eubacterium saphenum*, *Eubacterium brachy* 1/12 (8,3%). La identificación con NGS sólo se logró en un paciente con mayor diversidad bacteriana en t0 que en t3 asociadas con los filos Bacteroidetes y Proteobacteria. Después del tratamiento, todas las citocinas se redujeron significativamente a largo plazo en el grupo IS ($p<0,05$). **Conclusiones.** La terapia periodontal redujo la bacteriemia. Algunas bacterias permanecieron en la sangre periférica, lo que podría asociarse con resistencia antimicrobiana. IS produjo una reducción más eficiente de las citoquinas proinflamatorias después del tratamiento periodontal en individuos con SCA.

P-105

Factores asociados con el uso de cefepime vs piperacilina/tazobactam en pacientes con neumonía adquirida en la comunidad admitidos en la unidad de cuidados intensivos.

Serrano-Mayorga C, Duque S, Ibáñez-Prada E, García-Gallo E, Rojas-Arrieta M, Fuentes-Barreiro Y, Bustos-Moya I, Contreras M, Martín-Loeches I, Reyes, L. St. James's Hospital, Universidad de la Sabana, Pandemic Sciences Institute - Oxford. Cajicá.
ingridbusmo@unisabana.edu.co

Introducción. Cefepime y Piperacilina/Tazobactam son antimicrobianos recomendados por la IDSA/ATS para el manejo empírico de pacientes críticos con neumonía adquirida en la comunidad (NAC) y riesgo de infección por *Pseudomonas aeruginosa*. Este estudio compara el efecto de Cefepime y Piperacilina/Tazobactam en pacientes críticos con NAC mediante la simulación de un ensayo controlado aleatorizado. **Materiales y métodos.** Se incluyeron pacientes adultos con NAC admitidos en la UCI y registrados en la base de da-

tos MIMIC-IV y que fueron tratados con Cefepime o Piperacilina/Tazobactam al ingreso. Se realizaron análisis multivariados, estimación de máxima verosimilitud dirigida (TMLE) y análisis de supervivencia para evaluar el impacto del tratamiento en la mortalidad a los 28 días, en el hospital y en la UCI. **Resultados.** Se analizaron 2026 pacientes, el 58,9% (947/2026) eran hombres, con una edad media de 68,0 (DE 15,4) años. El 46,7% presentó insuficiencia respiratoria y el 26,8% desarrolló shock séptico. El 68% recibió Cefepime y el 31,6% Piperacilina/Tazobactam. Edad, PTT, potasio sérico y temperatura se asociaron con la preferencia por Cefepime. La mortalidad a los 28 días fue similar entre los grupos (29,2% vs 30,7%, $p=0,53$), al igual que la mortalidad hospitalaria (24,6% vs. 24%, $p=0,82$) y en la UCI (15,2% vs. 14,2%, $p=0,6$). **Conclusiones.** Cefepime y Piperacilina/Tazobactam en pacientes con NAC admitidos en la UCI podrían ser equivalentes. Los clínicos pueden basar sus preferencias en la disponibilidad y los perfiles de seguridad. Se requieren estudios prospectivos adicionales para confirmar estos hallazgos.

P-106

Seroprevalencia de sífilis en donantes de sangre en un centro de referencia colombiano.

Rosso-Suárez F, Vinuesa-Obando D, Gómez M, Sanguino L, Castro Restrepo D. Fundación Valle del Lili. Cali. frosso07@gmail.com

Introducción. La sífilis representa un riesgo importante para la seguridad transfusional. Este estudio analiza el comportamiento de la prevalencia de sífilis en donantes de sangre en la Fundación Valle del Lili, Cali, Colombia, desde 2005 hasta 2023. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional transversal de donantes de componentes sanguíneos entre 2005 y 2023. Las estrategias de detección incluyeron pruebas no treponémicas (RPR) hasta 2009, pruebas treponémicas (IgG-específica para *T. pallidum*) de 2010 a 2013, y, desde 2014, pruebas treponémicas seguidas de no treponémicas. **Resultados.** Se analizaron 221,027 donaciones de sangre. El 50,15 % eran hombres, con mediana de edad de 41 años (RIQ 32 – 52). La prevalencia promedio anual fue de 0,97% (2005-2009), 2,14% (2010-2013) y 1,2% (2014-2023). Los grupos de edad de 31 a 60 y mayores de 60 años, mostraron un OR de 2,57 (IC del 95%: 2,25-2,94, $p < 0,001$) y 8,30 (IC del 95%: 7,18-9,63, $p < 0,001$) respectivamente, comparado con los de 18 a 30 años. Ser mujer se asoció con un menor riesgo de sífilis (OR 0,87; IC del 95%: 0,80-0,93, $p < 0,001$). Las prevalencias se mantuvieron estables entre 2010 y 2023 ($p=0,06$). En el último periodo, el promedio de sífilis activa anual fue del 22,0%. **Conclusiones.** La implementación de prueba treponémica parece mejorar la detección de sífilis, con aproximadamente 1 de cada 5 donantes con prueba treponémica positiva, presentando enfermedad activa, lo cual resalta la importancia de aplicar un algoritmo donde se realicen secuencialmente ambas pruebas.

P-107

Identificación y comparación del microbioma respiratorio inferior mediante cultivo convencional y secuenciación del Gen 16S rRNA en pacientes intubados con y sin neumonía asociada a la ventilación.

Bustos-Moya I, Méndez-Castillo L, Olivella J, Viñan-Garcés A, Ibáñez-Prada E, Serrano-Mayorga C, Martín-Loeches I, Rodríguez A, Reyes L. St James's Hospital – Dublin, Hospital Universitario Joan XXIII – Tarragona. Clínica Universidad de la Sabana. Cajicá. ingridbusmo@unisabana.edu.co

Introducción. La neumonía asociada a la ventilación (NAV) es causada frecuentemente por patógenos bacterianos resistentes. Este estudio propone métodos para analizar la dinámica del microbioma respiratorio inferior y su relación con NAV, crucial para optimizar el tratamiento antibiótico y mejorar el uso de antimicrobianos. **Materiales y métodos.** Este estudio prospectivo se realizó en la Clínica Universidad de la Sabana, Colombia, de enero de 2020 a julio de 2022. Se inscribieron pacientes ventilados en la UCI dentro de las primeras 12 horas de admisión. Se recolectaron muestras de lavado broncoalveolar al ingreso y a las 72 horas. Los microorganismos se clasificaron por especie mediante Cultivo Convencional y por Unidades Taxonómicas Operacionales usando secuenciación del gen 16S rRNA. El análisis estadístico se realizó con RStudio. **Resultados.** Se incluyeron 80 pacientes; el 51% (41/80) desarrolló NAV. El 88% de los microorganismos en el cultivo convencional eran Gram-positivos y el 7,5% Gram-negativos. En la secuenciación del gen 16S rRNA, el 35,5% de las OTUs eran Gram-positivas y el 64,5% Gram-negativas. *Staphylococcus aureus* fue significativamente más abundante en pacientes con NAV

(23,5% vs. 42,3%, $p < 0,01$). Las concentraciones generales de OTUs no mostraron diferencias significativas entre pacientes con y sin NAV, pero las OTUs Gram-negativas predominaron en ambos grupos. **Conclusiones.** El cultivo convencional a menudo produce falsos negativos para anaerobios en muestras respiratorias, mientras que la secuenciación genómica revela la presencia frecuente de OTUs Gram-negativas. La secuenciación genómica proporciona valiosa información sobre los agentes causantes de neumonía y podría ser útil en la práctica clínica.

P-108

Impacto del tiempo de ajuste de antimicrobianos en pacientes con bacteriemia por bacilos Gram negativos y tasa de filtración glomerular disminuida.

Muñetón G, Mendoza-Palencia J, Vergara-Samur H, Hoyos-Moreno L, Quiroz Chávez, J. Universidad Militar Nueva Granada, Hospital Militar Central, Universidad Libre. Bogotá. nancho365@gmail.com

Introducción. Mejorar los resultados de los pacientes críticos sigue siendo un desafío. El objetivo del estudio fue evaluar si el tiempo de ajuste de la dosis de antimicrobianos afecta los desenlaces clínicos en pacientes con bacteriemia por bacilos Gram negativos y disminución de la tasa de filtración glomerular (TFG). **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte retrospectivo con pacientes hospitalizados entre 2015 y 2022 con bacteriemia por bacilos Gram negativos y TFG disminuida. Los desenlaces clínicos evaluados incluyeron: falla clínica, mortalidad y un desenlace compuesto (falla clínica + mortalidad). **Resultados.** Se incluyeron 178 pacientes. La mediana de edad fue de 74 años (IQR: 61-82), la mayoría de sexo masculino (56,1%). La puntuación media del SOFA fue de 6 (SD 4), con el 52,8% presentando choque y el 18,5% requiriendo ventilación mecánica. *E. coli* fue el microorganismo más frecuentemente aislado (53%), seguido de *K. pneumoniae* (20,2%). La falla clínica ocurrió en el 19,66% y la mortalidad general fue del 28,65%. No hubo diferencias significativas en la mortalidad o el desenlace compuesto en relación con el tiempo de ajuste del antibiótico. Sin embargo, ajustar el antibiótico antes de 48 o 72 horas mostró una reducción significativa en el riesgo de falla clínica (RR: 0,33, IC 95%: 0,12-0,89 y RR 0,44 IC 95%: 0,2062719, 0,9613681). **Conclusiones.** El ajuste del antibiótico antes de 48 o 72 horas en pacientes con bacteriemia y disminución de la tasa de filtración glomerular está asociado con una reducción significativa en el riesgo de falla clínica.

INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA

P-109

Manifestaciones clínicas de gravedad y codetección viral en infección respiratoria aguda baja.

Pérez-Lopera O, Sierra-Echeverri M, Beltrán-Aroyave C, Galvis-Ayala J, Flórez I. Universidad de Antioquia - Departamento de Pediatría, Clínica el Rosario - Clínica del Prado, Laboratorio Médico de Referencia - Grupo Germen, Unidad De Cuidados Intensivos Pediátricos - Clínica las Américas - Auna - School Of. Medellín. investigaciones@labmedico.com

Introducción. El diagnóstico microbiológico de la infección respiratoria aguda baja ha cambiado con la inclusión de paneles moleculares sindrómicos. La significancia clínica de las codetecciones de patógenos respiratorios no es clara. Objetivo: Establecer la asociación entre las codetecciones virales y gravedad en niños menores de 5 años hospitalizados con neumonía viral. **Materiales y métodos.** Estudio de casos (niños graves: neumonía complicada, complicaciones extra o intrapulmonares, uso de vasopresores, cánula de alto flujo o ventilación mecánica) y controles, en niños con neumonía (definida clínicamente) y detección de, al menos, un virus respiratorio por pruebas moleculares entre 2019-2022 en una clínica de alto nivel de complejidad en Medellín. Se construyeron modelos explicativos para la gravedad respecto a las codetecciones virales, ajustándolos por posibles confusores, mediante la Regresión logística binaria. **Resultados.** Se incluyeron 561 individuos, el 39,9% fueron niños menores de un año y el 42,6% presentaron alguna comorbilidad, siendo el asma la condición más frecuente ($n=137;24,4%$). El Rhinovirus (49,1%) y VRS (37,6%) fueron los virus más prevalentes. En 223 individuos (39,8%) se

presentaron fenómenos de codetección. En el grupo de menores de un año se encontró que la codetección viral (ORa= 2,7; IC 95% 1,1-6,8), incrementa la probabilidad de gravedad. **Conclusiones.** Los fenómenos de codetección viral se relacionan con una mayor gravedad en individuos menores de un año con neumonía. Dada la significancia clínica de esta condición es necesario evaluar los algoritmos de manejo de la patología con el fin de optimizar esfuerzos y recursos en los individuos con mayor riesgo de gravedad.

P-110

La pandemia COVID-19 y su efecto en la infección por adenovirus en niños: un estudio comparativo de antes y después.

Li Zeng D, Chaparro D, Restrepo S, Vásquez P, Rodríguez C, Manrique J, Mendoza J, Alejo D, Sebastián C, Camacho-Moreno C. Universidad Nacional de Colombia, Universidad El Bosque, HOMI Fundación Hospital Pediátrica La Misericordia. Bogotá. diz@unal.edu.co

Introducción. La pandemia de COVID-19 alteró la dinámica de las infecciones respiratorias en niños menores de 5 años, en Bogotá, respecto a la causa por adenovirus. Para confirmar estos hallazgos, se comparó una cohorte de casos antes y después de la pandemia. **Materiales y métodos.** Estudio de cohortes retrospectivo. Pacientes < 5 años atendidos en la Fundación Hospital de la Misericordia (HOMI) con prueba positiva para adenovirus. Se calculó, seleccionó y comparó aleatoriamente: 250 niños entre 2019 y 2020, y 250 niños entre 2021 y 2022. Se analizaron variables sociodemográficas y clínicas con énfasis en severidad y mortalidad mediante estadística comparativa bivariada. **Resultados.** Se analizaron 315 pacientes, 244 PRECOVID y 71 POSTCOVID. La edad PRECOVID fue de 1,5 +/- 1,0 años, menor que POSTCOVID con 2,5 +/- 1,7 años, $p < 0,001$. No hubo diferencias en comorbilidades. Se usó antígeno viral en el 98% PRECOVID y 82% POSTCOVID, $p < 0,001$, mientras que el uso de panel molecular aumentó del 2% al 18%, $p < 0,001$. La codetección viral fue del 14% PRECOVID y 37% POSTCOVID, $p = 0,007$, la bacteriana 4% PRECOVID y 16% POSTCOVID, $p < 0,001$. La bronquiolitis fue más común PRECOVID (48% vs 25%, $p = 0,001$) y la gastroenteritis POSTCOVID (30% vs 18%, $p = 0,034$). Los tiempos de estancia fueron similares. La mortalidad PRECOVID fue de 1,0% y de 0,5% POSTCOVID, $p = 0,949$. **Conclusiones.** Las diferencias sugieren que la pandemia de COVID-19 ha afectado la dinámica de detección de la infección por adenovirus en niños, aunque no necesariamente la gravedad.

P-111

Características epidemiológicas, clínicas y microbiológicas de las infecciones por *Staphylococcus aureus* en pediatría en dos instituciones de salud de Santander.

Vargas-Soler J, Becerra-Riaño K, Aguilar-Jiménez J. Universidad de Santander, Fundación Cardiovascular de Colombia. Floridablanca. jgseavargasmd@gmail.com

Introducción. Las infecciones por meticilino resistente (SAMR) han aumentado en las últimas décadas y pueden presentar variaciones geográficas. El objetivo de este trabajo fue analizar las características epidemiológicas, microbiológicas y clínicas de las infecciones por *S. aureus* en dos centros de referencia pediátricos del nororiente colombiano. **Materiales y métodos.** Estudio de corte transversal analítico, retrospectivo en niños < 18 años con infección por *S. aureus*, internados en el Hospital internacional de Colombia y la Fundación Cardiovascular de Colombia entre 2018 a 2021. Se compararon características clínicas y desenlaces entre las infecciones por SAMR y SAMS y se determinaron factores de riesgo asociados a severidad. **Resultados.** Se incluyeron 154 casos de infección por *S. aureus*, 75 (48,7%) fueron SAMR. Se encontró SAMR-AC en 44/79 (55,7%) y SAMR hospitalario en 31/75 (41,3%). La mayor frecuencia de SAMR se encontró en neumonía (70,6%). El 55,8% de los casos requirieron UCIP y la mortalidad atribuible a infección fue de 1,9%. En el análisis multivariado las infecciones por SAMR se asociaron a mayor necesidad de soporte vasopresor/inotrópico (OR 2,06; IC 95% 1,05 – 4,04). La bacteriemia persistente se asoció con mayor probabilidad de ingreso a UCIP (OR 1,72; IC 95% 1,19 – 2,46), ventilación mecánica (OR 8,63; IC 95% 3,16 – 23,54) y de soporte vasopresor/inotrópico (OR 11,06; IC 95% 4,59 – 26,58). **Conclusiones.** La prevalencia de infección por SAMR-AC en la región es elevada y está asociado a mayor riesgo de choque séptico. Estos datos son útiles para orientar el esquema antibiótico empírico.

P-112

Caracterización de pacientes con tuberculosis congénita y perinatal probable, atendidos en centros de cuarto nivel en Medellín, Colombia entre 2020– 2023.

Arango-Ferreira C, Morales-Múnera O, Zambrano-Hoyos S, Sierra-Abauza J, Vivas-Trochez R. Hospital San Vicente Fundación, Universidad de Antioquia, Hospital General de Medellín. Medellín. samantha.zambrano@udea.edu.co

Introducción. La tuberculosis congénita/perinatal (TBCP) es infrecuente, con presencia de 60/100 000 en países de alta incidencia de tuberculosis. Su diagnóstico se basa en antecedentes maternos y alta sospecha clínica. Existe 40% de riesgo de transmisión de TBCP de una madre bacilífera al hijo. Colombia carece de guías clínicas específicas y con barreras de acceso a la salud. Este estudio caracteriza a pacientes con TBCP en una región de Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, retrospectivo. Incluye pacientes menores de 3 meses con diagnóstico de TBCP atendidos en 2 hospitales de alta complejidad en Medellín (HUSVF, SOMA) entre 2020-2023, identificados mediante códigos CIE10. **Resultados.** Describimos 3 casos de TBCP, todos del régimen subsidiado, 2 procedentes del área metropolitana, 1 de un municipio rural antioqueño. Todos con madres adolescentes (16-19 años), una inmigrante. Dos madres realizaron controles prenatales; todas presentaron alto riesgo obstétrico por tuberculosis bacilífera, mala ganancia de peso o embarazo adolescente y alto riesgo social. Una madre consumidora de sustancias psicoactivas, habitante de calle con sífilis gestacional. Los partos ocurrieron entre las 27-38 semanas, todos de vértice espontáneo. Dos bebés necesitaron reanimación cardiopulmonar y ventilación mecánica. Las radiografías mostraron en 2 casos neumonía y compromiso intersticial, y en otro caso atelectasias. Sólo a un paciente se le confirmó microbiológicamente TB. Dos tuvieron TB pulmonar y uno diseminada con manifestaciones clínicas entre los 8-28 días de vida, dados de alta vivos con 30-73 días de vida. **Conclusiones.** Estos hallazgos subrayan la importancia de un diagnóstico y tratamiento oportunos para TBCP, la necesidad de guías clínicas y políticas públicas efectivas.

P-113

Caracterización de agentes etiológicos de infecciones respiratorias agudas en población pediátrica de un hospital infantil en Cartagena de Indias durante el segundo periodo del 2022.

Ochoa-Díaz M, Pinzón-redondo H, López-Salcedo S, Cuello-Becerra V, Mercado-Villarreal M. Universidad del Sinú, Universidad de Cartagena. Cartagena. mdochoadiaz@gmail.com

Introducción. Las infecciones respiratorias agudas en gran parte de etiología viral (95%) (1) son causa número uno de hospitalizaciones en población pediátrica (2) representando un problema de salud pública (1) en menores de 5 años a nivel mundial (3,4). **Materiales y métodos.** Estudio prospectivo previo consentimiento informado con recolección de datos clínicos y toma de muestra de para análisis molecular en un hospital infantil de referencia en Cartagena de Indias. **Resultados.** Se reclutaron 111 pacientes pediátricos 41,4% femenino y 58,6% masculino, promedio de edad de 3,5 años; 98,2% de nacionalidad colombiana; 98,9% de estrato 1 y 85,6% de régimen de salud subsidiado. Más del 90% no tuvo antecedentes respiratorios, sin embargo, el 33,3% de la población tuvo hospitalizaciones previas. Ningún paciente falleció, pero el 68,5% requirió hospitalización y el 20% requirió internación en UCI. Se realizó radiografía de tórax a 79 pacientes con 64,6% con alteraciones, el 15,2% atelectasias, 11,4% infiltrados pulmonares y 11,9% consolidaciones. Los síntomas más frecuentes fueron tos (98,2%), rinorrea (88,3%), disnea (78,4%), tirajes intercostales (77,5%), congestión nasofaríngea (71,2%), fiebre (45%). El diagnóstico más frecuente fue bronquiolitis (64,9%). El diagnóstico molecular reportó virus sincitial respiratorio con 48,6% seguido por rinovirus (29,7%), enterovirus (11,7%), adenovirus (8,11%), coronavirus HCoVNL63 (8,11%), SARS Cov-2 (2,7%), influenza A (0,9%), bocavirus (0,9%). Coinfección se reportó en 36,4%. **Conclusiones.** Las infecciones respiratorias por VSR y rinovirus son un problema de salud pública que exigen estrategias de inmunización permanente, así como un diagnóstico etiológico que permita un mejor abordaje y desenlace.

P-114

Vigilancia epidemiológica de la sífilis gestacional y congénita, Antioquia, 2021 – 2022.

Arango-Serna N, Carmona-Vargas N, Díaz-Díaz A, Vargas-Alzate C. Hospital General de Medellín - Hospital Pablo Tobón Uribe - Hospital Infantil Concejo de Medellín. Gisam -Corporación Universitaria Remington. Medellín.
natalia.carmona.v@gmail.com

Introducción. La sífilis gestacional (SG) y congénita (SC) son graves problemas de salud pública por su alta frecuencia e implicaciones en la salud materno infantil. El objetivo de este estudio fue caracterizar a la población afectada por SG y SC en Antioquia durante el período 2021-2022. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo transversal que incluyó todos los registros de SG y SC reportados en Antioquia al SIVIGILA en 2021-2022. Se recolectaron todas las variables incluidas en las fichas y se utilizó estadística descriptiva para el correspondiente análisis. **Resultados.** Se registraron 2274 casos de SG y 375 de SC. Hubo disminución en la tasa de casos de SC entre 2021 y 2022 (de 0,31% a 0,22%), mientras que la tasa de SG aumentó (de 1,70% a 1,92%). Se observó un comportamiento atípico en la subregión del Magdalena Medio (5,94% para SG y 1,45% para SC en 2022), 50% de las mujeres con SG tenían menos de 23 años, 70% pertenecían a estratos socioeconómicos bajos, 20% tenían condición de vulnerabilidad (principalmente migrantes 16%) , 18,6% estuvo hospitalizada y 80,7% recibió control prenatal. El diagnóstico de SG se hizo principalmente en el tercer trimestre (89%), 17% no recibieron tratamiento anteparto. Los nacidos con SC, 56% fueron pretérmino y 44% a término. Solo 53% de las madres tuvieron control prenatal. El diagnóstico fue a los 4 (2-8) días, 7,5% fallecieron. **Conclusiones.** La SG Y SC fueron frecuentes en Antioquia durante el periodo estudiado. Las condiciones de vulnerabilidad fueron comunes. Debe fortalecerse el control prenatal en las gestantes del departamento, para un diagnóstico oportuno y mejores desenlaces.

MEDICINA TROPICAL Y PARASITOLOGÍA

P-115

Validación de la espectroscopia de FT-IR para la identificación de *Cryptosporidium spp.* en muestras de agua.

Ramírez-Giraldo J, Gómez-Marín J. Universidad del Quindío. Armenia.
juanframirezg@uqvirtual.edu.co

Introducción. Las especies del género *Cryptosporidium* tienen la capacidad de infectar al humano. Son los principales protozoos causantes de diarrea en niños menores de 5 años y trae como consecuencias un aumento en la morbilidad, mortalidad en incapacidad a largo plazo. Surge la necesidad de desarrollar metodologías que faciliten la reproducibilidad y aumenten la capacidad para monitorear la calidad del agua. En bacterias y hongos se ha utilizado la IR para hacer la caracterización de estos microorganismos a nivel de especie y subespecie. Con el presente trabajo se pretende estandarizar y validar las condiciones de la FTIR para la identificación de *Cryptosporidium spp.* en muestras de agua **Materiales y métodos.** Se hizo el conteo de ooquistes de una cepa de referencia de *C. parvum*, en cámara de Neubauer (un millón de ooquistes) y se hicieron diluciones seriadas desde cien mil hasta un ooquiste, aproximadamente, luego se hicieron las lecturas en el espectrofotómetro por triplicado y finalmente se hicieron los análisis de datos con un mapa de calor, agrupamiento jerárquico y análisis componentes principales **Resultados.** Se logró obtener un espectrograma que es considerablemente diferente entre la cepa de *C. parvum* y la solución salina fisiológica. Los análisis de los datos como el mapa de calor, el agrupamiento jerárquico y el análisis de componentes principales de la segunda derivada, permitieron diferenciar claramente las réplicas realizadas con *C. parvum*, la solución salina fisiológica y unos controles con cepas del género *Candida*. **Conclusiones.** FTIR resulta como una alternativa para la identificación de especies de protozoarios del género *Cryptosporidium*.

P-116

Desenlaces clínicos de la enfermedad de Chagas en pacientes del Hospital Militar Central: un estudio de cohorte retrospectivo (2014-2024).

Vergara-Samur H, Hoyos-Gracia J, Rodríguez-Piragauta S, Gómez-Quintero C. Hospital Militar Central, Universidad Militar Nueva Granada. Bogotá.
hvergara@homil.gov.co

Introducción. La enfermedad de Chagas es de interés en América Latina, especialmente, en el contexto militar por las condiciones de exposición y riesgo. En este estudio evaluamos los desenlaces clínicos de la enfermedad de Chagas en pacientes atendidos en el Hospital Militar Central en Colombia.

Materiales y métodos. Estudio observacional retrospectivo. Incluimos pacientes con diagnóstico de enfermedad de Chagas en fase aguda indeterminada y crónica que recibieron o no tratamiento entre enero de 2014 y enero de 2024. Los desenlaces fueron mortalidad, días de estancia hospitalaria y progresión de la enfermedad. **Resultados.** El estudio incluyó 61 sujetos cuya mediana de edad fue de 54 años (IQR: 27-74 años). El 57,3% de los pacientes fueron hombres. La comorbilidad más prevalente fue hipertensión arterial (HTA) en un 36,07% (n=22), y el 65,5% (n=40) tuvo alguna alteración en el EKG o Ecocardiograma de base. La mortalidad general fue del 8,2% (5/56), con un promedio de 59 días (SD 10,1 días) de estancia hospitalaria. El 51,8% (n=28) presentaron progresión de su enfermedad o condición. Los pacientes tratados con antiparasitarios mostraron una menor tasa de progresión de la enfermedad (14,2% vs 85,7%, **Conclusiones.** El tratamiento antiparasitario redujo la progresión de la enfermedad de Chagas en pacientes militares similar a lo reportado en la literatura.

P-117

Caracterización del dengue en el municipio de Ibagué, 2020-2023: un análisis especial del dengue grave.

Hincapié-Urrego D, Macedo-Rizo T, Campos-Mendoza C, Macedo-Rizo T, Campos-Mendoza C, Camacho-Góngora A, Grisales Romero H. Universidad del Tolima.
dahuhincapie@gmail.com

Introducción. El municipio de Ibagué es hiperendémico para la Enfermedad por el Virus del Dengue (DENV). La forma de transmisión convierte a la enfermedad en una patología de comportamiento cíclico. De igual manera, la variabilidad en su presentación clínica, el reto diagnóstico y terapéutico que ello conlleva, y la alta carga de morbimortalidad de las formas graves, resultaron ser variables de interés para la caracterización de la enfermedad y el establecimiento de perfiles etarios **Materiales y métodos.** Se construyó una base de datos a partir del Sistema de Vigilancia Nacional en Salud Pública (SIVIGILA), y fue complementada, en los casos de dengue grave, por historias clínicas, formato de visita de campo y levantamiento de índices larvarios (LIA). Se identificaron variables sociodemográficas, clínicas y epidemiológicas. Se generaron medidas de asociación (Odds ratio) y se elaboró un análisis de correspondencias múltiples (ACM). **Resultados.** Un total de 7688 casos entre las formas graves y no graves fueron identificados. La presencia de signos clínicos como vómitos y náuseas (OR: 7,2), dolor abdominal (OR: 7,2) y erupciones cutáneas (OR: 1,6) constituyeron predictores para las formas graves. Fue posible establecer dos perfiles de pacientes con dengue grave: adultos y adultos mayores que presentaron signos y síntomas clásicos de infección durante su evolución clínica; pacientes infantes y jóvenes con ausencia de signos y síntomas típicos de enfermedad **Conclusiones.** Es necesario hacer intervenciones multidimensionales: ejecución de medidas estrictas de saneamiento público; reconocimiento y abordaje temprano de casos con signos de alarma predictores de dengue grave o con factores de vulnerabilidad para presentación de formas graves.

P-118

Evaluación de dos métodos para la recuperación de formas parasitarias de *Blastocystis sp.* en muestras de agua.

Muñoz-Sánchez G, Lora-Suárez F, Gómez-Marín J. Universidad del Quindío. Armenia.
gdmu2016@gmail.com

Introducción. El *Blastocystis spp* es un protozoo parásito que se encuentra en el tracto intestinal del ser humano y en algunos animales. Posee una prevalencia entre el 1,5-10% en países desarrollados y del 42-70% en países en vía de desarrollo. Sin embargo, existe un desconocimiento sobre la detección de este protozoo en el agua. El presente trabajo tuvo como objetivo evaluar diferentes métodos sobre recuperación de formas parasitarias en *Blastocystis spp.* Para muestras de agua. **Materiales y métodos.** Se realizó un cultivo del parásito durante dos meses consecutivos hasta alcanzar más de 10.000 formas parasitarias. Seguidamente, se inocularon 100 formas parasitarias en 10 litros de agua destilada (por triplicado) y se procedió a aplicar los métodos de recuperación (Lora, 2016 y Koloren y Karaman 2019). La visualización de las formas

vacuolares recuperadas fue mediante el uso de lugol parasitológico 1%. **Resultados.** Según el método estandarizado por Lora, 2016 se logró recuperar en promedio 72 formas parasitarias en contraste con el método de Koloren y Karaman, 2019 que fue de 51 forma vacuolar. **Conclusiones.** Se logró evidenciar que el método de Lora, 2016 puede tener una mayor eficiencia en la recuperación del parásito en muestras de agua, convirtiéndose en una herramienta para su identificación en muestras de agua.

P-119

Diagnóstico molecular de virus y protozoos en agua e higiene relacionado a diarrea en menores de 5 años en Ciénaga, Magdalena-Colombia año 2023: estudio de casos y controles.

Maestre-Garzón J, Villalba-Vizcaino V, Arroyo-Mejía S, Orozco-Méndez K, Tobios-Atencio P, Martínez-Regino S. Universidad de Sucre, Universidad del Magdalena. Santa Marta. jamithmaestre@gmail.com

Introducción. La diarrea es la séptima causa de mortalidad en el mundo afectando principalmente niños menores de 5 años. El 84% de los casos de diarrea se relacionan con el consumo de agua. Los datos respecto a la calidad del agua son escasos. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de casos y controles. Fueron recolectadas muestras de agua para el consumo en las viviendas de los barrios localizados en el sur del municipio de Ciénaga-Magdalena, a las cuales se diligenció un cuestionario para evaluar hábitos higiénicos. Los casos incluyeron las viviendas donde hubo casos de diarrea en los 12 meses previos. Las muestras se procesaron por ultrafiltración tangencial y posteriormente se realizó extracción de ácidos nucleicos a partir de los filtros almacenados. Para identificar virus y protozoos se utiliza PCR Multiplex. La estadística descriptiva, bivariada y regresión logística múltiple se realizaron en el software R versión 4.3. **Resultados.** Fueron incluidos 104 menores de 5 años (52 casos y 52 controles). Los factores relacionados con la presencia de diarrea fueron: número de niños en el hogar (OR: 3,40; 95%IC: 1,16-9,97), nivel educativo (OR: 2,93; 95%IC: 1,16-7,38), estrato socioeconómico (OR: 4,26; 95%IC: 1,62-11,22). En relación con el saneamiento básico, hubo relación con almacenamiento no seguro de agua (OR:3,62; 95%IC: 1,37-9,54), falta de acceso a alcantarillado (OR: 4,16; 95%IC: 1,09-15,95), manejo de las heces de los niños de forma no segura (OR: 17,38; 95%IC: 1,98-152,37). **Conclusiones.** La diarrea tiene múltiples factores socioeconómicos y biológicos que pueden ser intervenidos mediante la salud pública.

P-120

Evaluación de la expresión del gen CCL20 en un modelo *ex vivo* de células mononucleares de sangre periférica humana (PBMC) infectadas con *Toxoplasma gondii* RH.

Aranda-Arango L, Acosta-Dávila A, Valencia-Hernández J, Gómez-Marín J. Universidad Del Quindío. Zarzal. laaranda@uqvirtual.edu.co

Introducción. La toxoplasmosis es causada por el parásito Intracelular obligado *Toxoplasma gondii* el cual infecta cualquier célula nucleada de animales homeotermos en la interacción parásito-hospedero. En la interacción participan genes humanos como CCL20, una quimiocina encargada de cumplir roles inmunológicos frente a la infección. **Materiales y métodos.** En este estudio se cultivaron parásitos de *T. gondii* RH en células HFF, se extrajeron PBMC de 5 individuos IgG negativos y 5 IgG positivos para *T. gondii*, las cuales se infectaron con *T. gondii* RH; seguido a esto, se aisló el ARN, y se cuantificó mediante espectrofotometría relación 260/280 nm, posteriormente, se optimizaron las condiciones de RT-PCR en tiempo real, y se llevó a cabo la RT-PCR en tiempo real para la amplificación del gen CCL20, por último, se realizó una cuantificación relativa por medio del método 2^{-ΔΔCT}. **Resultados.** Los resultados preliminares apuntan a una evidente reducción en la expresión del gen CCL20 humano en las muestras de ARN de PBMC de 2 individuos IgG negativo e IgG positivos, luego de 1H post infección frente a *T. gondii* RH, comparado con el control 0H basales sin estímulo de infección. **Conclusiones.** *T. gondii* genera una reducción en la expresión de la quimiocina CCL20 en células PBMC de individuos IgG negativos e IgG positivos para *T. gondii*, como posible mecanismo de evasión a la respuesta inmune de las células huésped, debido al rol quimiotáctico e inmunológico que cumple el gen CCL20, es importante resaltar que se requieren futuros estudios enfocados a la inmunomodulación por parte de *T. gondii* en células humanas.

P-121

Interacción molecular entre compuestos del extracto etanólico de *Ocotea tessmannii* y la cruzipaina de *Trypanosoma cruzi*.

Gil-Martínez M, Bernal-Rosas Y, Malagón E. Universidad Antonio Nariño. Bogotá. magil98@uan.edu.co

Introducción. La enfermedad de Chagas, provocada por el parásito *Trypanosoma cruzi*, sigue siendo un importante problema de salud pública en América Latina y otras áreas del mundo. Aunque se han realizado esfuerzos para su control, los tratamientos actuales tienen limitaciones importantes en términos de eficacia y seguridad. Este estudio se enfoca en la búsqueda de nuevos enfoques terapéuticos, destacando los compuestos naturales de plantas medicinales como *Ocotea tessmannii*, que emergen como una fuente prometedora de moléculas bioactivas. **Materiales y métodos.** Se analizaron datos de espectrometría de masas de siete compuestos de *Ocotea tessmannii* por medio de AVOGADRO. Posteriormente, se realizó un análisis de docking molecular con un *target fishing* para acoplar virtualmente los compuestos de *Ocotea tessmannii* a la cruzipaina. Finalmente, se llevaron a cabo simulaciones de dinámica molecular con ADMET para evaluar la estabilidad de las interacciones y estudiar la dinámica conformacional de la cruzipain. **Resultados.** La cruzipaina con un sitio activo hidrofóbico, tiene preferencia por ligandos hidrofóbicos. Tras un análisis de *docking*, se identificaron beta-Sitosterol, 22,23-Dihydrobrassicasterol, Ergost-5-en-3-ol, Di-t-butylphenol, Carvacol, Thymol e Isomentol como candidatos, por sus cadenas hidrofóbicas que se ajustan al sitio activo. Las simulaciones en ADMET permitirían prever cómo estos fármacos serían absorbidos, distribuidos, metabolizados y eliminados, así como sus posibles efectos secundarios. **Conclusiones.** La combinación de técnicas de análisis molecular permite entender la interacción entre compuestos y la cruzipaina de *Trypanosoma cruzi*. Este enfoque prometedora agiliza el desarrollo de fármacos más eficaces. Apunta hacia compuestos terapéuticos con alta probabilidad de éxito.

RESISTENCIA BACTERIANA

P-122

Caracterización genómica de aislamientos colonizadores nasales de *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (MRSA) de pacientes en Unidades de Cuidados Intensivos (UCIs) de hospitales en Colombia.

Orejuela C, Matiz J, Castelar C, Carvajal L, Rincón S, Ordoñez K, Santamaría A, Ospina L, Beltrán J, Guevara F, Méndez Y, Salcedo S, Grennia H, Deyanov A, Baptista R, Arias C, Reyes J. Universidad El Bosque, Hospital Universitario de Pereira, Clínica 100 Colsubsidio, Fundación Santafé, Hospital Regional de Duitama, Organización Clínica General del Norte, Houston Methodist Research Institute. Bogotá. corejuela@unbosque.edu.co

Introducción. La colonización por *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (MRSA) en la piel y mucosas es un factor de riesgo significativo para el desarrollo de infecciones en pacientes de unidades de cuidados intensivos (UCI). Este estudio determinó la frecuencia de colonización y el resistoma de MRSA en la mucosa nasal de pacientes de UCI en hospitales colombianos. **Materiales y métodos.** Se tomaron hisopados nasales de 193 pacientes en UCIs de cinco hospitales y se realizó un tamizaje microbiológico para la detección de MRSA. La susceptibilidad a la oxacilina se evaluó mediante microdilución en caldo, y la confirmación de especie y detección del gen *mecA* se realizó mediante PCR múltiple. El genoma completo se secuenció utilizando la plataforma Illumina y se caracterizó mediante KmerFinder, PubMLST, BLAST+, ResFinder y AMRFinderPlus. **Resultados.** Se identificó colonización nasal por MRSA en 10 pacientes de UCI. Entre los aislamientos colonizadores se detectaron cinco MRSA ST8/SCCmec-IVc/E, dos ST5/SCCmec-IVc/E, dos ST5/SCCmec-I y un ST88/SCCmec-IVa, de los cuales cuatro (3 ST8 y 1 ST88) presentaron genes de leucocidina Pantón-Valentine. Los aislamientos ST5/SCCmec-I tenían una alta variedad de determinantes de resistencia (Quinolonas: *grlA*(S80F), *gyrA*(S84L), *MLSb*: *ermA*, Aminogluósidos: *ant*(6)-Ia, *ant*(9)-Ia, *aph*(3''')-IIIa, *aac*(6''')-Ie/*aph*(2''''')-Ia). En ambos MRSA ST5/SCCmec-IVc/E se identificaron genes de resistencia a *MLSb* (*mcr*(A)/*mphC*) y en uno determinantes de resistencia a Quinolonas (*grlA* -S80F-, *gyrA* -S84L-). Un aislamiento ST8 y el ST88 portaban *ermC* (resistencia a *MLSb*), pero solo este último fue positivo para *dfsr1* (resistencia a Trimetoprim/Sulfametoxazol). Notablemente, 8/10 MRSA presentaron genes de resistencia a mercurio (operón *merABRT*). **Conclusiones.** Se identificó una frecuencia de colonización por MRSA del 5,2%, con algunos aislamientos que mostraron resistomas compatibles con multidrogoresistencia (ST5/SCCmec-I) y otros con factores de virulencia de gran relevancia clínica (ST8/SCCmec-IVc/E).

P-123**Explorando el potencial antimicrobiano y antioxidante de extractos de plantas etnobotánicas de Antioquia-Colombia contra bacterias patógenas transmitidas por alimentos.**

Mesa-Vanegas A, Peláez-Villegas J. Universidad de Antioquia. Medellín.
 amaria.mesa@udea.edu.co

Introducción. El control de microorganismos patógenos es un problema clínico dada la resistencia que están presentando a los diferentes tipos de antibióticos, lo que constituye actualmente, una de las mayores amenazas para la salud mundial (OMS 2024). Colombia es rica en diversidad y se caracteriza por el uso tradicional de plantas medicinales con metabolitos secundarios activos para el tratamiento de enfermedades. El objetivo de este trabajo es determinar el potencial antioxidante y antimicrobiano de extractos naturales de catorce especies de plantas usadas tradicionalmente por sus propiedades medicinales en la región antioqueña. **Materiales y métodos.** Se evaluó el potencial antioxidante de 14 extractos etanólicos con los métodos espectrofotométricos DPPH• y ABTS•+ , y la inhibición del crecimiento bacteriano *in vitro* por método de difusión con discos de Kirby-Bauer en bacterias Gram- y Gram+. **Resultados.** Se obtuvo que la planta con mayor actividad antioxidante fue *Z. lenticulare* con una IC50 de 160,7± 0,1. Junto con esto, los extractos de varias especies de plantas presentaron actividad antimicrobiana a concentraciones de evaluación de 400 µg/ disco y 200 µg/ disco con halos de inhibición entre 12,0 y 20,0 mm. **Conclusiones.** Se obtuvo promisorio actividad antimicrobiana y antioxidantes de los extractos etanólicos por lo que se deben aislar y caracterizar los metabolitos activos para el desarrollo de nuevos fármacos antimicrobianos. CODI- proyecto código 2023-63350

P-124**Factores de riesgo relacionados con la infección por bacterias multirresistentes en neonatos hospitalizados en unidad de cuidados intensivos en dos instituciones de Barranquilla enero 2021-marzo 2022.**

Guardo E, Pérez-Pérez O, Barbosa V, Contreras L, Mendoza-Sepúlveda L, Sánchez Z. Universidad Metropolitana de Barranquilla. Barranquilla.
 zairasanchez2023@gmail.com

Introducción. La infección por microorganismos multirresistentes ha presentado un crecimiento acelerado, afectando la salud de los neonatos, comprometiendo su pronóstico e incrementando su mortalidad. Ante esta situación, se planteó determinar los factores de riesgo de infección por bacterias multirresistentes (BMR) en neonatos hospitalizados en las unidades de cuidados intensivos de dos instituciones de la ciudad de Barranquilla, entre enero de 2021 y marzo de 2022. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional, tipo descriptivo, retrospectivo. **Resultados.** Se incluyeron 185 neonatos, 72 presentaron cultivo positivo para BMR con una prevalencia de BMR del 8,72%. Las 3 bacterias más aisladas fueron Especies de *Klebsiella BLEE +*, *Staphylococcus epidermidis*, *Escherichia coli* multirresistentes. El uso de antibióticos de primera línea fue 83,78%. Predominó el uso de medidas invasivas en un 85,41%. Las alteraciones hematológicas más frecuentes fueron leucocitosis y trombocitopenia. De los neonatos que desarrollaron trombocitopenia el 95,56% presentaron infección por BMR. El signo de SIRS más frecuente fue la distermia en un 31,35%. **Conclusiones.** Se encontró relación significativa entre uso de antibiótico, medidas invasivas y estancia en UCIN prolongada, los cuales se relacionan con el desarrollo de infección por BMR. Los neonatos que recibieron antibiótico de amplio espectro previo tuvieron 79,2 veces más probabilidad de infección por BMR. La no aplicación de medidas invasivas reduce el riesgo de infección por BMR pues los neonatos que no recibieron procedimientos invasivos el 96,30% NO presentaron aislamiento de BMR. La estancia prolongada en UCIN fue condición de riesgo para esta infección. Finalmente, el desenlace de mortalidad tuvo relación con la infección por germen multirresistente.

P-125**Susceptibilidad de Enterobacterales en pacientes con diabetes mellitus y pielonefritis aguda adquirida en la comunidad en Colombia.**

Niño-Godoy J, García-Gutiérrez A, Nocua-Báez L, Cortés-Luna J. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
 juaninogodo@unal.edu.co

Introducción. La pielonefritis aguda es la infección más frecuente en pacientes diabéticos. El objetivo de este estudio fue determinar el perfil de sensibilidad a los antibióticos de las bacterias productoras de pielonefritis aguda (PA) adquirida en la comunidad en pacientes con diabetes mellitus en Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de susceptibilidad a antimicrobianos, de un subgrupo de pacientes con diabetes mellitus, de una cohorte retrospectiva de pacientes adultos con (PA) adquirida en la comunidad, entre 2013 y 2020 en 3 hospitales de Bogotá, quienes recibieron tratamiento antibiótico empírico con cefuroxima o cefazolina. **Resultados.** Se incluyeron 368 pacientes con diabetes. 72% (265/368) mujeres con edad media de 75 años. 4% (13/368) pacientes ingresó a unidad de cuidados intensivos y 4% (13/368) fallecieron. El principal microorganismo aislado fue *Escherichia coli* en 86% (317/368) de los casos, seguido por *Klebsiella pneumoniae* con 6,5% (24/368). 40% (129/368) de los aislamientos fueron susceptibles a ampicilina, 60,8% susceptibles a cefazolina (193/368), 86% (273/368) lo fueron a cefuroxima. 8,8% (28/368) de los aislamientos fueron productores de betalactamasas de espectro extendido (BLEE). 9,7% (31/368) de microorganismos tuvieron resistencia a cefalosporinas de tercera generación, y 5,7% (21/368) a cefepime. Hubo 3 aislamientos de *E. coli* con producción de carbapenemasas. Encontramos 32,3% (119/368) casos resistentes a una quinolona y 37,2% (137/368) a trimetoprim-sulfametoxazol. **Conclusiones.** Existe una alta frecuencia de resistencia a antimicrobianos de primera línea en microorganismos responsables de pielonefritis aguda adquirida en la comunidad en pacientes diabéticos.

P-126**Caracterización microbiológica y genómica de aislamientos clínicos en un hospital de tercer nivel de complejidad en Bogotá, Colombia.**

Cortés J, Díaz-Brochero C, Montoya-Cardenas C, Kohl-Birkedahl L, Nag S, Aarestrup F, Larsen G, Diaz-Guevara, Prada D, Saavedra S, Duarte C, Melo O. Hospital Universitario Nacional HUN, Research Group for Genomic Epidemiology; Technical University of Denmark; Department of National Food, Grupo de Microbiología, Instituto Nacional de Salud, Departamento de Estadística - Facultad De Ciencias - Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
 pdiaz@ins.gov.co

Introducción. En el marco del proyecto Dos Semanas en el mundo (2022) , acogido por 27 países, se analizaron 1620 genomas clínicamente relevantes en unidades diagnósticas, con datos bioinformáticos de especies y resistoma. **Materiales y métodos.** Se realizó un muestreo aleatorio durante dos semanas de aislamientos clínicos bacterianos en el HUN, hasta completar 60 para secuenciación Illumina, realizada en el DTU, Dinamarca. Se determinó identificación, resistoma y plásmidos. **Resultados.** Se identificaron 14 especies, con mayor frecuencia *Escherichia coli* 18(31,03%), *Klebsiella pneumoniae* 13(22,41%) , *Staphylococcus aureus* 7(12,06%) y *Pseudomonas aeruginosa* 5(8,33%), principalmente de pacientes con bacteriemia e infección urinaria. El origen de la muestra fue orina 19(31,66%), sangre 11(18,33%), traqueal 11(18,33%), recuperados de unidades de cuidados intensivos 20(33,3%), medicina interna 12(20%) e enfermedades infecciosas 7(11,66%). En total 29/60 (48,33%) aislamientos eran multidrogo resistentes y 18/60 (30%) resistentes a al menos un antibiótico. Con mortalidad en 14 pacientes (23,3%). Se identificaron en los órdenes Enterobacterales y Pseudomonales 324 genes, relacionados con enzimas modificadoras de aminoglucósidos (n=79), betalactamasas (n=75), genes a trimetoprim-sulfametoxazol (n=53), fluoroquinolonas (n=48) y tetraciclinas (n=27). Las betalactamasas fueron: TEM (n=14), SHV (n=13), OXAs (n=13), carbapenemasa KPC (n=10) y CTX-M (n=8). En la clase Bacilli se encontraron 19 genes. Se identificaron plásmidos Col, Inc, Rep. **Conclusiones.** La diversidad de especies bacterianas, asociadas con determinantes de resistencia, representada por genes de resistencia a aminoglucósidos, betalactámicos, fluoroquinolonas, trimetoprim-sulfametoxazol, posiblemente diseminados en las poblaciones bacterianas mediante elementos genéticos móviles.

P-127**Investigaciones genómicas sobre enterobacterias resistentes a carbapenémicos en Europa utilizando *Escherichia coli* como ejemplo.**

Valenzuela Dallos, V. Reuter, S. Hospital Universitario San Ignacio, Instituto De Prevención de Infecciones y Epidemiología Hospitalaria. Universidad de Freiburg, Alemania. Bogotá.
 vvalenzuela@husi.org.co

Introducción. Este estudio determina perfiles de resistencia a carbapenémicos en *Escherichia coli*, y se comparan con el contexto mundial; proporcionando datos epidemiológicos, que aportan información de interés para la salud pública. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo-retrospectivo. 665 aislamientos de enterobacterias de hospitales de diferentes países europeos, recuperados entre 2017 y 2018, de cualquier tipo de muestra biológica, con resistencia a, al menos, un carbapenémico. Se realizó secuenciación de genoma completo y se seleccionaron 18 cepas de *E. coli* para análisis bioinformático, búsqueda de plásmidos, presencia de mecanismos alternativos de resistencia, estudio filogenético y se contrastaron con una colección mundial de datos. **Resultados.** 586 cepas correspondieron a *Klebsiella pneumoniae*, 30 a *Enterobacter cloacae*, 18 a *E. coli* y otras especies. Se observó que 14/18 cepas de *E. coli* eran resistentes mediante 5 genes codificantes de carbapenemasas: 50% presentaron el gen blaOXA-48, 23% no presentaron genes codificantes de carbapenemasas, 17% tenían blaKPC-2 y un caso para blaVIM 19 y blaNDM-1. Ocho de las cepas de *E. coli* presentaban alteraciones en los genes para porinas. El tipo de secuencia más prevalente fue ST131. En este grupo se determinó la prevalencia del subclon H30Rx y se contextualizó mundialmente; obteniéndose un 70% de H30R, y un 49% de este subclon presentaba H30Rx. **Conclusiones.** La producción de carbapenemasas sigue siendo el mecanismo de resistencia más prevalente en las enterobacterias. Se requieren estudios específicos para estudiar los elementos genéticos móviles.

P-128

Conocimientos, actitudes y prácticas sobre antibióticos en médicos de Medellín, 2023.

Morales-Taborda J, Montaña-Guzmán J, Hugueta-Gutierrez L. Universidad Cooperativa de Colombia. Antioquia. morales1@gmail.com

Introducción. La resistencia a los antibióticos constituye una amenaza para la salud pública mundial. La falta de conocimientos junto con actitudes y prácticas incorrectas en la prescripción de antibióticos por los profesionales de la salud son agravantes en este problema. En Colombia la investigación en este campo es escasa. **Materiales y métodos.** Estudio transversal con 258 médicos. Se utilizó una escala que indaga por aspectos sociodemográficos, nivel educativo, satisfacción con la educación recibida sobre antibióticos, así como conocimientos, actitudes y prácticas. **Resultados.** El 31,5% de los médicos califica como regular o mala la educación recibida sobre antibióticos. En los conocimientos, 25,2% cree que la amoxicilina es útil para tratar la mayoría de las infecciones respiratorias y alrededor del 20% no sabe que en la ciudad se presentan infecciones por bacterias con resistencia a todos los antibióticos. En las actitudes, 37% no considera útil esperar los resultados microbiológicos antes de iniciar la antibioticoterapia, el 99% reconoce que la resistencia bacteriana es un problema de salud pública, pero solo el 56.9% admitió que impactó, de este problema, en su práctica diaria. En las prácticas, 20% opta por usar antibióticos de amplio espectro para evitar complicaciones de una infección y 71,7% admitió que hay médicos que prescriben antibióticos a pacientes que no los necesitan. **Conclusiones.** Se hallaron conceptos erróneos y prácticas preocupantes en la prescripción de antibióticos, especialmente, entre médicos generales. Se sugiere implementar programas de educación médica continuos centrados en las pautas de prescripción, así como fomentar una cultura de colaboración y confianza para mejorar tales prácticas problemáticas.

P-129

Péptidos-AINEs: Evaluación del efecto de la combinación en la actividad biológica en *E. coli* ATCC 25922 y células MCF-7.

Maldonado-Sanabria L, Castellar-Almonacid D, Cuero Amu K, Vargas-Casanova Y, Parra C, Fierro-Medina R, García-Castañeda J, Rivera-Monroy Z. Universidad Nacional de Colombia, Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá. lmaldonados@unal.edu.co

Introducción. El objetivo de este estudio fue evaluar la actividad antibacteriana/anticancerígena de las combinaciones de los péptidos antimicrobianos: (H2N-RRWQWRFKLGLG)2-K-Ahx-CONH2 y H2N-RGD-Ahx-RWQWRWQWR-CONH2, con ibuprofeno o aspirina en la cepa de referencia *Escherichia coli* ATCC 25922 y en la línea celular de cáncer de mama MCF-7. **Materiales y métodos.** Los péptidos fueron sintetizados por SPPS (estrategia Fmoc/tBu), luego, fueron purificados por RP-SPE y caracterizados mediante RP-HPLC y LC-MS. Se llevaron a cabo ensayos de actividad antibacteriana *in vitro* siguiendo

las guías CLSI, determinando la concentración mínima inhibitoria y el efecto de las combinaciones mediante el método de microdilución en caldo. Además, se evaluó el resultado de estas combinaciones en la línea celular MCF-7 mediante el ensayo MTT. El análisis de resultados se realizó utilizando el software CompuSyn y GraphPad. **Resultados.** Los ensayos en *E. coli*, de las combinaciones péptido-AINE, mostraron un efecto antagonista en la actividad antibacteriana en la mayoría de las concentraciones (Índice de combinación > 1), con excepción de las combinaciones péptido-aspirina y péptido-péptido en las concentraciones equivalentes a la MIC. Por otro lado, los ensayos realizados en la línea celular MCF-7 mostraron antagonismo en las combinaciones con aspirina y sinergismo en la mayoría de combinaciones con ibuprofeno. **Conclusiones.** Se determinó que las combinaciones AINE-péptido evaluadas en *E. coli* ATCC 25922 presentan predominantemente un efecto antagonista significativo, resaltando la importancia de evaluar las interacciones que pueden presentar los AINEs con diferentes terapias antimicrobianas. En contraste con los resultados en MCF-7, donde se encontró sinergismo en combinaciones específicas, lo cual establece un precedente para posibles tratamientos.

VIH

P-130

¿Por qué hacemos (o no) genotipo en personas que viven con VIH en falla virológica? - Caracterización en una cohorte colombiana.

Alzate-Ángel J, Gutiérrez-Gómez M, Rojas-Arbeláez C. Grupo Epidemiología UDEA. - Grupo VIHCOL, Unidad Investigación Clínica ClB. Medellín. jucalan10@gmail.com

Introducción. En Colombia sólo se realiza genotipo a un 30% de personas que viven con VIH (PVV) en falla virológica (FV). Nuestro objetivo fue evaluar las características de una cohorte de PVV acerca de variables que pueden asociarse con la solicitud de genotipo y describir los fármacos a los que se presenta resistencia por parte del virus. **Materiales y métodos.** Estudio transversal retrospectivo. Se incluyeron registros de PVV mayores de 13 años en FV entre 2019-2020. **Resultados.** Se registraron 112 PVV en FV, de los cuales 69 (61,6%) tenían genotipo que fue realizado con mayor frecuencia a PVV con carga viral más alta al momento de la falla (10.100 vs 2.720 copias/ml, p=0,000). Fallar recibiendo un Inhibidor de proteasa (IP) o un inhibidor de integrasa (II) (p=0,009), atendidos previamente en otra IPS (p=0,001) y un tiempo mayor en FV, aunque la mediana en meses fue alta para ambos grupos (29,4 vs 15,7, respectivamente, p=0,023). El 82,6% de PVV con genotipo presentaron mutaciones de resistencia. De estos, el 100% tenían mutaciones en la transcriptasa reversa; 94,7% comprometiendo a inhibidores de la transcriptasa reversa análogos de nucleósido (ITRAN), 89,5% a los no análogos de nucleósido (ITRNN), 7% a inhibidores de proteasa (IP). No se realizó ningún genotipo de integrasa. El 10,5% de los pacientes con resistencia tenían compromiso de todos los ITRAN y el 33,3% de todos los ITRNN, incluyendo doravirina. **Conclusiones.** El ordenamiento de genotipo y el seguimiento de las PVV con FV debe revisarse para prevenir la generación de resistencia compleja de resolver.

P-131

Efectividad del primer tratamiento antirretroviral (TAR) en una cohorte de personas viviendo con VIH (PVV) en Colombia 2016 – 2020.

Alzate-Ángel J, Sussmann O, Andrade J, Hernández B, Mueses H, Galindo X, Valderrama S, Lenis W, Montero L, Mantilla M, Arévalo L, Alzamora D, Delgado E, García M, Martínez-Buitrago E. Grupo VIHCOL, Asistencia Científica, Infectoclínicos, Corposida, Hospital Universitario San Ignacio, Recuperar, Todomed, Vivir Bien, Virrey Solis, Universidad del Valle. Medellín. jucalan10@gmail.com

Introducción. El objetivo de este estudio fue evaluar la efectividad de la primera línea de tratamiento antirretroviral (TAR) en las personas viviendo con VIH (PVV) de acuerdo con los medicamentos utilizados como tercer fármaco del esquema de TAR. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte histórica, que evaluó una muestra aleatoria de 519 PVV mayores de 13 años, atendidos en 13 ciudades, que iniciaron TAR entre 2016-2020 con un esquema compuesto por un backbone de dos inhibidores de la transcriptasa reversa nucleosídicos (ITRAN) y un tercer fármaco (inhibidor de integrasa (II), inhibidor de la transcrip-

tasa reversa no análogos de nucleósido (ITRNN) o un inhibidor de proteasa (IP)). Se realizó seguimiento antes del inicio del TAR y a los 6, 12 y 24 meses de este. **Resultados.** No se encontraron diferencias ajustadas en el riesgo de falla virológica durante todo el periodo de seguimiento (ITRNN vs II HR 0,86 (0,32 - 2,27, $p = 0,754$; IP vs II HR 0,67 (0,21 - 2,11, $p = 0,494$). No hubo diferencias en el cambio del recuento de CD4 ($p = 0,33$), el peso ($p = 0,93$), ni en la proporción de suspensiones por eventos adversos ($p = 0,83$), por adherencia ($p = 0,56$), pero sí por situaciones administrativas ($p = 0,05$) mayor para quienes iniciaron con II. Los eventos adversos relacionados con ITRNN fueron intentos suicidas o alteraciones neurocognitivas; para los II e IP correspondieron a elevaciones de CPK o intolerancia gastrointestinal. **Conclusiones.** No se encontraron diferencias en la efectividad. Se requiere realizar estudios prospectivos o retrospectivos con mayor tamaño de muestra.

P-132

Prevalencia de VIH en pacientes con tuberculosis en el departamento de Nariño.

Mier-Vallejo J, Compagnucci A, Guerrero-Madroñero A, Rosero-Galindo C, Rodríguez-Caicedo G, López-Delgado D. Universidad Cooperativa de Colombia, Universidad de Nariño. Pasto. gaarodriguezca@unal.edu.co

Introducción. La coinfección VIH/Tuberculosis (VIH/TB) es la infección oportunista más frecuente y la principal causa de muerte entre las personas que viven con VIH en varios países de ingresos bajos y medios. El objetivo del estudio es establecer la prevalencia de la coinfección VIH/TB en Nariño - Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo de corte transversal en el departamento de Nariño en todos los pacientes con diagnóstico de TB más coinfección VIH que fueron reportados al Instituto Departamental de Salud en el periodo 2005-2018. Para el cálculo de la prevalencia se tomó la totalidad de pacientes con diagnóstico de TB en proporción a la población de estudio los pacientes con diagnóstico de TB y VIH. **Resultados.** La prevalencia de VIH en pacientes con TB en el periodo de tiempo 2005 - 2018 fue de 4,6%, destacando el año 2017 con una prevalencia del 10,3% y en el periodo 2009 con una prevalencia del 1,8%. Se identificaron 2599 pacientes con TB en el periodo evaluado, de los cuales 120 tenían coinfección con VIH. La ciudad con mayor aporte de casos en el estudio fue Tumaco con el 36,7% de los casos reportados, en tanto Pasto aportó el 34,2% de pacientes del estudio. **Conclusiones.** La prevalencia de infección por VIH en pacientes con tuberculosis en Nariño en el periodo 2005-2018 fue de 4,6%. Se recomiendan estrategias dirigidas a mejorar la detección de la infección por VIH no diagnosticada en esta población.

P-133

Satisfacción al tratamiento antirretroviral en pacientes con VIH/sida de centros de atención del grupo VIH COL, Colombia 2024.

Mueses-Marín H, Pardo-Rada J, Martínez-Buitrago E, Galindo-Orrego X, Arévalo-Mora L, Mantilla-Suárez M, Alzamora-Sierra D, Sussmann O, Andrade-Sierra J. Corporación de Lucha Contra El Sida, Grupo VIHCOL, Fundación Reviva, Universidad del Valle, Virrey Solís IPS, Vivir Bien IPS, IPS Infectoclínicos S.A.S. Cali. centroinvestigaciones@cls.org.co

Introducción. El emplear los PRO (*Patient-Reported Outcomes*), permite medir la percepción de las personas que viven con VIH-(PVV) sobre su salud y el tratamiento. **Objetivo:** Determinar la satisfacción al tratamiento antirretroviral de PVV en centros del Grupo VIHCOL. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo transversal, con 280 PVV ≥ 18 años, en tratamiento antirretroviral (TAR) > 6 meses, en control en centros del grupo VIHCOL y que consintieron participar. Información recolectada entre febrero-mayo del 2024. Se indagaron características sociodemográficas y clínicas del VIH, la satisfacción al tratamiento se midió con el cuestionario español de Satisfacción con el TAR (CES-TA) y la adherencia con cuestionario SMAQ. Se realizaron análisis estadísticos bivariados-multivariados. **Resultados.** 75,4% fueron hombres, edad promedio: 37,9 años. Mediana inicio de TAR: 58,8 meses RIC(24,2-110,6), 71,6% recibían TDF/FTC y 37,8% Efavirenz, CD4 promedio: $566 \pm 280,1$ y 78,4% tenían carga viral indetectable. Consistencia interna del CESTA medida por Cronbach fue 0,81. El 60% valoró satisfacción del tratamiento $> 90\%$ y el grado de mayor importancia de aspectos del tratamiento fue superior al 90% para la mitad de encuestados. El 90,7% reportó adherencia SMAQ $> 85\%$. La mayor satisfacción con TAR se asoció directamente con adherencia $> 95\%$ (OR:2,13; IC95:1,05-4,29,

TAR con inhibidores de integrasa (OR:4,99; IC95%(1,96-12,68), e inversamente con ser mujer (OR:0,43; IC95:0,20-0,94 y antecedente de ≥ 3 esquemas (OR:0,39; IC95:0,16-0,97). Para importancia de aspectos del tratamiento, carga viral **Conclusiones.** Empleando los PRO permitió identificar los aspectos más relevantes en satisfacción e importancia del TAR en PVV en Colombia.

P-134

Validez de escalas que evalúan la percepción frente al tratamiento antirretroviral y la calidad de vida en una cohorte colombiana de personas viviendo con VIH, 2024.

Mueses-Marín H, Pardo-Rada J, Martínez-Buitrago E, Zapata-Marín A, Galindo-Orrego X, Arévalo-Mora L, Mantilla-Suárez M, Andrade-Sierra J, Sussmann O, Alzamora-Sierra D. Corporación de Lucha Contra El Sida, Grupo VIHCOL, Fundación Reviva, Universidad del Valle, Vivir Bien IPS, Infectoclínicos Virrey Solís IPS. Cali. centroinvestigaciones@cls.org.co

Introducción. Conocer las percepciones que tienen las personas que viven con VIH (PVV) frente a su calidad de vida relacionada con la salud y tratamiento antirretroviral (TAR) es esencial y amerita evaluaciones estandarizadas. **Objetivo.** Determinar la validez del constructo de escalas de percepción frente al TAR y la calidad de vida. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo transversal. Participaron 315 PVV, de ambos sexos y ≥ 18 años que reciben atención en centros de la red VIHCOL. Se aplicaron las escalas CESTA y WHOQOL-HIV-BREF. La consistencia interna fue evaluada con coeficiente alfa de Cronbach. Para verificar validez se utilizó análisis factorial confirmatorio exploratorio y correlación Spearman. **Resultados.** El 78% eran hombres, edad promedio 37,2 años y 48% con escolaridad secundaria. El 70% percibieron estar muy satisfechos con su TAR y el 27% consideró tener muy buena calidad de vida. Acorde a las escalas de satisfacción y calidad de vida el alfa-Cronbach fue: 0,82 y 0,94, respectivamente. La escala satisfacción con TAR presentó carga en dos factores, el análisis confirmatorio mostró buen ajuste (CFI=0,85 y SRMR=0,070). La escala calidad de vida presentó carga en cinco factores, el análisis confirmatorio presentó buen ajuste (CFI=0,89 y SRMR=0,052), aunque no para todos los ítems. La calificación de calidad de vida y satisfacción con salud se correlacionaron positivamente con los dominios de la escala CESTA (0,07 $< \rho < \rho$ **Conclusiones.** La adaptación de escalas es una herramienta importante y válida para identificar la percepción de las PVV frente al TAR y calidad de vida y como recursos de uso clínico.

P-135

Determinantes en calidad de vida en personas viviendo con VIH, resultados de la aplicación de inventario de calidad de vida y salud INCAVISA en una muestra colombiana.

Bernal-Barahona I, Rojas-Murillo J, Moreno J, Agudelo E I, Lopez, J. Sussmann O. Infectoclínicos S.A.S. Bogotá. ivandavidbernal@gmail.com

Introducción. La terapia antirretroviral de gran actividad (TARGA) para pacientes con infección por VIH cambió el foco sobre el manejo de esta patología. De modo que la calidad de vida de los pacientes tomó un lugar protagónico. La calidad de vida es un fenómeno complejo, determinado por distintos niveles de influencia, que ha de ser siempre entendido en las condiciones particulares de cada contexto. El presente estudio buscó determinar los elementos que tienen un mayor impacto sobre la calidad de vida de una muestra de pacientes con diagnóstico de infección por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) en Bogotá, Colombia. **Materiales y métodos.** Para lo anterior se hizo una aplicación híbrida del Inventario de Calidad de Vida y Salud INCAVISA (Riveros, A; Sanchez, J. Groves, M., 2009) en una muestra de 616 personas, y se analizaron los datos usando el programa estadístico SPSS. **Resultados.** Los resultados mostraron una asociación positiva entre el apoyo familiar (R: ,370), el tiempo libre (R: 260), la adaptación a la vida cotidiana (R: ,238), la percepción corporal (R: ,312) y redes de apoyo social (R: ,357) con puntajes altos de calidad de vida, así como evidenciamos una relación negativa entre la dependencia médica y la calidad de vida (R: -,195). **Conclusiones.** Estos resultados muestran la necesidad de trabajar en autogestión del paciente sobre comportamientos orientados a convivir con el virus de manera que sea empoderante para este, así como en las habilidades de construcción de redes de apoyo que permitan aumentar el soporte percibido de los pacientes e impactar sobre su percepción de calidad de vida.

VIROLOGÍA

P-136

Descubrimiento de potentes agentes antivirales en especies nativas colombianas de la familia Solanácea a través de bioprospección guiada.

Jiménez-Posada E, Mosquera-Martínez O, Robledo S, Durango D, Quiñones W, Vizacaño-Paez S, Martínez-Gutiérrez M. Universidad de Antioquia, Universidad Cooperativa de Colombia, Universidad Tecnológica de Pereira, Universidad Nacional de Colombia. Medellín. marlen.martinez@udea.edu.co

Introducción. Las arbovirosis ocasionadas por DENV, ZIKV y CHIKV afectan a millones de personas y no existen antivirales específicos. **Materiales y métodos.** Se evaluó el potencial antiviral *in vitro* utilizando células vero de ocho plantas colombianas de la familia Solanaceae contra DENV, ZIKV y CHIKV. Esto se llevó a cabo por medio de un enfoque bioguiado y análisis químicos. Se identificaron cuatro moléculas activas. Se estudió su modo de acción antiviral cuantificando la inhibición de la infección mediante titulación de sobrenadantes, análisis de proteínas virales y cuantificación de genoma viral. Además, se evaluó la interacción *in silico* con proteínas virales utilizando Autodock-Vina. **Resultados.** *Cestrum sp* y *Solanum ovalifolium* Dunal fueron las especies más activas contra una infección superior al 94% frente DENV, ZIKV y CHIKV. De la fracción más activa de *S. ovalifolium* (inhibición >60% para los tres virus y EC50 < 50 µg/mL), se aislaron dos sólidos e identificaron cuatro espirostanos, S1; C1: 6 α -O-[[β -D-xilopiranosil-(1 \rightarrow 3)] β -D-quinovopiranosil]- (25S)-5 α -espirostan-3 β -ol, C2: neochlorogenin 6-O- α -L-ramnopyranosil-(1 \rightarrow 3)- β -D-quinovopiranosido, y S2; C3: Paniculonin A y C4: Paniculonin B, los cuales inhibieron la infección por DENV y ZIKV en etapas previas y posteriores a la internalización pero no sobre la partícula viral. En especial, S1 frente a DENV con porcentajes superiores al 95% (partículas virales infecciosas, copias genómicas y proteínas virales NS1, NS3). Además, se encontraron energías favorables de unión de los espirostanos con proteínas no estructurales, siendo la de mayor afinidad la interacción de C2 con NS5 a través de la interacción de puentes de hidrógeno con Asn 610 y Asp 539. **Conclusiones.** Especies nativas colombianas de la familia Solanaceae contienen compuestos anti- arbovirus. UCC-INV 2875

P-137

Evaluación del papel de la vitamina D en la replicación del virus mayaro y la modulación de la respuesta inflamatoria en macrófagos.

Luque-Mahecha C, Hernández-Sarmiento L, Urcuqui-Inchima S. Universidad de Antioquia. Medellín. jose.luque@udea.edu.co

Introducción. El virus Mayaro (MAYV) es un arbovirus emergente que provoca fiebre y artralgia prolongada. Debido a la ausencia de tratamientos específicos es crucial investigar estrategias terapéuticas. En este estudio experimental *in vitro*, se evaluaron los efectos de la vitamina D3 en macrófagos humanos infectados con MAYV. **Materiales y métodos.** Cuatro donantes sanos fueron incluidos tras firmar un consentimiento informado, y se obtuvo la aprobación ética correspondiente. El virus MAYV se cultivó y tituló, mientras que los macrófagos se diferenciaron a partir de monocitos y se infectaron *in vitro* con MAYV. Se evaluó la producción de citocinas proinflamatorias y antiinflamatorias, así como la expresión de genes específicos. **Resultados.** Los resultados mostraron que la vitamina D3, especialmente a una concentración de 1 nM, redujo significativamente la replicación viral y la producción de citocinas proinflamatorias como IL-6. Además, se observó un aumento en la producción de la citocina antiinflamatoria IL-10, sugiriendo un efecto inmunorregulador. La expresión de genes como EPST11, VDR, LL 37 y SOCS1 no se vio significativamente alterada por la infección con MAYV ni por el tratamiento con vitamina D3. **Conclusiones.** En resumen, el tratamiento con vitamina D3 a concentraciones de 0.1 nM y 1 nM demostró ser efectivo en la reducción de la replicación viral y la modulación de la respuesta inmunitaria en macrófagos infectados con MAYV. Estos hallazgos sugieren el potencial de la vitamina D3 como estrategia terapéutica contra la infección por MAYV, aunque se necesitan estudios adicionales para confirmar estos resultados y explorar su aplicabilidad clínica.

P-138

Presencia del CDV linaje Sur/Norte America-4 en carnívoros domésticos y silvestres de Antioquia.

Ortiz-Pineda M, Ríos-Úsuga C, Martínez-Gutiérrez M, Ruiz-Sáenz J. Grupo de Investigación en Ciencias Animales – GRICA - Universidad Cooperativa de Colombia. Universidad de Antioquia. Bucaramanga. melissa.ortizp@udea.edu.co

Introducción. El virus del Dietmper Canino (CDV), que pertenece al género Morbillivirus, es agente etiológico de una enfermedad altamente contagiosa que afecta diversos animales domésticos y silvestres, principalmente los carnívoros y potencialmente al hombre. **Materiales y métodos.** Las secuencias se editaron y ensamblaron utilizando el software SeqMan. BLAST se utilizó para estudiar la similitud entre las secuencias de CDV y las secuencias de CDV accesibles en la base de datos de Genbank. Se realizaron inferencias filogenéticas basadas en la alineación de nucleótidos de las secuencias de la región Fsp en MEGA™ 7. Como grupo externo utilizamos el linaje América-1 para enraizar los árboles filogenéticos. Los árboles de consenso se construyeron en la versión 1.4 del software FigTree. **Resultados.** Se demostró la presencia del linaje Sur/NorteAmérica-4 con una relación ancestral con secuencias reportadas en fauna doméstica y silvestre perteneciente a los Estados Unidos de América. No se evidenció la presencia del Linaje Suramérica-3. **Conclusiones.** El CDV sigue siendo un riesgo para la salud de especies domésticas y para la conservación de especies silvestres. La infección por CDV en *Cerdocyon thous* destaca la importancia de la comprensión de la interfaz silvestre/doméstica en la transmisión del CDV y el importante papel que tienen las poblaciones simpátricas en la transmisión interespecie de enfermedades virales para la prevención y control de un patógeno multi hospedero.

P-139

Métodos combinados para el análisis temporal y espacial de la Hepatitis C en Colombia (2014-2022).

Vergara-Samur H, Gómez-Quintero C, Álvarez-Moreno C. Fundación Universitaria Sanitas, Centros Médicos Sanitas, Clínica Colsanitas. Bogotá. hvergara@homil.gov.co

Introducción. Este estudio analiza la distribución temporal y espacial de los casos confirmados de Hepatitis C en Colombia y explora la asociación de factores demográficos y socioeconómicos en la ocurrencia de la enfermedad mediante un método combinado. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio epidemiológico transversal combinado con análisis de series de tiempo utilizando datos de 5700 casos confirmados de Hepatitis C en Colombia entre 2014 y 2022. Las variables incluyeron año y mes de ocurrencia, municipio, edad, sexo y estrato socioeconómico. Los datos fueron obtenidos del Instituto Nacional de Salud. **Resultados.** Se notificaron 5710 casos durante el periodo, con una proporción significativamente mayor de hombres (66,8%) que de mujeres (33,13%) p valor: 0,0001. El 56% de los hombres infectados tenían entre 20 y 40 años. En 2022 se confirmaron 1.063 casos con una proporción significativa de hombres (79,21%). Los meses con mayor ocurrencia fueron octubre, septiembre y noviembre, sumando el 31,1% de los casos. Bogotá, Medellín, Cali y Barranquilla fueron los municipios con más casos. El 28,85% de los casos correspondieron a estrato 3 y el 24,6% a estrato 2. El 18,18% de los pacientes requirieron hospitalización y la mortalidad cruda fue del 1,71%. Se observó una tendencia ascendente en el número de casos confirmados (p-valor = 0,009186) con un aumento significativo en agosto de 2017. **Conclusiones.** La Hepatitis C en Colombia tiene una tendencia ascendente en especial en hombres jóvenes y en ciudades donde el VIH también es más incidente y prevalente.

P-140 Retirado

P-141

Análisis de la estabilidad y capacidad infecciosa del virus chikungunya en unidades de plaquetas almacenadas bajo condiciones estándar de banco de sangre.

Peñaloza-Tobar M, Cáceres-Munar B, Urbina A, Rodríguez A, Calvo E, Castellanos-Parra J, Delgado-Tiría F. Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Universidad El Bosque, Fundación Universitaria Sanitas. Bogotá. bcaceres@unbosque.edu.co

Introducción. El virus chikungunya (CHIKV) es un virus con potencial de transmisión por transfusión sanguínea. Existe evidencia de la presencia de ARN viral en muestras de suero de donantes de sangre, sin embargo, es incierto si este virus permanece estable en los componentes sanguíneos. Este estudio tuvo por objetivo analizar la estabilidad y capacidad infecciosa de CHIKV presente en plaquetas almacenadas bajo condiciones estándar de banco de sangre. **Materiales y métodos.** Plaquetas obtenidas por aféresis se mantuvieron en bolsas o fueron adicionadas a frascos de cultivo T-12,5, se infectaron con CHIKV ($2,5 \times 10^3$ o $2,5 \times 10^5$ UFP/mL) y se almacenaron a 20–25°C con agitación. Durante seis días se recolectaron muestras cada 24 h, para cuantificar el genoma viral mediante RT-qPCR. Además, se verificó la capacidad infecciosa del virus mediante ensayos de inmunofluorescencia indirecta (IFI) en células VERO. Como control se incluyó un grupo de plaquetas lisadas por choque térmico. **Resultados.** Hasta el día 4 las plaquetas infectadas en frascos de cultivo mostraron una disminución significativa en el número inicial de copias virales. Sin embargo, durante los días 5 y 6 de seguimiento se observó un aumento en el número de copias. En los ensayos en bolsas, este aumento fue significativo frente al grupo de plaquetas lisadas e infectadas, sugiriendo una posible replicación del virus. Adicionalmente se detectaron células VERO infectadas utilizando alícuotas de plaquetas de los 6 días de observación. **Conclusiones.** En conclusión, tanto el genoma viral como la capacidad infecciosa del virus permanecen estables en plaquetas almacenadas en condiciones estándar de banco de sangre. Financiado Minciencias contrato 768-2023

P-142

Actividad antiviral de biflavonoides contra virus Mpox en células VERO E6.

Monsalve-Escudero L, Zapata-Cardona M, Tabares-Guevara J, Osorio E, Zapata-Builes W, Aguilar-Jiménez W. Universidad de Antioquia. Copacabana.
lmilena.monsalve@udea.edu.co

Introducción. El Virus Mpox es responsable del primer brote por fuera del continente africano a partir del 2022 con cerca de 97.208 casos confirmados, incluidas 186 muertes. La ausencia de tratamientos disponibles hace necesario determinar el potencial antiviral de compuestos de origen natural que ayuden a mitigar la morbimortalidad de la enfermedad. **Materiales y métodos.** Se determinó la citotoxicidad de tres biflavonoides (Volkensiflavone, Fukoside y Morelloflavone) aislados de *Garcinia madruno*, por ensayo de MTT en VERO E6. Se evaluó el potencial antiviral *in vitro* frente a MPXV a MOI 2 mediante una estrategia combinada y se determinaron las partículas virales infecciosas (PFU/mL) a partir de sobrenadantes por ensayo de placa, usando Rifampicina como control de inhibición. Se evaluaron las energías de unión de los compuestos frente a la metiltransferasa VP39 (PDB: 8 CEV) y proteína poxín (PDB: 8 ORV) por medio de acoplamiento molecular. **Resultados.** Los tres biflavonoides no fueron tóxicos en VERO E6 a concentraciones $\leq 12,5 \mu\text{M}$ y demostraron potencial antiviral al disminuir las PFUs/mL en sobrenadantes de células pretratadas, infectadas concomitantes con el virus y postratadas. La Rifampicina inhibió significativamente la producción de PFU/mL. Se hallaron energías libres de unión favorables para los tres compuestos frente a las proteínas virales. **Conclusiones.** Los biflavonoides tienen potencial antiviral frente a MPXV al disminuir *in vitro* las PFU/mL en células VERO E6, además se demuestra afinidad de unión *in silico* con proteínas del virus. Estudios posteriores permitirán discernir los pasos del ciclo replicativo afectado para determinar los posibles mecanismos de acción.

P-143

Alta diversidad viral mediante metagenómica en mosquitos (Diptera: Culicidae) del Caribe colombiano.

Hoyos-Lopez R, Alemán M, Pérez A, Echeverri D, Garay E, Martínez C, Gastelbondo B, Arrieta G, Mattar S, Hoyos-Lopez R. Montería.
richardhoyos@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. La identificación de la diversidad viral tiene importancia en el equilibrio y control de los virus patógenos en los mosquitos vectores. **Materiales y métodos.** Entre 2022 y junio 2023, se recolectaron mosquitos con trampas Shannon, CDC-light, en Moñitos (Córdoba), Coloso (Sucre), Talaigua Nuevo (Bolívar), y Santa Ana (Magdalena). Los especímenes fueron preservados en N2 líquido, se identificaron y se hicieron pools con 50 individuos. El ARN se extrajo y se secuenció con el secuenciador MGI DNBseq® PE 150. El análisis bioinformático se realizó mediante las plataformas DIAMOND y MEGAN, y la identificación de contigs virales se utilizó la base de datos de NCBI

para ARN virus (Riboviria). **Resultados.** 6.215 mosquitos fueron recolectados. Las especies más prevalentes en los cuatro sitios fueron: *Mansonia titillans*, *Couquillettidia nigricans*, *Anopheles albimanus* y en menor abundancia el género *Culex* y *Melanoconion*. La secuenciación identificó 65 virus con alta abundancia de Phasmaviridae, reconocida por su amplia distribución como insecto-específicos (Lepidoptera, Orthoptera, Blattodea), y la familia Rhabdoviridae géneros Vesiculovirus, Almendravirus, Sigmavirus, Ledantivirus y Hapavirus. En menor frecuencia se identificó Orthomyxoviridae, Phenuiviridae, Flaviridae y Bunyvirales, 35 virus no tenían clasificación taxonómica. **Conclusiones.** Los virus insecto-específicos son agentes promisorios que pueden ser utilizados para el control biológico dada su amplia distribución en familias hematófagas. La modulación de la competencia vectorial y su ancestría evolutiva en la mayoría de los virus patógenos transmitidos por mosquitos vectores abre una posibilidad para estudios del control de vectores. Financiación: Agradecimientos al Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación (Colombia) – Proyecto N° 601 de 2022 - código 91722.

P-144

Detección molecular de herpesvirus como agente infeccioso asociado al complejo respiratorio viral felino en tres ciudades principales de Colombia.

Ríos C, Rendón-Ramos L, Jaramillo-Delgado I. TestMol S.A.S. Bogotá.
directorimasd@testmol.com

Introducción. El Herpesvirus felino 1 (FHV-1) es el agente etiológico de la rinotraqueitis felina, una enfermedad de distribución mundial que afecta a los gatos domésticos y salvajes. Se presenta principalmente en animales jóvenes y actualmente se desconoce la frecuencia de este virus en Colombia. El objetivo de este estudio es evaluar la frecuencia de FHV-1 felino mediante qPCR en centros veterinarios de tres ciudades principales del país y los posibles factores asociados con la infección. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio retrospectivo de bases de datos de muestras enviadas al laboratorio Test Mol para diagnóstico de Herpesvirus mediante qPCR, provenientes de diferentes centros veterinarios de Medellín, Bogotá y Barranquilla durante el 2023. Se llevó a cabo un análisis estadístico descriptivo y bivariado de variables demográficas mediante Jamovi 2.3.21 ($p < 0,05$). **Resultados.** Se encontró una frecuencia total de FHV-1 del 15,1% (24/159), con un mayor porcentaje en la Ciudad de Medellín (9,4%). Se evidenció que los machos presentaron un mayor porcentaje de infección por el virus (58%), al igual que los grupos de cachorros y adultos con una frecuencia del 29% y 33%, respectivamente. Adicionalmente, se observó un mayor número de individuos positivos en razas criollas (70%). Se encontró asociación significativa principalmente con las variables de raza y sexo. **Conclusiones.** A pesar de ser una patología inmunoprevenible con vacuna, el FHV-1 afecta a la población felina de 0 a 5 años en Colombia. Se recomiendan más estudios epidemiológicos que den relevancia a la prevalencia de este virus en el país.

P-145

Identificación de virus mediante metagenómica en *Pintomyia evansi*, *Lutzomyia gomezi* y *Micropogomyia cayennensis*.

Alemán-Santos M, Hoyos-Lopez R, Pérez-Doria A, Echeverri-De La Hoz D, Bravo C, Gastelbondo-Pastrana B, Arrieta-Bernate G, Mattar-Velilla S. Universidad de Córdoba. Cereté.
malemansantos@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. Los flebotomíneos son insectos de importancia en la salud pública por su papel como vectores de diferentes patógenos de interés humano. Son conocidos en la transmisión de parásitos del género *Leishmania* y vectores probados o sospechosos de arbovirus, algunos de los cuales amenazan la salud humana. El estudio tiene como objetivo identificar virus en flebotomíneos como *Pin. evansi*, *Lu. gomezi* y *Mic. cayennensis* mediante metagenómica. **Materiales y métodos.** La captura de flebotomíneos se realizó con trampas Shannon y CDC-light en Moñitos (Córdoba), Coloso (Sucre) y Talaigua Nuevo (Bolívar). La identificación se realizó según caracteres morfológicos externos. El ARN extraído se secuenció en el equipo MGI DNBseq® PE 150. El análisis bioinformático se realizó en las plataformas DIAMOND y MEGAN y la identificación de contigs virales con la base de datos de NCBI para ARN virus (Riboviria). **Resultados.** 161 flebotomíneos fueron colectados y las especies más abundantes fueron: *Pintomyia evansi*, *Lutzomyia gomezi*, *Micropogomyia cayennensis* y *Psychodopygus panamensis*, en menor abundancia las

especies *Bichromomyia olmeca bicolor*, *Pintomyia rangeliana*, *Micropygomyia trinidadensis* y *Evandromyia dubitans*. La secuenciación identificó 7 virus de las familias Tobuviridae, Partiviridae, y Rhabdoviridae, con identificación específica para Yalta virus, Negamaviricota sin clasificar, y Xiangshhan rabdo-like virus 2, dos virus no se pudieron clasificar. **Conclusiones.** La presencia de la familia *Rhabdoviridae* implica potencial zoonótico para agentes virales en humanos, también se observa la presencia de virus insecto-específicos (ISV) como principal núcleo del viroma en flebotomíneos, así como especies virales sin clasificación taxonómica actual. Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación (Colombia) – Proyecto 601 de 2022 – código 91722.

P-146

Evaluación del potencial antiviral de dos extractos derivados de subproductos del cacao en un modelo de infección *in vitro* con el virus chikungunya (CHIKV).

Daza-Guzmán L, Morantes-Medina S, Gutiérrez-Álvarez L, Delgado-Tiría F. Universidad El Bosque, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá. ldazag@unbosque.edu.co

Introducción. La enfermedad causada por CHIKV no cuenta con un tratamiento específico y sus síntomas se tratan principalmente con analgésicos y antiinflamatorios. Extractos derivados de subproductos del cacao (cacota y cascarilla) han mostrado tener actividad antioxidante en pruebas preliminares de laboratorio. Considerando que existe una relación directa entre los niveles de estrés oxidativo y el título viral de diferentes agentes virales, el presente trabajo se propuso evaluar el efecto antiviral de estos dos extractos en un modelo de infección *in vitro* con CHIKV. **Materiales y métodos.** Para esto, células Huh-7 fueron tratadas con diferentes concentraciones (15-250µg/mL) de los extractos para evaluar citotoxicidad usando resazurina, actividad antioxidante con DCFH-DA y actividad antiviral empleando RT-qPCR. **Resultados.** El tratamiento de las Huh7 con los extractos de cacota y cascarilla resultaron ser seguros (viabilidad >95%) en todo el rango de concentraciones ensayadas. El extracto de cascarilla (62,5 y 31,25µg/mL) mostró tener actividad antioxidante al reducir los niveles de especies reactivas de oxígeno en las células a 12h y 24h de tratamiento. Así mismo, esta reducción fue evidente en las células infectadas con CHIKV cuando el extracto fue adicionado 90 minutos después de colocado el inóculo viral y por un tiempo de tratamiento de 12h. La evaluación del efecto sobre la replicación viral mostró una reducción del número de copias de ARN viral en el sobrenadante de las células infectadas y tratadas. **Conclusiones.** En conclusión, el extracto de cascarilla mostró un mayor potencial antiviral posiblemente asociado a la reducción de las especies reactivas de oxígeno producidas durante la infección con CHIKV.

P-147

Detección del genoma del virus de la hepatitis E en muestras ambientales obtenidas en el departamento del Quindío.

Gonzalez M, Coral DM, Millán J, Sánchez G, Marín R, Padilla L, Navas MC, Castaño JC. Universidad del Quindío, Universidad de Antioquia. Hospital Universitario San Juan de Dios, Armenia, Quindío. mmgonzalez@uniquindio.edu.co

Introducción. El virus de la Hepatitis E (VHE) está clasificado en la familia Hepeviridae junto con 5 genotipos. Genotipos 1 y 2: endémicos, genotipos 3 y 4: asociados a zoonosis de transmisión fecal-oral. En Colombia, el VHE, no se considera como un evento de interés en salud pública. La infección por VHE eventualmente lleva al desarrollo de hepatitis crónica y/o falla hepática aguda. Objetivo Determinar la presencia del genoma de VHE en muestras ambientales y en muestras de pacientes con sospecha de hepatitis viral en el departamento del Quindío. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo transversal. Muestra de agua residual: por conveniencia de 7 municipios del departamento del Quindío. Se incluyeron 3 muestras obtenidas de pacientes con hepatitis indeterminada atendidos en un hospital de tercer nivel del departamento. Metodología las muestras de agua residual se concentraron según el protocolo de OMS; la extracción de ARN del concentrado viral y de las muestras de suero se realizó utilizando un kit comercial, el análisis por PCR en tiempo real para VHE con estuche comercial **Resultados.** Se obtuvo positividad en 11/51 de muestras ambientales y en las 3 muestras de sueros de pacientes. **Conclusiones.** Estos hallazgos preliminares aportan evidencia de la circulación del VHE en el

departamento del Quindío

P-148

Virus de la Leucosis Bovina y factores asociados a su detección en bovinos y trabajadores de hatos de lechería especializada de Antioquia, Colombia.

Mendoza-Urbe W, Rúa C, Úsuga-Monroy C, Isaza J, Ruiz-Cortes T, Gutiérrez L, López L, López-Herrera A. Universidad Pontificia Bolivariana, Universidad de Antioquia, Universidad Nacional de Colombia. Medellín. willinton.mendoza@upb.edu.co

Introducción. El virus de la leucosis bovina (BLV) provoca leucemia y linfomas en bovinos. Se determinó la frecuencia de positividad por el BLV en bovinos y trabajadores. Se exploraron los factores de los bovinos, trabajadores y hatos asociados con la positividad **Materiales y métodos.** Estudio transversal, se muestrearon 51 hatos de tres regiones de Antioquia. Se muestrearon 569 bovinos y 160 ganaderos. En los bovinos se determinó la positividad por el BLV mediante serología y PCR del gen tax viral y en las personas se realizó PCR del gen env (#positivo/total muestreado) **Resultados.** En los bovinos la seropositividad fue 40,7% y la detección molecular 17,22%. En los ganaderos la positividad molecular fue 13%, identificándose al genotipo 1 en bovinos y humanos. En los hatos, 76% tenía conocimientos sobre BLV, 50% presentó positividad en bovinos ≤ 38% y 63% tuvo la totalidad de las personas negativas. En la exploración de aspectos de los hatos que diferenciarán los porcentajes de positividad en animales y humanos, los hatos que no hacen manejo de placenta y no tienen potrero específico para parto fue mayor el porcentaje de animales positivos; con respecto a la positividad en humanos, se encontró tendencia al aumento al no hacer control de vectores. El ordeño mecánico con bajas condiciones de bioseguridad y la inseminación artificial con semen no certificado son factores asociados con la positividad en los animales y en los trabajadores fue el antecedente de accidente con material quirúrgico. **Conclusiones.** Se identificó el genotipo BLV 1 en bovinos y ganaderos de los hatos analizado

P-149

Prevalencia del virus del distemper canino (CDV) por método molecular en pacientes de clínicas veterinarias de tres ciudades colombianas, 2023.

Alzate-Salazar A, Rosero-Fuenmayor K, Ríos-Úsuga C, Rendón-Ramos L, Jaramillo-Delgado I, Cardona-Arias J. Universidad de Antioquia (UDEA), TestMol S.A.S. – Centro de Diagnóstico Especializado. Medellín. jaiberth.cardona@udea.edu.co

Introducción. El distemper canino (CDV), o moquillo en perros, ha sido descrito como una enfermedad multisistémica en animales domésticos y salvajes de todas las edades, pero principalmente en jóvenes. El desarrollo investigativo sobre este virus en Colombia es escaso. Por ello se diseñó esta investigación con el objetivo de determinar la prevalencia del CDV en pacientes de una clínica veterinaria en tres ciudades colombianas, 2023. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de prevalencia con 852 caninos procedentes de las ciudades de Medellín, Bogotá y Barranquilla; tamizados en el laboratorio TestMol. Se utilizó qPCR para el diagnóstico, se controlaron sesgos de información y selección, así como las posibles variables de confusión. Los análisis se realizaron en SPSS 29.0. **Resultados.** La prevalencia molecular del CDV fue 20,1% (IC 95%= (17,3-22,8)). La mayor proporción se encontró en la ciudad de Barranquilla (33,1%) seguida de Medellín (18,8%) y Bogotá (11,9%). No se hallaron diferencias estadísticamente significativas según la edad o el sexo del animal. Las razas con mayor ocurrencia de la infección fueron Schnauzer (50%), Pitbull (45%) y Dóberman (36%). **Conclusiones.** La prevalencia de CDV fue elevada y concentrada en algunas razas. El estudio evidencia la alta endemia y circulación del virus, por lo que es necesario aumentar los estudios en esta infección, detallando aspectos como la tasa de vacunación, la densidad poblacional y estado inmunológico, dada su alta capacidad de contagio y afectación a la salud animal a nivel mundial.

P-150

Prevalencia molecular de Calicivirus felino en tres ciudades colombianas, 2023.

Mejía-Villada A, Arenas-González M, Ríos-Úsuga C, Rendón-Ramos L, Jaramillo-Delgado I, Cardona-Arias J. Escuela de Microbiología - Universidad de Antioquia (UDEA), TestMol S.A.S. - Centro de Diagnóstico Especializado. Medellín. jaiberth.cardona@udea.edu.co

Introducción. El Calicivirus felino es el agente causal de la gripe felina, una enfermedad altamente contagiosa y grave en felinos sin un sistema inmunitario fuerte. A pesar de considerarse una infección común en Colombia no se han realizado estudios recientes sobre su prevalencia molecular. El objetivo de esta investigación fue determinar la prevalencia de este virus en un sistema de vigilancia epidemiológica pasiva de un centro veterinario en tres de las principales ciudades colombianas. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo transversal en 226 felinos procedentes de Medellín, Bogotá y Barranquilla, a quienes se les realizó diagnóstico molecular usando qPCR. Se realizaron comparaciones de la prevalencia de infección según edad, sexo y raza con Chi-cuadrado y razones de prevalencia en SPSS 29.0. **Resultados.** Se realizó un estudio descriptivo transversal en 226 felinos procedentes de Medellín, Bogotá y Barranquilla, a quienes se les realizó diagnóstico molecular usando qPCR. Se realizaron comparaciones de la prevalencia de infección según edad, sexo y raza con Chi-cuadrado y razones de prevalencia en SPSS 29.0. **Conclusiones.** Se halló una elevada prevalencia del virus, con alta heterogeneidad entre ciudades, razas y edades, lo que demuestra la importancia de generar y consolidar evidencia local para orientar acciones de salud animal que tiendan a prevenir la transmisión y permitan mejorar los sistemas de vigilancia clínico-epidemiológica.

TRABAJOS COMPLETOS

PRESENTACIONES ORALES

VIH

TCO-001

Validación de escalas de riesgo cardiovascular en pacientes viviendo con VIH de Colombia.

Salazar-Urbano A, Sussmann-Peña O, López P, Sánchez-Martínez M, Ortiz-Parra A, Cruz Muñoz J, Mosquera-Niño K, Reyes-Hernández L. Hospital San Rafael de Tunja, Infectoclínicos S.A.S, Universidad Nacional de Colombia, Servicio de Infectología Clínica Palermo, Universidad Antonio Nariño. Bogotá. asalazar59@uan.edu.co

Introducción. La enfermedad cardiovascular (ECV) es la comorbilidad más frecuente en personas viviendo con VIH (PVV). La guía colombiana sugiere hacer evaluación del riesgo cardiovascular con las escalas Framingham 2004 y Framingham ajustada a Colombia. El presente análisis buscó evaluar el rendimiento de las diferentes puntuaciones de riesgo cardiovascular incluyendo: Framingham 2004, 2008 y ajustada a Colombia, DAD, ASCVD y PROCAM en PVV con 10 años de diagnóstico. **Materiales y métodos.** Estudio observacional de cohorte retrospectivo de PVV atendidos en IPS Infectoclínicos S.A.S. entre 2003 y 2013 con 10 años de seguimiento determinando ECV hasta 2023. **Resultados.** Se analizaron 911 PVV con una incidencia de 3,40% de ECV, una edad promedio de 43,60 años, el 90,89% hombres, con promedio de recuento de CD4 de 504,19 células, el 20,53% eran fumadores y un 4,58% con antecedentes familiares de ECV. Se determinó que la escala con mayor rendimiento diagnóstico fue la ASCVD con un ABC 0,927 (IC 95%; 0,87 – 0,98) seguida de la escala de Framingham de 2004 ABC 0,915 (IC 95%; 0,86 – 0,97) y Framingham ajustado para Colombia ABC 0,914 (IC 95%; 0,86 – 0,97) a los 10 años de diagnóstico. El índice de correlación entre las escalas fue mayor de 0,902 para todas las escalas. **Conclusiones.** Con relación a los resultados del presente estudio se considera que un punto de buena práctica clínica podría ser la utilización de cualquiera de los modelos de estimación del riesgo cardiovascular para la toma de decisiones clínicas en PVV de Colombia.

VIROLOGÍA

TCO-002

Mpox: characterization and clinical outcomes of patients attended in health service providing institutions in Colombia.

Álvarez-Moreno C, Reveiz L, Aristizabal C, Quevedo J, Mesa-Rubio M, Arévalo-Mora L, Porras-Villamil J, Padilla M, Alzate J, Rylance J, Firdavs K, De La Hoz I, Valderrama S, Arboleda S, Sussmann O, Andrade J,

Murillo-Velásquez C, García E, Galindo X, Martínez D, Arango L, Martínez E, Reyes-Caicedo K, Mantilla M, Gutiérrez-Ríos J, Garay A, Pinzón W, Crispin A, Chaillon A. Clínica Universitaria Colombia, Clínica Colsanitas, Universidad Nacional de Colombia, Paho, Unisanitas, Instituto de Evaluación Tecnológica En Salud (IETS), World Health Organization, Hospital Universitario San Ignacio, Infectoclínicos, Hospital La María, Corporación de Lucha Contra El Sida, Hospital Alma Máter De Antioquia, Hospital Universitario del Valle, Virrey Solís IPS, Clínica de la Sabana. Bogotá. larevalom79@hotmail.com

Introduction. The monkeypox virus triggered a worldwide outbreak in 2022. While this outbreak had widespread effects, there needs to be more information on mpox's specific impact in Colombia, particularly regarding how it is managed, its burden, and its epidemiology. This research seeks to examine the medical context, clinical variations, and health consequences in individuals diagnosed with mpox infection, especially those with HIV in Colombia. **Materials and methods.** This retrospective study was conducted in health institutions in Colombia based on clinical records from Jan 2022 to Dec 2023. Clinical and epidemiological characteristics were collected from diagnosis until discharge(or death). Participants in the study were diagnosed through molecular methods and their clinical evolution was tracked through medical records. **Results.** One thousand four hundred thirteen(1,413, 97,2% male) individuals, including 2,6% identified as healthcare workers, were included in this study. Concomitant sexually transmitted diseases were common, affecting 30,1%, mainly syphilis (80%) and Neisseria gonorrhoeae(16,4%). All individuals had skin lesions distributed across various regions of the body. 54% of the population(764/1413 individuals, 99,3% male) were persons living with HIV (PWH), and almost one-third(31%, n=284) of participants had concomitant sexually transmitted diseases and HIV, with syphilis being the most prevalent(20,4%), followed by gonorrhoea(16,4%). **Conclusions.** The evidence presented shows that half of the population were people living with HIV, and the presence of mpox was not statistically significant in people with undetectable viral loads or with low CD4 levels. Special emphasis should be placed on individual support and follow-up, focusing on detecting concomitant STIs.

MEDICINA TROPICAL Y PARASITOLOGÍA

TCO-003

Riesgo de salto interespecie entre humanos, cerdos y murciélagos: caracterización filogenética, evolutiva y antigénica de un nuevo coronavirus en murciélagos del Caribe colombiano.

Martínez-Bravo C, Echeverri D, Gastelbondo B, Calderon A, Guzmán C, López Y, Martínez J, Arrieta G, Mattar S, Universidad de Córdoba. Universidad de Córdoba. Montería. catymilenam@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. Desde la aparición del virus del Síndrome Respiratorio Agudo Severo (SARS) aumentó el interés por comprender el rol de los murciélagos en el mantenimiento y circulación de los coronavirus. El objetivo de este estudio fue describir la relación filogenética evolutiva y la arquitectura antigénica de un nuevo coronavirus detectado en murciélagos del departamento de Córdoba. **Materiales y métodos.** En un estudio de vigilancia de patógenos de interés en salud pública se capturó el murciélago *Phyllostomus hastatus* en Moñitos Córdoba. Al quiróptero se le tomó hisopado rectal y se le extrajo el ARN, el cual fue secuenciado por NGS en el equipo MGI-G50, los resultados fueron analizados por softwares bioinformáticos. **Resultados.** Se obtuvo un contig de 28.619 nucleótidos asociado a la familia Coronaviridae (GenBank en estudio). Los análisis filogenéticos y reloj molecular del gen ORF1ab demuestran que se trata de un nuevo Alphacoronavirus divergente que proviene directamente de un nodo ancestral donde también se originaron los Alphacoronavirus aislados de murciélagos de Perú y Brasil. El análisis de la proteína de la espícula (S) y en particular dominio de unión al receptor (RBD) muestra similitud con coronavirus humanos (229E) y porcinos (TGEV). El análisis *in silico* señala sitios de interacción de RBD con el receptor celular aminopeptidasa N de humanos y cerdos. **Conclusiones.** Existe un posible riesgo de salto interespecie del nuevo AlphaCoV/P.hastatus con humanos y cerdos. Ambas especies comparten el receptor celular aminopeptidasa N. Este es el primer estudio de caracterización filogenética, evolutiva y antigénica de coronavirus en murciélagos de Colombia.

TCO-004

Urban Malaria: A new epidemiological landscape of malaria transmission in Southeastern Venezuela.

Forero-Paña D, Carrión-Nessi F, Regalado-Gutiérrez O, Grillet M, Gabaldón-figueira J, Vincenti-Gonzalez M, Camejo-Avila N, Maricuto A, Lezaun J. Biomedical Research and Therapeutic Vaccines Institute, "Luis Razetti" School of Medicine - Universidad Central De Venezuela, Vector And Parasite Biology Laboratory, Tropical Ecology And Zoology Institute, School of Sciences, Barcelona Institute For Global Health (isglobal), Hospital Clinic—university of Barcelona, Department of Medical Microbiology - University Medical Center Groningen, University of Groningen, Institute For Science Innovation And Society- School Of Anthropology And Museum Ethnography-Unive. Caracas.
vacter.cv@gmail.com

Introduction. In Venezuela, an unprecedented malaria epidemic has developed during the last decade, leading the country to report the highest number of malaria cases and deaths in the region since 2016. Local malaria transmission in mining hotspots is responsible for malaria in Bolívar state (~61%) and nationwide (>60%). These mining migratory patterns have caused the increase of urban and peri-urban malaria within Bolívar state itself, a fact still poorly characterized. **Materials and methods.** A cross-sectional study that analyzes epidemiological data from a non-random sample of confirmed malaria cases attended the Malariology Laboratory of the "Ruiz y Páez" University Hospital Complex from 2019 to 2023. **Results.** A total of 1 176 malaria cases were analyzed. The most frequently identified parasite species was *P. vivax* (83,9%). A quarter (25,5%) of the patients reported Angostura del Orinoco municipality (AOM), the main urban center of the Bolívar state, as their probable area of infection (PAI), with a higher proportion (38%) of cases recorded in 2021 ($p < 0,001$). Non-mining related occupations such as teacher (OR = 88,3395% CI = 18,16 -- 429,7, $p < 0,001$), housewife and student were associated with increased odds of acquiring malaria infection in AOM. Marhuanta and Jose Antonio Paez were identified as the main urban malaria hotspots within AOM. **Conclusions.** We provide evidence that suggests a shift in the epidemiological characteristics of malaria transmission in southern Venezuela, with apparent transmission in large urbanized areas, indirectly influenced by domestic migration from mining areas south of the Orinoco River.

TCO-005

Las garrapatas duras del Caribe colombiano albergan Jingmen tick virus: un arbovirus emergente de preocupación para la salud pública.

López Y, Thomas R, Muñoz-Leal S, López-Mejía Y, Galeano K, García A, Romero L, Echeverri-de La Hoz D, Martínez C, Calderón A, Gastelbondo B, Contreras H, Olivieri G, Rubiano L, Guzman C, Hoyos-López R, Ortiz A, Garay E, Alemán-Santos M, Rivero R, Miranda J, Tique V, Arrieta G, Contreras V, Mattar S. Universidad de Córdoba Colombia, Universidad Popular del Cesar, Universidad de Concepción, Universidad de Sucre, Paul G. Allen School For Global Health. Montería.
yesicalopezm@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. El virus de la garrapata Jingmen (JMTV), es un Flaviviridae, identificado en 2014 en China, produce fiebre e infecciones de piel en humanos y animales. El objetivo de este estudio fue detectar el virus Jingmen en garrapatas duras del Caribe colombiano. **Materiales y métodos.** Se colectaron garrapatas en Córdoba y Cesar. Se realizó identificación taxonómica y se formaron grupos de 13 garrapatas. Se realizó la extracción de ARN. Para la preparación de librerías se utilizó el kit MGIEasy y se realizó secuenciación de próxima generación (NGS) con el equipo MGI-50. Los análisis bioinformáticos y la asignación taxonómica se realizó en la plataforma Galaxy y los análisis filogenéticos utilizando IQ-TREE2. **Resultados.** Se colectaron 766 garrapatas. El 87,33% (669/766) fueron *R. microplus*, el 5,4% (42/766) *D. nitens*, el 4,2% (32/766) *R. linnaei* y el 3,0% (23/766) *A. dissimile*. En el metatranscriptoma de *R. microplus*, *D. nitens* y *A. dissimile* se detectó segmentos 1,2,3 y 4 completos y parciales de JMTV. Los JMTV detectados, se relacionan filogenéticamente con JMTV de *Aedes albopictus* de Francia, JMTV de *R. microplus* de Trinidad y Tobago, y Antillas francesas y JMTV detectados en *R. microplus* de Colombia. Interesante, que nuestras secuencias se agruparon estrechamente con JMTV detectados en humanos de Kosoovo infectados con el virus de la fiebre hemorrágica de Crimea del Congo. **Conclusiones.** Se detectó JMTV en *R. microplus*,

D. nitens y *A. dissimile*. JMTV podría representar un riesgo para los humanos. Es crucial continuar la vigilancia epidemiológica en garrapatas para comprender el posible papel del JMTV en las enfermedades tropicales.

TCO-006

Nuevo subtipo de Influenza A virus detectado en el murciélago pescador *Noctilio albiventris*.

Echeverri-De La Hoz D, Martínez-Bravo C, Gastelbondo B, López Y, Bertel V, Alemán M, Hoyos R, Perez A, Garay E, Arrieta G. Mattar S. Universidad de Córdoba. Montería.
decheverridelaho@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. Los murciélagos aún no se han establecido como reservorios de los virus de influenza. Sin embargo, la divergencia molecular de H1N10 (Guatemala) y H1N11 (Perú), los designaron como nuevos subtipos de Influenza A virus (IAV) circulantes en murciélagos neotropicales. Por esto, es importante comprender el origen y biología de estos virus. **Objetivo.** Caracterizar una nueva secuencia IAV en el murciélago pescador *Noctilio albiventris*. **Materiales y métodos.** En un estudio de vigilancia de patógenos de interés en salud pública, se tomaron muestras de hisopado rectal a cuatro murciélagos pescadores (*N. albiventris*) capturados en Talaigua Nuevo, Bolívar. Las muestras fueron secuenciadas por NGS con el equipo DNBSEQ-G50 de MGI Tech™ y analizadas con herramientas bioinformáticas. **Resultados.** Fueron obtenidos ocho contigs virales asociados a la familia Orthomyxoviridae (GenBank en análisis). Los segmentos mostraron una similitud del 98 al 100% con IAV H1N11, excepto para la neuraminidasa (NA). El análisis filogenético y el reloj molecular de la NA mostró el surgimiento de una rama basal al subtipo NA11 sin compartir un ancestro común reciente. El modelamiento en 3D indica que la NA presenta tres mutaciones (K363R, T242K, M138F) cerca del sitio activo hipotético de la proteína que facilitan la unión al HLA-DR de murciélagos. La divergencia filogenética, evolutiva y antigénica de la NA de IAV detectado en *N. albiventris* sugiere un nuevo subtipo que podría denominarse H1N12. **Conclusiones.** Este es el primer reporte de Influenza A virus de murciélagos en Colombia. El rol como patógeno debe estudiarse. MINCIENCIAS Proyecto 601- código 91722.

INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA

TCO-007

Impact of molecular diagnostic techniques on the Acute Respiratory Infection Sentinel Surveillance Program, Antioquia, Colombia, 2022.

Maya-Restrepo M, Ortiz C, Averbhoff F, Carabali M, Pérez L, Ciuderis-Aponte K, Davila A, Bastidas D, Buitrago S, Cloherty G, Berg M, Hernández J, Rebolledo P, Osorio J. GHI One Health Colombia - Universidad Nacional de Colombia, Departmental Health Secretariat of Antioquia, Infectious Diseases Research- Abbott Diagnostics, Department of Epidemiology, Biostatistics, and Occupational Health At McGill - University; Montreal, San Vicente Foundation Hospital, Public Health Laboratory of Antioquia, Division Of Infectious Diseases; Department of Medicine And Global Health - Emory University School, Global Health Institute - University of Wisconsin. Medellín.
mangelicamaya@gmail.com

Introduction. Surveillance of acute respiratory infection (ARI) informs vaccination, preventive, and management decisions. In many countries, immunofluorescence is the cornerstone for ARI surveillance. We aimed to determine the effect of adding multiplex polymerase chain reaction (mPCR) to conventional ARI surveillance. **Materials and methods.** Between March and July 2022, respiratory samples from patients with influenza-like illness (ILI) and severe acute respiratory infection (SARI) were tested by direct immunofluorescence (DIF), SARS-CoV-2 PCR and a subset of samples underwent routine testing. Negative specimens were tested by mPCR (Allplex®), and those still negative were subjected to metagenomics. Descriptive, multivariable regression analyses were conducted. **Results.** Pathogens were detected in 38,5% of samples (131/340) tested by the conventional approach. Of the 168 negatives after the conventional approach, 157 (93,4%) were positive by mPCR, increasing the detection rate to 96,3% (288/299). With the conventional approach, the most frequent pathogen was respiratory syncytial virus (22,7%, 68/299), whereas with mPCR it was *Haemophilus influenzae* (37,5%, 63/168). mPCR significantly

improved pathogen detection in ARI surveillance (Adjusted Incidence Rate Ratios 4,22; 95% CI 3,05 - 5,85), mostly in children with asthma and pneumonia. **Conclusions.** Adding mPCR to respiratory surveillance based on DIF significantly enhanced virus and bacteria detection. mPCR should be considered for routine ARI surveillance.

TCO-008

Detection of a novel Adenovirus C89 genotype and re-emergence of B3 associated to severe acute respiratory infections outbreak in children, in Antioquia, Colombia, 2022.

Maya-Restrepo M, Ortiz C, Averhoff F, Davila A, Bastidas D, Berg M, Cloherty G, Pérez L, Ciuderis-Aponte K, Usuga J, Moreno I, Hernández J, Rebolledo P, Osorio J. GHI One Health Colombia - Universidad Nacional de Colombia, Departmental Health Secretariat Of Antioquia, Infectious Diseases Research- Abbott Diagnostics, San Vicente Foundation Hospital, Division Of Infectious Diseases- Department Of Medicine And Global Health- Emory University School, Global Health Institute- University Of Wisconsin-Madison. Medellín. *mangelicamaya@gmail.com*

Introduction. Adenovirus (HAdV) is a common cause of mild acute respiratory infections (ARI). However, during the second half of 2022, a HAdV severe acute respiratory infection (SARI) outbreak among children occurred in Colombia. Our study investigated the circulating HAdV genotype before, during, and after this outbreak and the associated clinical data. **Materials and methods.** During February 2022 and April 2023, children presenting with respiratory symptoms within the last 15 days and with a nasopharyngeal aspirate positive for HAdV were enrolled. Respiratory Pathogen ID/AMR Enrichment Panel Kit was used to sequence samples collected before the outbreak, while those collected during, and after the outbreak were sequenced using hexon gene-specific primers. Descriptive analysis of clinical data and phylogenetic analysis of the sequences were conducted. **Results.** Enrolled participants were classified into pre-outbreak (February to June 2022), outbreak (July to December 2022), and post-outbreak (January to April 2023) periods. From 133 children with HAdV SARI enrolled, 54 patients provided samples for sequencing. During the outbreak, 63/88 (71,5%) patients reported comorbidities, 25/88 (28,4%) developed pneumonia, and 17/88 (19,3%) required critical care units. During the pre-outbreak period, most sequences (71,4%, 10/14) were phylogenetically classified as the novel genotype HAdV-C89, while during and after the outbreak the majority (85,0%, 34/40) were HAdV-B3. **Conclusions.** Our results show that a novel HAdV-C89 genotype caused SARI in Antioquia (Colombia) in early 2022, but was displaced by HAdV-B3, increasing HAdV SARI. The re-emergence of common respiratory viruses like HAdV-B3 could lead to post-pandemic SARI outbreaks.

TCO-009

Clinical rules for bacterial pneumonia. A systematic review and diagnostic test metaanalysis.

Valencia-Valencia L, García-Gómez I, Beltrán C, Florez I, Sierra-Abaunza J, De La Cruz-Mena J. Universidad de Antioquia. Envigado. *laura.valenciav@udea.edu.co*

Introducción. La neumonía adquirida en la comunidad es una causa común de mortalidad en niños menores de 5 años con una alta incidencia en países de bajos ingresos. La determinación precisa de su etiología sigue siendo un desafío. Como no existe una prueba diagnóstica definitiva, se han desarrollado varias escalas de predicción diagnóstica sin consenso sobre cuáles son las más efectivas. Nuestro objetivo fue evaluar la capacidad de predicción diagnóstica de las escalas clínicas existentes para la detección de neumonía bacteriana en pacientes pediátricos **Materiales y métodos.** Revisión sistemática de la literatura y metaanálisis de pruebas diagnósticas. Se realizaron búsquedas en Medline, Embase, LILACS, Google Scholar y literatura gris hasta diciembre del 2023. Se incluyeron estudios originales sin restricciones de idioma que evaluaran el rendimiento diagnóstico de al menos una escala de predicción de neumonía bacteriana en población pediátrica **Resultados.** Se incluyeron 27 estudios (9.442 participantes). La edad media de los pacientes osciló entre 0.5 años el menor y 4,4 años el de mayor edad, ninguno incluyó neonatos. Los estudios analizaron 17 escalas de predicción de neumonía. Se realizó metaanálisis para las escalas BPS y Lynch. El metaanálisis mostró una sensibilidad y especificidad combinada del 89,4% (82,1 a 93,9%) y 76,6% (55,5 a 89,6%) respectivamente para la escala BPS; y 90,5% (74,5 a 96,9%) y 28,4% (12,8 a

51,7%) respectivamente para la escala de Lynch **Conclusiones.** Actualmente ninguna escala es suficiente para hacer un diagnóstico adecuado de neumonía bacteriana en pediatría. Se requiere más información con escalas que incluyen nuevas pruebas diagnósticas a la fecha.

ECONOMÍA DE LA SALUD Y SALUD PÚBLICA

TCO-010

Toxoplasmosis congénita, una enfermedad desatendida. Evaluación del cumplimiento de las guías de práctica clínica colombianas.

Correa-Pérez S, Carrascal-Petro M, Arango-Ferreira C, Beltrán-Arroyave C, Sierra-Abaunza J. Universidad de Antioquia. Envigado. *sarocpe13@gmail.com*

Introducción. La toxoplasmosis congénita (TC) presenta alta morbimortalidad. A pesar de la existencia de una guía de práctica clínica colombiana (GPC) para el diagnóstico y tratamiento de la toxoplasmosis gestacional (TG) y TC, se desconoce su cumplimiento. El objetivo fue evaluar la adherencia de las GPC en dos hospitales de Medellín durante 2016-2020. El objetivo de este estudio es evaluar la adherencia al GPC colombiana para el diagnóstico y el tratamiento del TG y la TC. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte descriptivo, sin riesgo. Se incluyeron lactantes menores de 1 año con TC sospechada o confirmada, tratados al nacer o durante un seguimiento ambulatorio, en dos hospitales de referencia de Medellín entre 2016 y 2020. Se excluyeron los pacientes no atendidos por especialistas en enfermedades infecciosas pediátricas. La muestra fue por conveniencia. **Resultados.** Se incluyeron 247 pacientes. La adherencia a las recomendaciones del GPC fue variable. El 30,2% de IgA de toxoplasmosis se realizaron luego de la semana 16, de las cuales dieron positivo para TG. El 69,7% de las pruebas de avidéz de IgG ordenadas estaban indicadas. Dos neonatos tuvieron positividad en PCR en Líquido cefalorraquídeo e IgM positiva, y ambos tuvieron manifestaciones en SNC. De las 222 ecografías gestacionales, 43 (19,3%) presentaron hallazgos anormales. Se confirmó el diagnóstico de infección congénita en 42 pacientes (17%). De las 15 gestantes que recibieron tratamiento para toxoplasmosis fetal, diez tenían PCR en LA positiva. 34 (80,9%) pacientes fueron sintomáticos. **Conclusiones.** El cumplimiento de las recomendaciones del GPC para la toxoplasmosis varía.

ECONOMÍA DE LA SALUD Y SALUD PÚBLICA

TCO-011

Gasto de bolsillo de familias de pacientes pediátricos con drepanocitosis que reciben vacunación complementaria en el Caribe colombiano.

Perez-Yepes C, Vasquez B. Imat Oncomedica Auna, Fundación Amigos de la Salud. Montería. *carlosperezepes@gmail.com*

Introducción. Analizar el gasto de bolsillo de las familias de pacientes pediátricos diagnosticados con drepanocitosis atendidos en un centro hospitalario de referencia en el Caribe colombiano **Materiales y métodos.** Estudio observacional, longitudinal, retrospectivo, con enfoque cuantitativo. La población estudiada fueron los familiares de pacientes pediátricos con drepanocitosis que recibieron atención médica en la Clínica IMAT durante el año 2021. Las fuentes de información fueron la Historia clínica y la encuesta económica del hogar dirigida a familiares **Resultados.** El gasto total indirecto en salud de todos los hogares del estudio (n=69) fue \$61'564.800 y la mediana del gasto anual indirecto en salud fue \$720.000 (\$384.000- \$1'200.000). El transporte fue el principal gasto indirecto (72%; \$44'412.000). La mediana del gasto anual en transporte de los hogares fue \$360.000. La alimentación representó el 18% del gasto total indirecto en salud (\$11'388.000). Se observó que 13%(n=9) de los hogares analizados están en condición de gasto catastrófico en salud. Todos estos hogares reportaron un ingreso familiar mensual menor al SMMMLV para el año 2021. El 33% de los encuestados informaron el uso de la tutela como mecanismo para proteger la continuidad de la atención médica recibida por el paciente. **Conclusiones.** Es el primer estudio regional sobre el impacto económico de la enfermedad de células falciformes en los hogares de niños que reciben tratamiento. La atención representó un alto porcentaje de los ingresos mensuales familiares causando que algunos hogares incurran en gasto catastrófico en salud

OTROS TÓPICOS

TCO-012

Com_YlbF una nueva familia de proteínas modulando la patogenicidad y virulencia de *Staphylococcus aureus*.

Corredor-Rozo Z, Marquez-Ortiz R, Madroñero J, Abril-Riaño D, Vanegas-Gomez N, Escobar-Perez, J. Universidad El Bosque, Faculty Of Science University Of Technology Sidney. Bogotá.
zcorredor@unbosque.edu.co

Introducción. La búsqueda racional de nuevos blancos moleculares bacterianos implica el conocimiento de procesos biológicos esenciales. Este estudio se ha orientado al entendimiento de la función de las proteínas Com_YlbF (YheA/Qrp, YlbF, YmcA) que colaboran con la actividad de la Ribonucleasa RNasa-Y, enzima implicada en degradación y/o estabilidad de RNAs. **Materiales y métodos.** Se realizó delección de los genes yheA/qrp, ymcA y ylbF, ensayos de biofilm, producción de PIA/PNSG, actividad hemolítica, RNA seq, ensayos de actividad del promotor; y evaluación de patogénesis *in vivo* en *Galleria mellonella* y ratones BALB/c. **Resultados.** La delección de yheA/qrp, ymcA y ylbF en *S. aureus*, disminuye el biofilm en acidez, y la producción de PIA/PNSG, sugiriendo su relación con proteínas de adhesión. Se identificaron genes diferencialmente expresados en la categoría de virulencia, desregulado la expresión de hemolisinas (hld y hla), la regulación del promotor de gamma hemolisina (hlgC) y la proteína A (spa). Se identificó la desregulación de sdrC (MSCRAMM) y eap/map (SERAM), y se identificó evidencia *in vivo* sólida de la virulencia manteniendo la supervivencia de *G. mellonella* (80%) y de los ratones BALB/c (100%). **Conclusiones.** Las proteínas con dominio Com_YlbF están involucradas en la regulación a nivel transcripcional o post-transcripcional con el biofilm y la virulencia de *Staphylococcus aureus*, posiblemente a través de un cambio en la actividad de RNasa-Y. Profundizar en la funcionalidad de esta nueva familia de proteínas son el acercamiento para identificación de nuevos blancos terapéuticos y mejores estrategias en el manejo de infecciones.

RESISTENCIA BACTERIANA

TCO-013

Frecuencia de venta de antibióticos sin prescripción médica en droguerías de Medellín, Colombia 2023.

Ortiz-Ardila M, Márquez-Bedoya M, Pinzón-Gómez L, Higuaita-Gutiérrez L. Universidad de Antioquia, Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín.
luis.higuaita@campusucc.edu.co

Introducción. Existe consenso en que la resistencia bacteriana es un problema que amenaza la salud pública mundial. Medellín no es ajeno a este problema, sin embargo, en la ciudad no hay estudios que describan la frecuencia de venta de antibióticos sin fórmula médica. **Materiales y métodos.** Estudio transversal en 277 droguerías de todas las zonas de la ciudad. Se aplicó una encuesta que incluye preguntas sobre: características de las droguerías y los farmaceutas, venta de antibióticos sin prescripción médica, conocimientos sobre la resistencia bacteriana y la disposición a recomendar antibióticos en distintos escenarios. Se calcularon frecuencias absolutas y relativas con sus intervalos de confianza, prueba chi-cuadrado y regresión logística. **Resultados.** La frecuencia de venta de antibióticos sin prescripción médica fue de 86,3% (IC 81,9-89,9). En los escenarios clínicos se encontró que 42,5% (IC 36,7-48,5) recomendaría antibióticos para niños con síntomas de faringitis y 40,9% (IC 35,2-46,8) para adultos con síntomas gripales. El modelo de regresión logística muestra que las cifras son significativamente más altas en quienes consideran que los farmacéuticos pueden vender antibióticos sin fórmula médica (β 7,04 IC 1,63-30,5) y quienes no han recibido capacitación sobre la resistencia bacteriana (β 2,95 IC 1,15-7,57). **Conclusiones.** La venta de antibióticos sin prescripción médica es una práctica común en las droguerías de Medellín y los farmacéuticos recomiendan antibióticos para afecciones para las que no están indicados, como faringitis y síntomas gripales. Estos hallazgos muestran que las medidas normativas actuales no son eficaces en controlar la venta libre de antibióticos

TCO-014

Effect of inappropriate treatment in adult patients with community-acquired acute pyelonephritis on empirical treatment with cefazolin.

Nocua-Báez L, Reyes-Pabon P, Cortes-Luna J. Universidad Nacional de Colombia, Clínica Universitaria Colombia. Bogotá.
lcnocub@unal.edu.co

Introduction. The aim of this study was to evaluate the effect of inappropriate empirical therapy with cefazolin on clinical outcome in adult patients with community-acquired AP due to resistant Enterobacterales requiring hospitalization. **Materials and methods.** Retrospective cohort of hospitalized patients with community-acquired AP caused by Enterobacterales, with initial treatment with cefazolin, in two institutions of third level of complexity in Colombia, between January 2013 and January 2020, with adjustment for confounding with propensity score-derived stabilized inverse probability of treatment weights. Inappropriate treatment was defined as a resistant isolate to cefazolin in the urine culture. Outcomes included hospital stay, hospital mortality, and recurrence. Sensitivity analysis was performed including in the definition of inappropriate those with a resistant and intermediate laboratory result. **Results.** There were 1.031 patients admitted with empirical treatment with cefazolin, 213 (20,6%) were classified as inappropriate treatment and 818/1031 (80,4%) received appropriate treatment. Among the entire cohort mean length of stay was 4,8 (\pm 5,1) days, 996 (96,6%) survived to discharge, and 113 (11,0%) were admitted for a recurrence of AP. Inappropriate treatment had no impact on hospital stay (IRRa 0,96, 95% CI 0,82-1,12), hospital mortality (OR 1,04, 95% CI 0,48-2,24), although it was associated with a higher risk of admission because of recurrence (OR 3,7, 95% CI 2,4-5,7). **Conclusions.** Inappropriate empirical treatment with cefazolin in adult patients with community-acquired acute pyelonephritis has no effect on length of hospital stay or hospital mortality but is associated with an increased risk of readmission because of recurrence.

EPIDEMIOLOGÍA HOSPITALARIA Y CONTROL DE INFECCIONES

TCO-015

Increased mortality in patients with healthcare-associated infections in a Colombian cohort with COVID-19: A multicenter study.

Valderrama-Beltran S, Álvarez-Moreno C, Mackenzie-Martinez S, Linares C, De La Hoz-Siegler I, Silva R, Varón-Vega F, Montealegre S, Padilla M, Mesa-Rubio M, Castañeda-Pascagaza L, Rojas J, Bravo-Ojeda J, Villa J, Chacón-Sarmiento J, Tarud-Ayub R, Patiño S, Gómez-Nieto K, Martínez-Pinzón V, Toloza C, Tambini G, Bertagnolio S, Diaz J, Thwin S, Reveiz L. Hospital Universitario San Ignacio, Clínica Colsanitas, World Health Organization, Fundación Cardioinfantil, Universidad de Los Andes, Clínica Universitaria Colombia, Clínica Infantil Santa María del Lago, Clínica El Carmen, Clínica Reina Sofía, Clínica Iberoamérica, Clínica Sebastián de Belalcázar. Bogotá.
mackhakim@gmail.com

Introduction. During the COVID-19 pandemic, there has been a documented increase in healthcare-associated infections (HAIs). The aim of this study is to evaluate the association between HAIs and 30-day mortality in COVID-19 patients. **Materials and methods.** We conducted a retrospective multicenter cohort study involving Colombian hospitalized patients with SARS-CoV-2 confirmed infection between March 2020 and September 2021. The study included analysis of microbiological isolates, their resistance profiles, and the antimicrobial administered. An extended Cox model was utilized to assess the association between HAIs and 30-day mortality. **Results.** We included 10.248 patients and identified a cumulative incidence of HAIs at 2,7%. The most prevalent type of HAI was laboratory-confirmed bloodstream infection, with 32,86% (n=92) of cases, followed by central line-associated bloodstream infections (CLABSI) (26,43%, n=74) and ventilator-associated pneumonia (VAP) (13,93%, n=39). Enterobacterales (n=184) were the predominant microorganisms identified with carbapenem-resistance in 13,75%. Additionally, *Pseudomonas* spp. showed a resistance of 30,43%. CLABSI and VAP were independently associated with mortality (adjusted hazard ratio (aHR) of 2,18 and 4,68, respectively). Patients strengthening infection control programs and promoting rational antimicrobial use in Latin America with healthcare-associated infections (HAIs) had a longer length of stay compared to those without HAIs (11,02 vs 5,83 days), and those with a stay of \geq 14 days had a higher risk of mortality at 30

days (aHR 5,53). **Conclusions.** HAIs have a deleterious impact on the length of stay and mortality risk among the COVID-19 population in low- to middle-income countries, particularly those caused by carbapenem-resistant Gram-negative bacteria. This underscores the importance of strengthening infection control measures.

INFECTOLOGÍA ADULTOS

TCO-016

Evaluación de protocolos de hemocultivos. ¿Cuál es el aporte de una segunda botella anaerobia?

Vergara-Aguilar P, García-Rincón C, Accini-Valencia M, Franco-Restrepo L, Vanegas-Múnera J, Atehortúa-Muñoz S. Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín.
pcvergara82@gmail.com

Introducción. Las bacteriemias representan altas tasas de morbilidad y mortalidad, especialmente, en países en desarrollo. Razón por la cual, se hace necesario un método diagnóstico que permita el tratamiento rápido y adecuado del paciente. Este estudio comparó el desempeño microbiológico y la adherencia de dos protocolos de hemocultivo para el diagnóstico de bacteriemia. **Materiales y métodos.** Estudio cuasiexperimental realizado entre junio de 2022 y febrero de 2023. Se evaluaron dos protocolos de hemocultivo. El protocolo 1: incluyó dos botellas aeróbicas y una botella anaeróbica. El protocolo 2: incluyó dos botellas aeróbicas y dos anaeróbicas. Los protocolos se evaluaron en tres fases: evaluación del protocolo 1 (Fase 1); evaluación del protocolo 1 más actividades educativas al personal sanitario (Fase 2) y evaluación del protocolo 2 (Fase 3). **Resultados.** Se evaluaron 342 pacientes y 1155 botellas de hemocultivo (732 aeróbicas y 423 anaeróbicas). La positividad fue del 17,6%, 22,8% y 19,4% en las fases 1, 2 y 3, respectivamente. Entre los pacientes con bacteriemia, 84,5% tenía botellas anaeróbicas positivas, y 9,9% mostró crecimiento sólo en esta. Las tasas de contaminación fueron del 1,9%, 0,3% y 0,8% para cada fase, principalmente en botellas aeróbicas. El tiempo medio de positividad fue de 11 horas para ambas botellas ($p=0,794$). La adherencia general de enfermería aumentó del 13,1% en la Fase 1 al 28,1% en la Fase 3 ($p=0,009$). **Conclusiones.** Los hallazgos indican que agregar una segunda botella anaeróbica no mejora la positividad de los hemocultivos. En lugar de aumentar la cantidad de botellas, la capacitación del personal podría ser un enfoque más eficaz para optimizar los resultados.

MICOLOGÍA

TCO-017

Frecuencia de Aspergilosis Invasiva en pacientes con neoplasia hematológica formulados con voriconazol en el Instituto Nacional de Cancerología del 01 de enero de 2014 al 31 de diciembre de 2016.

Rodríguez-Caicedo G, Cuervo-Maldonado S, Gómez-Rincón J, Osorio-Lombana J, Sánchez-Pedraza R, García K, Reyes-Guerrero A, Arango-Gutiérrez A. Universidad Nacional de Colombia, Universidad De Nariño, Instituto Nacional de Cancerología, Clínica Shaio. Pasto.
gaarodriguezca@unal.edu.co

Introducción. La aspergilosis invasiva (AI) afecta a pacientes con cáncer hematológico o trasplantes. Los criterios EORTC/MSG se utilizan para clasificarlo. Voriconazol (VCZ) es el tratamiento de elección pero su prescripción puede ser inadecuada. Este estudio pretende establecer la frecuencia de AI y las variables demográficas, clínicas y paraclínicas en pacientes con cáncer hematológico que reciben VCZ en el Instituto Nacional de Cancerología entre 2014 y 2016. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, retrospectivo, descriptivo. Se calcularon 137 prescripciones de VCZ por una proporción estimada de 15,6%, en pacientes adultos con cáncer hematológico y sospecha de AI hospitalizados. Cada caso se clasificó según criterios EORTC/MSG. El análisis estadístico se realizó en el programa R y se utilizaron porcentajes, medianas y rangos intercuartílicos (IQR). **Resultados.** Se revisaron 137 prescripciones de VCZ en 122 pacientes; 50,8% eran mujeres; la mediana de edad fue 44,5 años (IQR 27-56); 31,2% fallecieron; 76,2% tenían leucemia aguda; 9% linfoma no Hodgkin y 14,8% otras neoplasias; 65,6% tenían neutropenia; 26,2% requirieron UCI; y 16% recibieron esteroides; 53,3% tenían medición de galactomanano (11,5% positivas); 17,21% tenían signo del halo; 1,6% ca-

vitación y 0,8% signo de aire creciente; 33,6% tenían sinusitis. La clasificación de casos según criterios EORTC/MSG de AI fue 0,8% probado, 2,5% probable, 32% posible y 64,8% no clasificables. **Conclusiones.** La AI es una complicación grave con alta mortalidad en pacientes con cáncer hematológico y el VCZ es su tratamiento. Según los criterios EORTC/MSG, el uso de VCZ en este estudio fue inadecuado en la mayoría de casos, generando riesgo de toxicidad, resistencia y costos innecesarios.

VIROLOGÍA

TCO-018

Diseño *in silico* y evaluación de la seguridad e inmunogenicidad de vacuna basada en péptidos para Morbillivirus en ratones con el virus del distemper canino (CDV) como modelo viral.

Rendon-Marin S, Rincón-Tabares D, Tabares-Guevara J, Arbelaez N, Robledo S, Hernández J, Ruiz-Saenz J. Universidad Cooperativa de Colombia, Universidad de Antioquia. Medellín.
santyrendon0519@gmail.com

Introducción. CDV es el agente etiológico de una enfermedad altamente contagiosa, del género Morbillivirus, que afecta animales domésticos y salvajes. La vacunación es considerada una estrategia adecuada para su control. Diversas herramientas computacionales que predicen péptidos han permitido el desarrollo de vacunas universales. El objetivo fue diseñar, *in silico*, y evaluar una vacuna basada en péptidos derivados de proteínas del CDV como una mezcla o polipéptidos del CDV multiepitopos (PCVDM) en ratones luego de validar la seguridad *in silico* e *in vitro*. **Materiales y métodos.** Se predijeron computacionalmente péptidos del CDV y se determinó su seguridad *in silico* e *in vitro*. Además, se evaluó la seguridad, la respuesta inmune humoral y celular de los péptidos seleccionados y PCVDM en 24 ratonas BALB/c en cuatro grupos con régimen de 28 días. La seroconversión se evaluó mediante ELISA y la respuesta inmune celular empleando citometría de flujo mediante marcadores inducidos por activación. **Resultados.** De una librería de péptidos y la evaluación de la seguridad *in silico* e *in vitro*, fueron seleccionados una mezcla de péptidos y PCVDM fueron seguros *in vivo*. La seroconversión fue estadísticamente significativa en ratonas inmunizadas con PCVDM y la vacuna comercial (VC) comparado con el control. El número de células T CD4+CD134+IFN-gamma+, células T CD8+ y células productoras citocinas específicas de antígeno fueron mayores en ratones inmunizados con PCVDM comparado con el placebo. **Conclusiones.** Esta plataforma de predicción de vacunas basadas en péptidos permitirá la generación de candidatos de inmunización o mejoramiento de vacunas actuales para controlar agentes del género Morbillivirus como sarampión u otros agentes virales.

PRESENTACIONES EN PÓSTER

EPIDEMIOLOGÍA HOSPITALARIA Y CONTROL DE INFECCIONES

TCP-001

Mediastinitis: una complicación inusual en cirugía cardiovascular pediátrica. Serie de casos y revisión de la literatura.

Manosalva-Arciniegas L, Vargas-Soler J, Guevara-Rodríguez L, González-Hakspiel L, Rubio-Duarte A, Mendoza-Crespo S. Fundación Cardiovascular. Bucaramanga.
lauraisabelmanosalva@gmail.com

Introducción. La mediastinitis es una complicación poco usual en el postoperatorio de cirugía cardiovascular pediátrica, asociándose a una significativa morbimortalidad. Son pocos los informes de casos, especialmente en Latinoamérica donde la cirugía cardíaca ha avanzado exponencialmente. **Materiales y métodos.** Esta es una serie retrospectiva de 16 casos de mediastinitis posterior a cirugía cardíaca en niños con cardiopatía congénita en una institución de alto nivel de complejidad en Colombia entre enero de 2015 y junio del 2023. Se analizaron variables demográficas, clínicas, paraclínicas y estrategias terapéuticas aplicadas. **Resultados.** Se caracterizó un grupo de 16 niños diagnosticados con mediastinitis, de predominio de sexo masculino (68,75%), con edad entre 1 a 3 meses (62,5%). Las cardiopatías congénitas más relacionadas fueron la trasposición de grandes arterias, hipoplasia del arco aórtico y otras de fisiología univentricular. Los gémenes más frecuentemente

aislados fueron las bacterias gram negativas (37,5%) seguidas de las gram positivas (25%). El 43,75% de los niños requirieron manejo con sistema asistido de cierre por vacío (VAC) con resultados favorables **Conclusiones.** Conclusión: El avance en el manejo de las cardiopatías congénitas es un escenario para la presentación de complicaciones como la mediastinitis, por lo que se han desarrollado diversas estrategias terapéuticas que ameritan una mejor caracterización de la experiencia en distintos centros de mayor complejidad, con el fin de garantizar mejores resultados.

TCP-002

Impacto de implementación de un equipo especializado en terapia vascular en infecciones por catéter venoso central en pacientes pediátricos: Estudio de cohortes antes y después en un centro de referencia.

Cardenas-Hernandez V, Camacho-Moreno G, Vasquez-Hoyos P, Romero-Torres S, Vera-Lizarazo C, Ramirez-Villamil A, Sanchez-Vargas L. Universidad Nacional de Colombia, HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia. Bogotá.
vcardenash@unal.edu.co

Introducción. Las infecciones asociadas al catéter central (CVC) causan morbimortalidad. Equipos especializados pueden disminuir estas infecciones. Se evaluó el impacto de implementar un equipo especializado en un centro de referencia pediátrico. **Materiales y métodos.** Estudio de cohortes antes y después, retrospectivo, basado en historias clínicas. Se tomó una muestra aleatoria de casos antes y después de la implementación basada en un cálculo muestral entre junio de 2019 y mayo de 2023 en Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia en Bogotá. Se incluyeron pacientes pediátricos con CVC, excluyendo aquellos para hemodiálisis y pacientes con intestino corto. Se analizó la tasa de infecciones asociadas a catéter antes y después de la intervención, caracterizando su perfil demográfico, clínico, indicación y duración. El análisis de resultados se realizó utilizando estadística descriptiva bivariada y multivariada según la naturaleza de la variable. **Resultados.** Se analizaron 200 historias, 100 antes y 100 después. Se encontraron diferencias en sexo (39% vs 56% femeninos, $p = 0,019$), edad (mediana antes 121 RIQ [62-195] vs 81 [26-143], $p = 0,003$), y casos posquirúrgicos (32% antes y 52% después, $p = 0,004$). La tasa de infección asociada a catéter disminuyó de 22 a 8 por 1000 días de catéter para una razón de tasa de incidencia de 0,23 (IC 95% 0,09-0,53), $p < 0,001$. El análisis multivariado no mostró como factor principal el grupo de intervención (IRR 0,61, IC 95% 0,26-1,44), pero sí el diagnóstico postquirúrgico (IRR 0,20, IC95% 0,07-0,60). **Conclusiones.** La tasa de infecciones bajó, aunque se requieren más análisis estratificados para determinar su impacto en ciertas poblaciones.

INFECTOLOGÍA ADULTOS

TCP-003

Post covid syndrome and conditions associated with COVID-19: characterization, model of care and clinical outcomes in Colombia.

Álvarez-Moreno C, Reveiz L, Aristizabal C, Quevedo J, Mesa-Rubio M, Arévalo-Mora L, Porras-Villamil J, Padilla M, Rylance J, Firdavs K, De La Hoz I, Arregoces L, Castañeda X, Loaiza S, Correa-Mazuera C, Pinto-Aldana S, Cortés J, Sánchez C, Navarro L, Sanchez J, Martinez V, Linares P, Santana S, Benavides J, Valderrama S, Martinez S, Nocua-Baez L, Chaillon A. Clínica Universitaria Colombia, Clínica Colsanitas, Universidad Nacional de Colombia, Paho, Unisanitas, Centros Médicos Keralty, World Health Organization, OPS, Hospital Mederi, Hospital Militar Central, Hospital Universitario Nacional, Sanitas, Hospital Engativa, Hospital Universitario San Ignacio. Bogotá.
larevalom79@hotmail.com

Introduction. The unprecedented challenges posed by the COVID-19 pandemic extend beyond its societal economic and human impacts. This study aims to describe the Colombian population with COVID-19 sequelae. **Materials and methods.** Data from patients with a Post Covid-19 condition were obtained through several healthcare institutions from Colombia, following the World Health Organization's definition. Trained medical staff extracted data from electronic medical records using the WHO Case Report Format (CRF). Data on demographics, clinical symptoms, functioning status, and outcomes was extracted and descriptive statistical analysis was performed. **Results.** 1.025 patients were enrolled, most were women. Both genders presented a

tendency to have a BMI above the WHO threshold. Males experienced more severe initial Covid-19 episodes, correlating with higher hospitalization rates. Immunization rates show gender disparities. Follow-up evaluations over an average of 12,1 months indicate persistent functional limitations, with emotional and physical symptoms persisting, emphasizing the prolonged impact of post-Covid-19 conditions. **Conclusions.** Post covid syndrome appears to display consistent features, suggesting a more uniform clinical presentation than anticipated, significantly impacting functioning skills, encompassing physical and mental health challenges. Although retrospective data collection introduces limitations, the study provides valuable insights for the Colombian health system and beyond.

TCP-004

FilmArray® neumonía en pacientes con neumonía adquirida en la comunidad: Perfil epidemiológico en un hospital de tercer nivel en Medellín - Colombia, 2020 - 2023.

Henao-Piedrahita N, Stozitzky-Muñoz N, Montoya-Roldán D, Villa-Franco J, Arango-Martínez A, Posso-Ramírez L, Zapata-Marin N, Universidad Pontificia Bolivariana, Clínica Universitaria Bolivariana, Clínica García Rincón. Medellín.
natalia.henao.pi@gmail.com

Introducción. La neumonía adquirida en la comunidad es la principal causa infecciosa de hospitalización y mortalidad en el mundo. Es causada por una gran variedad de microorganismos, principalmente bacterias y virus. Sin embargo, no es posible distinguir estas etiologías sin el uso de pruebas de laboratorio, más recientemente, el panel molecular. En este estudio se describe el perfil epidemiológico de los pacientes con NAC hospitalizados en un hospital de tercer nivel de Medellín entre 2020 y 2023. **Materiales y métodos.** Se desarrolló un estudio de cohorte retrospectiva en el que se incluyeron pacientes mayores de 18 años con diagnóstico de NAC a quienes se les realizó la prueba molecular BioFire® FilmArray neumonía dentro de las primeras 48 horas de ingreso al hospital. **Resultados.** Se analizaron 283 historias clínicas, el panel molecular detectó algún microorganismo en el 66%, un tercio de los aislamientos fueron polimicrobianos y los agentes más comunes fueron bacterias (*Haemophilus influenzae*, *Streptococcus pneumoniae* y *Staphylococcus aureus*). Con estos resultados se registraron modificaciones de la terapia antibiótica en el 62%, las cuales correspondieron a una reducción del espectro en el 22% y a la suspensión de la terapia en el 15% de la cohorte. **Conclusiones.** El panel molecular identificó la etiología de la NAC en la mayoría de la población y con mayor frecuencia que otras pruebas microbiológicas. Los resultados del panel molecular se utilizaron con frecuencia para guiar las modificaciones de la terapia antibiótica.

TCP-005

Linezolid vs estándar de tratamiento para la bacteriemia por *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina: un estudio de cohorte retrospectiva en la ciudad de Bogotá.

Moreno-Ramirez C, Gómez-Rincón J, Ortiz-Ruiz G, Toledo-Arenas J. Universidad El Bosque. Bogotá.
carloermoreno96@gmail.com

Introducción. El *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (SARM) es una causa común de infecciones graves en el torrente sanguíneo. El tratamiento tradicional para estas infecciones implica el uso de antimicrobianos beta-lactámicos, pero la resistencia a estos medicamentos ha llevado a la búsqueda de alternativas terapéuticas. En este escenario este estudio busca comparar el tratamiento con linezolid con el tratamiento estándar que incluye vancomicina o daptomicina. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte retrospectiva que incluyó pacientes con bacteriemia por SARM. Se identificaron a través del sistema de información del laboratorio de microbiología y se filtraron según su perfil de susceptibilidad a los antimicrobianos. Se recopilaron datos de historias clínicas y resultados de paraclínicos. Se evaluaron desenlaces de eficacia y seguridad entre los grupos tratados con linezolid y el tratamiento estándar. **Resultados.** De 235 pacientes potencialmente elegibles 79 cumplieron los criterios de inclusión y exclusión. 11 pacientes recibieron linezolid como terapia antimicrobiana, mientras que 68 recibieron el tratamiento estándar con vancomicina o daptomicina. No se encontraron diferencias significativas en las características demográficas y clínicas entre los grupos. Los pacientes tratados

con linezolid mostraron tasas similares de cura clínica, cura microbiológica y supervivencia a los 30 días en comparación con el grupo estándar. La seguridad de ambos tratamientos fue comparable con tasas similares de eventos adversos. **Conclusiones.** En pacientes con bacteriemia por SARM el tratamiento con linezolid demostró una eficacia terapéutica similar al tratamiento estándar con vancomicina o daptomicina, sin diferencias estadísticamente significativas en los desenlaces clínicos y de seguridad.

TCP-006

Análisis de supervivencia a neuroinfección en pacientes hospitalizados en un centro de alta complejidad de Ibagué entre 2022 y 2023.

García-Zea D, Hernández C, Sánchez K, Cardenas-Londoño M. Universidad del Tolima. Ibagué.
valentina.garcia010698@gmail.com

Introducción. Las infecciones del sistema nervioso central son patologías agudas y potencialmente mortales. Las limitaciones en el diagnóstico pueden retrasar el tratamiento afectando la supervivencia del paciente. Este estudio investiga cómo el tiempo influye en la mortalidad según factores sociodemográficos y clínicos. **Materiales y métodos.** Estudio observacional analítico, de tiempo al evento de cohorte retrospectiva desarrollado en pacientes mayores de 18 años en un hospital de tercer nivel en Ibagué, Tolima entre enero del 2022 y junio del 2023 con identificación del patógeno. **Resultados.** Se analizaron 156 historias clínicas de las cuales 67 cumplieron criterios de inclusión. La edad promedio fue de 55 años, predominancia masculina (74,6%), y residencia urbana (94%). El 64% pertenecía al régimen subsidiado. Las principales comorbilidades incluyeron VIH, enfermedades cardiometabólicas y cáncer. Los síntomas más frecuentes fueron cefalea (49%), alteración de conciencia (46%) y fiebre (43%). La neurosífilis fue el diagnóstico predominante (30%). Más del 50% requirió manejo en UCI y la adherencia a guía antibiótica fue del 64,18%. La mortalidad fue del 31,3%. No estar afiliado presupone un riesgo de morir 3 veces mayor (HR:3,96, p=0,035) y adherirse a la guía de manejo disminuye en un 21% la probabilidad de morir. **Conclusiones.** La supervivencia global a 12, 36 y 60 meses fue del 90%, 66% y 46%, respectivamente, sin diferencias significativas entre los tipos de infección.

INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA

TCP-007

Uso racional de vancomicina en una unidad de cuidado intensivo neonatal en Bogotá: Experiencia del Hospital San José – Reporte preliminar.

Beltran-Echeverry M, Rodríguez N, Jaime-Barbosa J, Marín-Montoya B, Polonia J. Hospital San Jose. Bogotá.
marialuisabeltranecheverry@gmail.com

Introducción. El uso inadecuado de antibióticos en neonatos puede tener consecuencias negativas: aumento de la resistencia bacteriana, exposición a efectos secundarios innecesarios y aumento de costos en sistemas de salud. Se han creado protocolos de uso racional de los mismos para asegurar su prescripción adecuada. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte retrospectiva en neonatos con sepsis neonatal tardía atendidos antes y después de implementación de protocolo de uso racional de vancomicina. Se compararon datos demográficos, factores de riesgo para infección, aislamiento, antibióticos utilizados, tiempo de estancia hospitalaria y mortalidad; se calcularon días de terapia estandarizados por ocupación (DOT-std) en ambos grupos; datos recogidos vía REDcap y analizados con estadística descriptiva y pruebas ji-cuadrado y U Mann-Whitney mediante Stata® 17. **Resultados.** Reporte preliminar con 100 pacientes previo al inicio de aplicación del protocolo de uso racional de vancomicina y 63 de los 100 pacientes requeridos posterior a la aplicación del mismo. El grupo no expuesto tuvo DOT-std=115,1 (IC95% 52,6-177,7), mientras que el grupo expuesto tuvo DOT=33,5 (IC95% 0,7-79) con diferencia de medias de 81,7 (IC95% 4,9-158,4). No hubo aumento de desenlaces (estancia, mortalidad) ni de la incidencia de aislamientos que requiriese vancomicina. **Conclusiones.** Este estudio muestra que el uso racional de vancomicina es una estrategia segura para el manejo de recién nacidos con sepsis neonatal tardía. Y puede ser implementado en otras unidades.

TCP-008

Descripción de las características epidemiológicas y clínicas de los pacientes pediátricos con infección osteoarticular en dos hospitales de Bogotá.

Beltran M, Parra-Cardenas L, Ramirez-Pertuz D, Bachiller W, Camacho G, Soto-García J. Fundación Universitaria de Ciencias de La Salud, Hospital de San José. Bogotá.
lcparrac0314@gmail.com

Introducción. Las infecciones osteoarticulares, osteomielitis aguda (OA) y artritis séptica (AS), son causa importante de morbilidad en la población pediátrica, se busca describir el perfil epidemiológico y clínico en pacientes pediátricos con Infección osteoarticular (IOA) en dos hospitales de Bogotá. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo entre 2018 y el 2022 en pacientes de entre 0 - 18 años en dos hospitales de IV nivel de Bogotá. **Resultados.** Se incluyeron 57 eventos de IOA representados en 56 pacientes; 28 eventos corresponden a osteomielitis aguda, 17 casos a artritis séptica y 12 eventos representan tanto compromiso articular como óseo de forma concomitante. Se encontró predominio en sexo masculino, una mediana de edad de 11 años, el dolor como síntoma más frecuente, la articulación más afectada fue la cadera. A nivel paraclínico se encontró mayor elevación en marcadores inflamatorios en AS vs OM. En cuanto a imágenes, el 44% de los eventos de AS se identificó por ecografía con derrame articular. El 45% de las OM se reconocieron por RMN. El principal aislamiento microbiológico fue SAMR, respecto a la terapia antibiótica empírica se documentó el uso de oxacilina y clindamicina, frente al direccionamiento antibiótico posterior aislamiento microbiológico fue requerido en el 58% de los casos. **Conclusiones.** Las características demográficas de las IOA concuerdan, en su mayoría, con lo descrito en la literatura. Se ratificó el papel del *S. aureus* como principal agente etiológico confirmando la incidencia de patrón resistente a meticilina. Se logró puntualizar la importancia de marcadores inflamatorios principalmente VSG en el diagnóstico de IOA.

TCP-009

Caracterización de episodios de neutropenia febril en población pediátrica con enfermedad hemato-oncológica del Hospital Militar Central en los años 2017 – 2021.

Cardenas-Moron L, Mariño A, Luengas-Monroy M, Hernandez D, Guzman P. Hospital Militar Central. Bogotá.
laura_moron97@hotmail.com

Introducción. Durante el tratamiento quimioterapéutico de niños con patología oncológica se presentan alrededor de seis episodios de neutropenia febril. En nuestro medio no encontramos publicaciones que analicen la frecuencia de episodios en distintos tipos de patologías. Con este estudio se busca caracterizarlos desde el punto de vista epidemiológico y clínico. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo de corte transversal realizado en el Hospital Militar Central del 2017 al 2021 en menores de 18 años con diagnóstico oncológico que cumplan los criterios de definición de neutropenia febril. **Resultados.** Se incluyeron 82 pacientes con cáncer, que presentaron 244 episodios de neutropenia febril, con promedio de edad 7 años. El 70% tenían diagnóstico de tumores hematolinfoides, siendo más frecuente la leucemia linfoblástica. 30% tuvieron tumores sólidos. 10% presentaban recaída tumoral. La mayoría se presentaron durante la consolidación y 78% alto riesgo. Mayor número de pacientes presentaron menos de 3 y el máximo número de episodios fue de 8, en 3 pacientes. Se identificó foco infeccioso en 87%, con aislamiento microbiológico en 43%, con más frecuencia en tumores hematolinfoides que en los sólidos (88,7% vs 11,3%). 60% de los pacientes que fallecieron fue por la infección y hubo más riesgo de mortalidad en aquellos con aislamiento microbiológico. 87% de los episodios y 100% de los pacientes fallecidos tuvieron administración oportuna de antibiótico. **Conclusiones.** La neutropenia febril fue más frecuente en tumores hematolinfoides con promedio de 3 episodios. En la mitad hubo aislamiento microbiológico y foco infeccioso en casi todos.

TCP-010

Implementación clínica del sistema Filmarray® en el diagnóstico de la meningitis/encefalitis en pacientes pediátricos en tres instituciones de la costa norte de Colombia durante el 2019 - 2020.

Guardo E, Pérez-Pérez O, Barbosa V, Contreras L, Ospino T, Sánchez Z, Bettin A. Universidad Metropolitana de Barranquilla. Barranquilla.
zairasanchez2023@gmail.com

Introducción. La PCR en tiempo real permite la identificación rápida de los agentes infecciosos que puede repercutir en las decisiones clínicas. Razón por la cual, se planteó evaluar la implementación clínica del sistema FilmArray® para el diagnóstico de meningitis/encefalitis en pacientes pediátricos en tres instituciones de la Costa Norte de Colombia, durante el 2019 – 2020 **Materiales y métodos.** Estudio de corte descriptivo, en niños con diagnóstico al ingreso de meningitis/encefalitis, que se les realizó PCR múltiple en LCR (sistema FilmArray® de BioMérieux), atendidos en tres instituciones, durante el periodo 1 de junio 2019 al 31 de diciembre 2020. **Resultados.** sexo masculino el 55%, menores de 1 mes edad el 36 %, 81 % del área urbana y 70 % del estrato socioeconómico 1. Los agentes virales se aislaron con mayor frecuencia (60%) , en el 70% de los casos no se modificó la conducta con la implementación del panel M/E sistema FilmArray® y en los que se aislaron germen en LCR por este sistema; la mayoría (80%) tuvieron una estancia hospitalaria de 7 o menos días y no se presentó ningún desenlace fatal (p=0,66). En un paciente (3% de la población en estudio) se presentó desenlace fatal. **Conclusiones.** Al tener acceso a técnicas de biología molecular la mayoría de los clínicos no toman conducta con el resultado del reporte del panel M/E sistema FilmArray®. Los virus fueron con mayor frecuencia (60%) el agente etiológico de M/E infecciosa aguda, siendo el más prevalente el Enterovirus

MEDICINA TROPICAL Y PARASITOLOGÍA

TCP-011

Viabilidad de *Cryptosporidium spp.*, *Giardia sp.* y *Cyclospora cayatanensis* en muestras de agua del río Quindío, Colombia.

Lora-Suarez F, Marín B, Sierra L, Muñoz-Sánchez G, Triviño J, Gómez-Marín J. Universidad Del Quindío. Armenia.
flora@uniquindio.edu.co

Introducción. El agua es uno de los recursos básicos importantes para el desarrollo y el funcionamiento de todo sistema vivo, sin embargo, también cumple un papel importante como vehículo transportador de enfermedades infecciosas. Los protozoos parásitos como *Cryptosporidium*, *Giardia*, *Cyclospora*, *Entamoeba* y *Blastocystis* son de interés en salud pública por la generación de brotes en humanos. Por dicho motivo se planteó identificar formas resistentes viables de *Cryptosporidium spp.*, *Giardia sp.* y *Cyclospora cayatanensis* en la cuenca de abastecimiento de la ciudad de Armenia. **Materiales y métodos.** Para ello se tomaron muestras mensuales de 10 L durante un periodo de 6 meses registrando variables físico-químicas. También se realizó la identificación de la viabilidad de *Cryptosporidium spp.* y *Giardia sp.*, mediante inmunofluorescencia indirecta, y la viabilidad de *C. cayatanensis* mediante dicromato de potasio. Con el fin de correlacionar la presencia de las formas viables con las variables físico-químicas a través de un análisis multivariado **Resultados.** Se encontró que durante el periodo de muestreo de las 54 muestras analizadas de agua, 62% fueron positivas para ooquistes de *Cryptosporidium spp.*, con 52% de formas viables, 56% para ooquistes de *Giardia sp.*, con el 48% de ellas viables determinadas mediante IF, y 26% de *C. cayatanensis* siendo el 7% viables determinadas mediante dicromato de potasio, adicionalmente se obtuvo que solo la turbidez tuvo correlación estadísticamente significativa con la presencia de ooquistes de *Cryptosporidium spp.* (p= 0,023). **Conclusiones.** Las muestras ambientales de agua y basados en los métodos empleados se pueden detectar formas resistentes viables de protozoos parásitos de interés en salud pública.

TCP-012

Coinfecciones y curso clínico no usual en niños y adolescentes con dengue atendidos en una institución de salud de Bucaramanga entre 2018 al 2020.

Sosa-Avila L, Gamboa-Celis G, Adarme-Ardila N. Universidad Industrial de Santander, Clínica Materno Infantil San Luis. Clínica Foscal. Bucaramanga.
lumisosa@gmail.com

Introducción. Las coinfecciones, la fiebre persistente, y la ocurrencia de trombocitopenia, fuga capilar o daño de órganos en la fase febril, constituyen un reto en el seguimiento de los pacientes pediátricos con dengue. Objetivo: Analizar las características de los pacientes con dengue y coinfecciones o CNU, y explorar los factores asociados **Materiales y métodos.** Estudio observacional analítico de corte transversal retrospectivo a partir de revisión de historias clínicas de pacientes menores de 18 años con dengue confirmado. Se

evaluaron las características sociodemográficas, clínicas y paraclínicas, la ocurrencia de coinfecciones y CNU que incluyó análisis bivariado **Resultados.** Se incluyeron 180 pacientes, 51,1% femeninos, edad media de 7,53 años, 93,9% con signos de alarma, y 53,9% consultaron en fase febril. El CNU ocurrió en 11,1%, principalmente manifestaciones hemorrágicas y fuga capilar en fase febril, y se relacionó dengue complicado. Las coinfecciones ocurrieron en 8,3%; la más frecuente fueron las infecciones de piel y se relacionaron con falla renal y encefalopatía. Los pacientes con CNU y con coinfecciones presentaron mayor proporción de ingresos a UCI y de estancia prolongada **Conclusiones.** Los pacientes pediátricos con dengue y con coinfecciones o CNU presentan mayor riesgo de dengue grave por lo cual es importante su reconocimiento y seguimiento para mejorar los desenlaces clínicos. También se requiere investigaciones adicionales para comprender la complejidad de las interacciones entre coinfecciones, CNU y dengue

TCP-013

Western Blot y su desempeño diagnóstico para toxoplasmosis congénita: un metaanálisis.

Serna-Rivera S, Restrepo-Duque M, Arredondo-Torres J, Fandiño-Lopez J, Mosquera-Solano L, Gomez-Marín J. Universidad del Quindío. Armenia.
sebastian.sernar@uqvirtual.edu.co

Introducción. La toxoplasmosis congénita es causa de infección perinatal que puede causar hidrocefalia, calcificaciones intracerebrales y coriorretinitis. El western blot (WB) se considera la herramienta diagnóstica más sensible para el diagnóstico temprano de la toxoplasmosis congénita. El objetivo fue realizar un metaanálisis del rendimiento diagnóstico de la prueba WB para el diagnóstico precoz de la enfermedad. **Materiales y métodos.** Se realizaron búsquedas en las plataformas PubMed, Scopus y Web of Science, utilizando los términos de búsqueda: "western blot" AND "congenital toxoplasmosis". La búsqueda se realizó hasta el 19 de abril 2023. Los criterios de inclusión fueron estudios de casos y controles que compararon el desempeño de la prueba de WB con la permanencia de IgG después de los 10 meses de edad. Los datos se organizaron en una tabla de síntesis de evidencia y se calcularon la sensibilidad y especificidad ponderadas y el índice de Razón de Probabilidades Diagnósticas (DOR) ponderado. **Resultados.** Se encontraron 44 artículos relacionados con los términos de búsqueda, de los cuales 10 cumplieron con los criterios de inclusión. El ensayo de WB tuvo una sensibilidad agrupada de 93,8% (IC 95%:79,2-98,4) y una especificidad agrupada de 96,6% (IC 95%: 89,8-98,9) para el diagnóstico de toxoplasmosis congénita. El DOR fue superior a 300 en seis de los 10 estudios. Se obtuvo un DOR menor (1,2) utilizando pruebas caseras. **Conclusiones.** Este metaanálisis respalda el uso de pruebas de western blot bien estandarizadas como un método eficaz para diagnosticar la toxoplasmosis congénita en términos de sensibilidad y especificidad.

TCP-014

Descripción del aporte de un software a la lectura del western blot para el diagnóstico de toxoplasmosis congénita en el primer mes de vida.

Restrepo-Duque M, Arredondo-Torres J, Fandiño-López J, Mosquera-Solano L, Serna-Rivera S, Gómez-Marín J. Universidad del Quindío. Quimbaya.
mariaa.restrepod@uqvirtual.edu.co

Introducción. La toxoplasmosis congénita es una infección generada por *Toxoplasma gondii* y transmitida durante el embarazo. Sin embargo, hasta un 40% de los niños con infección no tienen los marcadores usuales que permiten el diagnóstico temprano, a pesar de que el western blot es la prueba de referencia, su análisis es subjetivo dado que es lector-dependiente. Por lo anterior se busca describir el desempeño del programa Gelanalyzer versión 19.1, cuantificando la presencia de proteínas detectadas por western blot para el diagnóstico de toxoplasmosis congénita, comparando las bandas madre-hijo y diferenciándolas por su peso molecular. **Materiales y métodos.** Se eligieron tiras de western blot de sueros del primer mes de vida de 15 casos y 5 controles reportados en la literatura y del centro de salud de la Universidad del Quindío. Se definió como caso: a) Persistencia de IgM/IgA luego del día 10 de vida, b) Madre con anticuerpos IgG e IgM positivos y neonato con IgG positiva más síntomas, c) No descenso de IgG en seguimiento. En el análisis, GelAnalyzer se halló la distancia de migración relativa permitiendo calcular el peso mole-

cular de las proteínas presentes en ambos sueros, evidenciándose neobandas. **Resultados.** La comparación de perfiles inmunológicos entre madre-hijo para IgG identificó el 80% de casos de infección congénita. En promedio se presentaron 3 neobandas siendo de mayor frecuencia las proteínas de 49, 72, y 97-98 kDa. **Conclusiones.** El uso del software incrementó la sensibilidad y la especificidad de la prueba (80% y 100% respectivamente) en contraste con la sensibilidad sin el programa (73,4%).

MICOBACTERIAS

TCP-015

Caracterización fenotípica y molecular de colonias de *Mycobacterium tuberculosis* resistentes a D-cicloserina seleccionadas *in vitro*.

Osorio A, Realpe T, Álvarez N, Hurtado U, Robledo J. Centro de Investigaciones Biológicas, Universidad Pontificia Bolivariana. Itagüí. trealpe@cib.org.co

Introducción. D-cicloserina (DCS) es un antibiótico de amplio espectro utilizado en el tratamiento de segunda línea contra *Mycobacterium tuberculosis* (MTB). DCS inhibe la síntesis de pared celular, no presenta resistencia cruzada con otros fármacos, es de amplia distribución y facilidad de absorción. Los mecanismos de resistencia en MTB no se entienden bien. El objetivo fue investigar determinantes genéticos de resistencia a DCS generando mutantes de MTB e identificando variantes genómicas asociadas a resistencia utilizando secuenciación del genoma completo. **Materiales y métodos.** Se realizaron ensayos de generación *in vitro* de mutantes espontáneos resistentes a DCS a partir de la cepa MTB H37Rv ATCC 27294 crecida en Middlebrook 7H10 suplementado con OADC y concentraciones de 30, 40, 50 y 60 mg/L de DCS. Se seleccionaron 13 colonias mutantes con resistencia fenotípica a las que se les secuenció su genoma completo en búsqueda de mutaciones. **Resultados.** La mayoría de las mutaciones crecieron bajo una concentración que varió entre 15 y 25 mg/L de DCS. Se evidenciaron mutaciones en *alr* (Rv3423c), consistentes con la literatura reportada previamente. Se hallaron nuevas variantes en los genes Rv0014c, Rv0447c, Rv 1087 y Rv 1534 directamente asociados con la vía de la alanina, pared celular y aislamientos MDR, posiblemente relacionadas con la resistencia a DCS. **Conclusiones.** Las variantes génicas encontradas en las colonias evaluadas pueden tener relación con la resistencia a DCS, las variantes en el gen *alr* están relacionadas con una CIM más alta y, por ende, soporta su asociación con la resistencia a DCS. Financiación: Minciencias. Código 221389666216.

TCP-016

Identification of genetic variants in spontaneous *in vitro* mutants of *Mycobacterium tuberculosis* H37Rv resistant to meropenem/clavulanic acid.

Gómez M, Realpe T, Álvarez N, Hurtado U, Robledo J. Centro de Investigaciones Biológicas, Universidad Pontificia Bolivariana. Itagüí. trealpe@cib.org.co

Introduction. Resistant tuberculosis is a widespread problem and new treatment alternatives such as β -lactams are needed to fight the problem and it is imperative to know the genetic mechanisms used by mycobacteria to generate resistance. The objective was to identify genetic variants in spontaneous mutants generated *in vitro* resistant to meropenem/clavulanic acid, using the reference strain MTB-H37Rv. **Materials and methods.** Colonies resistant to meropenem/clavulanic-acid were selected, genomic DNA were sequencing using Illumina® technology. Genetic variants associated with resistance to meropenem/clavulanic acid, compared with those found in the reference strain MTB-H37Rv. **Results.** We found 14 spontaneous resistant mutant colonies. Mutations in genes including *phoP*, and the *pknB* were detected. Additionally, we identified other genes, such as *murA*, which is involved in peptidoglycan formation, and the Rv0876c gene, previously described as playing a role in the cell wall and cellular processes of mycobacteria. **Conclusions.** Resistance to meropenem/clavulanic-acid is due to complex genetic processes, because mutations in cell wall biosynthesis and beta-lactamase activity are rare. There are other pathways that affect resistance to beta-lactams that include regulatory genes *phoP/phoR* and the kinases, and the *PknA* and *PknB*. More research is required on the role of carbapenems for the treatment of MDR-TB, in conjunction with WHO considerations.

MICOLOGÍA

TCP-017

Caracterización de la respuesta inmune *in situ* en mucosa vaginal de pacientes con candidiasis vulvovaginal recurrente.

Coonsuegra-Asprilla J, Chaverra-Osorio M, Torres B, Cabrera Chingal Y, Mancera-Mieles A, Rodríguez-Echeverri C, Gómez B, Gonzalez A. Universidad de Antioquia, Universidad del Rosario. Medellín. angel.gonzalez@udea.edu.co

Introducción. La inmunopatogénesis de la candidiasis vulvovaginal recurrente (CVVR) es poco conocida. Recientemente se reportó que pacientes con CVVR presentan una disminución tanto en la capacidad fungicida de neutrófilos como en la capacidad proliferativa de células mononucleares de sangre periférica en respuesta a la infección por *Candida spp.*, lo que sugiere alteraciones en la respuesta inmune innata y adaptativa. El objetivo de este estudio fue determinar la expresión *in situ*, en mucosa vaginal, de genes asociados con la respuesta inmune, así como las concentraciones séricas de dectina-1, lectina de unión a manosa (MBL) y vitamina D en pacientes con CVVR. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio en 40 pacientes con diagnóstico de CVVR y 26 mujeres sanas. Se obtuvieron raspados vaginales y se evaluó la expresión, mediante qPCR, de genes que codifican para citoquinas y factores de transcripción específicos para los perfiles Th1, Th2, Th17, Treg, proinflamatorios y enzimas relacionadas con mecanismos oxidativos/microbicidas. Adicionalmente se determinaron, mediante ELISA, los niveles séricos de vitamina D y de los receptores solubles dectina-1 (Dect-1) y lectina de unión a manosa (MBL). **Resultados.** En pacientes con CVVR se observó una expresión disminuida de T-bet, ROR γ -T, IL-1 β e IL-17, un aumento en la expresión de FOXP3, IL-4, IL-8, IL-10 e IL-18 y niveles disminuidos de MBL en comparación con las mujeres sanas. **Conclusiones.** Estos resultados confirman que las pacientes con CVVR presentan alteraciones tanto en la respuesta inmune específica como en la adaptativa contra *Candida spp.* a nivel de la mucosa vaginal.

TCP-018

Características clínicas, microbiológicas y desenlaces de la candidiasis invasora en adultos en un hospital de alta complejidad.

Salinas-Cesar A, Castro-Fuentes M, Molano-Gonzalez N, Pérez-Franco J. Universidad del Rosario. Fundación Cardioinfantil. Cali. alexander.salinas@urosario.edu.co

Introducción. La candidiasis invasora es una infección grave asociada a la atención de la salud y con alta mortalidad generada por *Candida spp.* El objetivo del estudio es determinar las características clínicas microbiológicas y desenlaces de la infección invasora por *Candida spp.* en pacientes mayores de 18 años hospitalizados en la Fundación Cardio infantil de Bogotá en el periodo comprendido entre 2013 y 2020. **Materiales y métodos.** Es un estudio observacional descriptivo, retrospectivo y transversal, involucrando 8 años, de 2013 a 2020. **Resultados.** 253 episodios de candidiasis invasora fueron identificados, 45% mujeres con una mediana en edad de 62 años (49-79). Las infecciones mayormente fueron candidemia 67%, infección intraabdominal 37%, endocarditis y mediastinitis 6%. *C. albicans* (49%), *C. glabrata* (16%), *C. tropicalis* (13%), *C. parapsilosis* (11%) y *C. krusei* (6%) fueron los principales agentes. En la mayoría hubo sensibilidad a los antifúngicos. El 38% de *C. parapsilosis* fueron resistentes a fluconazol. La mortalidad fue 49% más alta en *C. glabrata* (57%) y *C. krusei* (73%). Los factores asociados a mortalidad fueron uso previo de catéter venoso central (OR 2,07; IC 95% 1,24 -3,46), uso previo de catéter de hemodiálisis (OR 2,11; IC 95% 1,15-3,87), inmunosupresión por esteroides (OR 3,33; IC 95% 1,85-6) y por otros medicamentos (OR 2,07; IC 95% 1,08-3,98). **Conclusiones.** La candidiasis invasora va en aumento conllevando a gran mortalidad y con una tendencia creciente de las especies *Candida* no *albicans*.

TCP-019

Sinergia Antifúngica: Explorando el mecanismo de acción de la combinación de extractos vegetales y péptidos sintéticos como potentes alternativas terapéuticas contra *Candida spp.*

Vargas-Casanova Y, Bravo-Chaucanés C, De La Cámara-Fuentes S, Modesti-Costa G, Gil C, Monteoliva L, Martínez-Lopez R, Rivera-Monroy Z, García-Castañeda J Parra-Giraldo C. Pontificia Universidad Javeriana, Universidad Complutense de Madrid, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá. y.vargasc@javeriana.edu.co

Introducción. Existe una problemática para el tratamiento de *Candida spp.* Como una posible solución, previamente se reportó que el péptido R-1-R, exhibió actividad anti-Candida y su actividad fue potenciada con la combinación con un extracto de *Bidens pilosa*, sin embargo, el mecanismo de acción no ha sido dilucidado. En la presente investigación se evaluó el posible mecanismo de R-1-R y su combinación con el extracto de *B. pilosa* contra *C. albicans*. **Materiales y métodos.** Un estudio proteómico fue realizado, seguido por un análisis bioinformático, cuyos resultados fueron validados con ensayos biológicos, en dos cepas de *C. albicans*, SC5314 y un aislado resistente a fluconazol. **Resultados.** Los datos proteómicos mostraron que, después del tratamiento con R-1-R contra las dos cepas de estudio, la mayoría de las proteínas diferencialmente expresadas fueron reguladas positivamente. Estas proteínas, estuvieron relacionadas con biosíntesis de pared y membrana celular, transportadores de membrana, estrés oxidativo, cadena respiratoria mitocondrial y respuesta al daño de DNA. Adicionalmente, el análisis proteómico con la cepa SC5314 tratado con R-1-R combinado con el extracto de *B. pilosa* mostró que las proteínas diferencialmente expresadas, estuvieron relacionadas en procesos funcionales similares a lo encontrado para R-1-R, pero a diferentes niveles y estuvieron reguladas a la baja. Estos resultados fueron validados con ensayos biológicos, evidenciando permeabilización de la superficie celular, generación de ROS y disfunción mitocondrial. **Conclusiones.** Los resultados confirman que la combinación de R-1-R y el extracto, son una estrategia para tratar *Candida spp.*, sensible y resistente a antifúngicos y aportan información sobre su complejo modo de acción.

TCP-020

Candidemia en 3 instituciones de alta complejidad de Bogotá (Colombia) 2017-2021 Cohorte retrospectiva.

Sánchez-Pardo S, Mora-Robayo E, Martínez-García A, Hernández S, Cortés-Fraile G, Valderrama-Beltrán S. Pontificia Universidad Javeriana, Unisanitas, Hospital Universitario San Ignacio. Bogotá. sasanchez21@hotmail.com

Introducción. La candidiasis es la infección producida por las levaduras del género *Cándida spp.* La infección del torrente sanguíneo o candidemia es la manifestación más común. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo y multicéntrico tipo cohorte histórica. **Resultados.** Se revisaron 163 historias clínicas, se excluyeron 22 con un total de 141 pacientes para el análisis final. La mediana de edad fue 59 años RIQ (47-68) y la estancia hospitalaria promedio fue de 42,7 días. La mortalidad se presentó en el 49,6%. Las especies aisladas fueron: *C. albicans* 58,9%, *C. tropicalis* 14,9%, *C. parasilopsis* 10,6%, *C. glabrata* 8,5%, *C. auris* 3,5%, *C. krusei* 1,4% y finalmente las especies *C. kefyr*, *C. lusitanae* y *C. dublinensis* cada una con único aislamiento. *Cándida albicans* mostró un perfil de sensibilidad a fluconazol y caspofungina de (100%) al igual que *C. dublinensis*. La neutropenia y el uso de inhibidores de TNF-alfa se relacionaron con mortalidad OR 4,62 (IC 1,39-15,35 p=0,0162) y OR 9,46 (IC 1,11-80,85 p=0,0389). La incidencia acumulada para el periodo de estudio fue de 0,47 y 0,49 /1000 egresos hospitalarios en 2 de las 3 instituciones. **Conclusiones.** La candidemia continúa siendo una condición de baja incidencia, pero que conlleva una gran mortalidad especialmente en aquellos pacientes con condiciones de inmunosupresión o críticamente enfermos.

TCP-021

Características clínicas, microbiológicas e imagenológicas de las infecciones fúngicas invasoras en pacientes críticamente enfermos no hematológicos de una institución de alta complejidad en la ciudad de Bogotá.

Niquefa-Velásquez J, Nocua-Baez L, Meléndez Rhenals S, Saavedra-Trujillo C. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá. niquefa10@gmail.com

Introducción. Describir las características clínicas, microbiológicas e imagenológicas de los pacientes críticamente enfermos sin neoplasias hematológicas con enfermedad fúngica invasora probada. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, los pacientes admitidos a la UCI, con diagnóstico de infección fúngica invasora EFI comprobada no hematológicos en el hospital universitario nacional entre el 01 de enero del 2016 y el 1 de enero de 2022. **Resultados.** Un total de 85 pacientes hacen parte del análisis de este estudio. 37 (43,5%) egresaron vivos y 48 (56,5%) fallecieron en la estancia hospitalaria.

57 (67,1%) pacientes eran de Bogotá y 28 (32,9%) venían remitidos de otras regiones del país. Entre las 72 personas con diagnóstico de EFI con cultivo positivo, el germen con mayor proporción de diagnóstico fue *C. albicans* (36,1%), seguido de *C. glabrata* (15,3%) y *C. tropicalis* (13,9%). Del total de pacientes, 12 (14,1%) tenían infección por VIH, mientras que los otros 73 pacientes (85,9%) no tenían la infección. El 100% de los VIH+ tenían conteo de CD4 menor a 200 cel/uL, 5 de estos presentaron criptococosis meníngea, 7 pacientes tuvieron histoplasmosis diseminada. **Conclusiones.** La candidemia es la EFI más común entre los pacientes críticamente sin neoplasias hematológicas seguida de la peritonitis terciaria. La incidencia de EFI aumentó en el periodo de pandemia COVID 19, probablemente en relación a los factores de riesgo con los que cursan los pacientes con neumonía severa por SARS COV 2, sin poder descartar el riesgo que trae consigo la inmunosupresión por la infección y el manejo con esteroides.

TCP-022

Características epidemiológicas, clínicas de pacientes con enfermedad fúngica invasora en un hospital de tercer nivel en Medellín en el periodo 2014-2020.

Barrera-Escobar S, Padierna-Espinosa S, Villegas-Marin M, Jaramillo-Montoya S, Velasquez-Rojas M, Zapata-Lopez V, Betancur-Vargas E, Aguirre-Rueda M, Rincon D, Jimenez-Alzate M, Trompa-Romero I. Universidad de Antioquia, Fundación Antioqueña de Infectología, Hospital Alma Máter de Antioquia. Medellín. sbe_439@hotmail.com

Introducción. La enfermedad fúngica invasiva (EFI) ha presentado un reto tanto de diagnóstico como de tratamiento con un aumento de su incidencia a nivel mundial. Dado el uso cada vez más extendido de inmunosupresores y procedimientos invasivos, se hace necesario conocer el perfil clínico de los pacientes expuestos a este tipo de infecciones. **Materiales y métodos.** Realizamos un estudio observacional de tipo descriptivo y de corte transversal. **Resultados.** Se incluyeron 252 historias clínicas en este estudio, 62,8% hombres, 89,9% de los pacientes tenían por lo menos una comorbilidad asociada con riesgo de EFI como infección por VIH en un 31,2%, neoplasia hematológica/trasplante de progenitores hematopoyéticos en el 23,2%; EFI probada en el 76,6%, EFI probable en el 12,2% y EFI posible en 10,6%. El 42,3% de los pacientes fallecieron. Los agentes etiológicos más comunes fueron *Candida spp.* en el 32,4%, *Aspergillus spp.* (n= 61, 24,1%) e *Histoplasma capsulatum* (n= 58, 22,9%), por su parte el síntoma más común fue la fiebre y el hallazgo imagenológico más frecuente fue la presencia de enfermedad nodular/micro nodular en tomografía de tórax. **Conclusiones.** La EFI es una enfermedad no tan infrecuente, el principal agente etiológico *Cándida*, la presentación clínica más frecuente la fiebre y la presentación radiológica más común la enfermedad nodular en tomografía de tórax.

TCP-023

Comparación del Candida Score, Score de Ostrosky-Zeichner y Nebraska Medical Center Rule para el diagnóstico de candidemia en pacientes en un hospital de la ciudad de Medellín, Colombia.

Salgado-Montiel L, Cuadrado-Cano B, Berrio-Medina I. Universidad de Cartagena, Hospital General De Medellín, Luz Castro De Gutierrez ESE. Cartagena. luisgsalgado@hotmail.com

Introducción. Las reglas de predicción de Candidemia ayudan a identificar pacientes que se beneficiarían de tratamiento antifúngico empírico. Se comparó el rendimiento diagnóstico del Candida Score, Score de Ostrosky-Zeichner y el Nebraska Medical Center Rule (NMCR) para diagnóstico de candidemia. **Materiales y métodos.** Estudio observacional analítico tipo prueba diagnóstica. Se incluyeron pacientes mayores de 18 años con diagnóstico de Candidemia de un hospital de la ciudad de Medellín entre enero de 2018 y diciembre de 2023. Se evaluó el rendimiento diagnóstico de cada regla de predicción. **Resultados.** 63 casos de Candidemia con sus controles emparejados por edad, y sexo. Mediana de edad 61,7 años, 65% sexo masculino. En orden de frecuencia se aisló *Candida albicans*, *Candida tropicalis* y *Nakaseomyces glabrata*. El grupo con candidemia tenía mayor uso previo de antibióticos (96,8% vs. 76,2% p=0,001), catéter venoso central (85,7% vs. 60,3% p= 0,0002), catéter

de hemodiálisis (25,4% vs. 6,3% $p=0,006$), y mayor estancia hospitalaria previa (79,4% vs. 55,6 $p=0,007$). El NMCR demostró el mejor rendimiento diagnóstico con sensibilidad, especificidad, valores predictivos positivos y negativos e índices de verosimilitud positivos y negativos de 73%, 74,6%, 74,2%, 73,4%, 2,92 y 0,36. En el análisis cuantitativo el AUC para esta regla de predicción fue de 0,721, seguido por el score de Ostrosky-Zeichner con 0,708. **Conclusiones.** El NMCR muestra el mejor rendimiento diagnóstico con una concordancia moderada. En poblaciones similares a la estudiada esta regla de predicción sería la de mayor utilidad en el momento de discriminar a pacientes con alta probabilidad de candidemia que se beneficien de terapia antifúngica empírica.

OTROS TÓPICOS

TCP-024

Enzimas derivadas de bacteriófagos como alternativa para el problema de la resistencia en *S. aureus* y *K. pneumoniae*.

Lozano D, Acosta A. Universidad Simón Bolívar. Barranquilla.
 dayan.lozano@unisimon.edu.co

Introducción. *K. pneumoniae* y *S. aureus* son patógenos que por su alta resistencia son considerados por la OMS como "problemas sanitarios urgentes de dimensión mundial". Razón por lo que se ha instado a desarrollar enfoques alternativos para combatir estas infecciones. En este contexto, los bacteriófagos y sus enzimas Depolimerasas, han surgido como una prometedora estrategia para abordar esta problemática. Analizar las enzimas de polimerasas derivadas de los bacteriófagos Baq KPR2 de *K. pneumoniae* y BaqSau1 de *S. aureus*. El objetivo de este trabajo fue analizar las enzimas depolimerasas derivadas de los bacteriófagos Baq KPR2 de *K. pneumoniae* y BaqSau1 de *S. aureus* **Materiales y métodos.** 1. Se realizó el aislamiento de los bacteriófagos a partir de aguas residuales mediante la técnica de doble capa agarizada en medio LB suplementado con CaCl₂ y posterior caracterización microbiológica y genómica. 2. Se realizó el análisis *in silico* mediante la determinación de la interacción molecular por docking proteína - ligando de las enzimas depolimerasas de los bacteriófagos Baq KPR2 y BaqSau1. **Resultados.** Se identificó que BaqSau1 posee una lisina que posee dos dominios catalítico CHAP y Amidasa, que actúan de forma cooperativa para degradar el peptidoglicano mediante acción de tipo amidasa escindiendo el enlace amida del enlace glicopeptídico. Por su parte el BaqKPR posee un dominio depolimerasa ubicado en la proteína de la punta de la cola con una fuerte reacción depolimerasa de polisacárido capsular. **Conclusiones.** Proponemos dos nuevos bacteriófagos que codifican enzimas líticas que pueden ser de gran utilidad para el control de la resistencia antimicrobiana en *S. aureus* y *K. pneumoniae*

TCP-025

Efecto de los inhibidores de la bomba de protones sobre la fisiología de *Helicobacter pylori*.

Blandon-Arias V, Ospina-Gil A. Universidad de Antioquia. Medellín.
 vanesa.blandon@udea.edu.co

Introducción. *Helicobacter pylori* es un bacilo gramnegativo que coloniza la mucosa gástrica e infecta a más de la mitad de la población mundial. El tratamiento consta de dos antibióticos y un inhibidor de la bomba de protones que favorece la replicación de la bacteria y potencia la actividad de los antibióticos. A pesar de la importancia del uso de los inhibidores de la bomba de protones en la terapia contra *Helicobacter pylori*, aún no son precisos los mecanismos por los cuales estos medicamentos ejercen un efecto sobre la fisiología de la bacteria. **Materiales y métodos.** Se realizó una búsqueda de bibliografía en PubMed, Sciencedirect y LILACS. Se incluyeron artículos originales con metodología *in vitro* e *in vivo* publicados en todos los idiomas **Resultados.** Los inhibidores de la bomba de protones y su forma sulfenamida tienen efectos en *Helicobacter pylori*, incluyendo la inducción de cambios estructurales, la inhibición del crecimiento bacteriano, la interferencia con enzimas como la ureasa, ATPasas y alcohol deshidrogenasa. **Conclusiones.** La unión de la forma sulfenamida de los inhibidores de la bomba de protones a componentes estructurales y enzimáticos bacterianos demostró ser el principal mecanismo por el que se altera la fisiología de *Helicobacter pylori in vitro*. A pesar de esto, en los estudios *in vivo* no se precisan los mecanismos por los que estos fármacos inducen alteraciones en la bacteria.

PROA

TCP-026

Penicillin allergy risk characterization based on a measuring algorithm in a high complexity clinic in Medellín 2023-2024.

Osorio-Velásquez I, Ortiz-Urrea J, Holguín-Yepes H, Contreras-Martínez H, Ramírez-González B. Universidad CES, Clínica Medellín Sede Occidente. Medellín.
 osorio.isabel@uces.edu.co

Introduction. Worldwide, 10-20% of the population report penicillin allergies, yet over 90% of the allergic population tolerate treatment, suggesting misdiagnosis due to the loss of IgE-mediated labels over time, requiring exploration of algorithms to predict low-risk patients when diagnostic tests are unavailable. We aim to characterize a population in a high-complexity Clinic in the city of Medellín according to the risk of penicillin allergy they present. **Materials and methods.** A single-center cross-sectional observational design was conducted in Clínica de Medellín Sede Occidente from October 2023 to March 2024. A survey based on the PEN-FAST criteria, an algorithm showing ability to predict the risk of presenting a positive penicillin allergy test, was developed and executed to gather clinical and sociodemographic data. Patients reporting an allergy to penicillin "older than 18 years old, conscious and with a health state that enabled them to communicate freely were then categorized according to the exhibited risk. **Results.** Finally, 48 patients were enrolled and proceeded with the questionnaire. 31 patients were female (64,6%) and the median age was 70 years (IQR 12,5). Applying the PEN-FAST score, patients were categorized as "Very Low Risk" with Score 0 (n=29, 60,4%). "Low risk" with Score 1 (n=12, 25%) and Score 2 (n=4, 8,3%). "Moderate Risk" with Score 3 (n=2, 4,2%) and "High Risk" with Score 5 (n=1, 2,1%). **Conclusions.** 93,7% of the patients, categorized as presenting "Very Low Risk" and "Low Risk" allergies, could eventually undergo oral penicillin challenge to be safely delabelled.

Resistencia bacteriana

TCP-027

Cócteles de bacteriófagos con alta especificidad contra clones de alto riesgo de *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos: descripción de características biológicas y estructurales promisorias para su aplicación.

Tellez-Carrasquilla S, Salazar-Ospina L, Jiménez-Quiceno N. Grupo de investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA), Escuela de Microbiología-Universidad de Antioquia. Bello.
 sara.tellez@udea.edu.co

Introducción. Ante la preocupante diseminación de *Klebsiella pneumoniae* resistente a los carbapenémicos (KPRC), los bacteriófagos resurgen como una alternativa de control. Este trabajo describe la caracterización y evaluación de bacteriófagos frente a KPRC de alto riesgo, necesarias para su posterior aplicación. **Materiales y métodos.** Estudio experimental. Los bacteriófagos se aislaron a partir de muestras de agua residual. La caracterización de los bacteriófagos incluyó rango de hospedero, eficiencia de plaqueo (EOP), curva de infección, curva de un paso, estabilidad de los bacteriófagos a diferentes condiciones de temperatura y pH, microscopía electrónica y secuenciación del genoma completo. **Resultados.** Se aislaron 5 bacteriófagos activos contra KPRC pertenecientes al GC258 y al ST307, que contaban con especificidad de género del 100% y una actividad contra *K. pneumoniae* entre el 16% y el 21%, no obstante, el uso de cócteles incrementó su actividad contra el 85,7% (n=36/42) de las cepas del GC258 y del ST307. Los bacteriófagos de este cóctel infectaron eficientemente a otros aislados (EOP $\geq 0,5$), inhibieron el crecimiento bacteriano hasta en un 73,5% a una multiplicidad de infección de 1 durante 12 horas y presentaron ciclos de replicación cortos. Así mismo, por microscopía electrónica y secuenciación se determinó que pertenecían a la clase Caudoviricetes y no presentaban genes de resistencia a antibióticos ni de factores de virulencia en sus genomas. **Conclusiones.** La utilización de cócteles de fagos evidenció una alta especificidad contra KPRC pertenecientes a clones exitosos como el GC258 y el ST307, además con características promisorias que respaldan su potencial aplicación en el escenario clínico y ambiental. MINCIENCIAS 111589785393.

VACUNACIÓN

TCP-028

Percepciones y factores relacionados con la aceptación o rechazo a la vacuna contra la COVID-19 para el desarrollo de una estrategia de intervención psicoeducativa.

Valderrama-Orbegozo L, Tesfamariam-Ortega M, Ramirez-Lasprilla L, Arce-Leonel D, Ortiz-Yañez J. Centro de Estudios en Infectología Pediátrica. Cali.

laura.valderrama@ceiponline.org

Introducción. Sin duda la pandemia por COVID 19 trajo innumerables cambios para la humanidad y sus dinámicas, impactó todos los sectores y aún en la actualidad es un asunto de salud pública. Se reconoce que la vacunación promovió la mitigación de sus efectos, sin embargo, aún persisten barreras que minimizan la adherencia. **Materiales y métodos.** De esta manera, el presente estudio buscó analizar las percepciones y factores asociados con la aceptación o rechazo de la vacuna en ocho ciudades de Colombia, con el propósito de desarrollar una estrategia de intervención psicoeducativa. Participaron 3.384 personas mayores de edad, bajo un tipo de estudio mixto, utilizando la escala DESVAAC (*Descriptive Scale of Vaccination Acceptance Against COVID-19*) definida por Valderrama, Jaramillo, Ramírez y Tesfamariam en 2022, y sesiones de grupos focales, tanto en zona rural como urbana. **Resultados.** Se encontró que la mayoría de la población se vacunó debido a la obligatoriedad y solo el 11,3% tenía alta intención de seguir vacunándose contra la COVID-19. Además, se identificó un desconocimiento general sobre las vacunas, sus procesos de elaboración y se percibió un impacto negativo en la salud física y mental. Las creencias sociales, los medios de comunicación y las prácticas culturales y espirituales se priorizaron por encima de la vacunación. También se observaron dificultades en la coordinación entre entidades gubernamentales y la comunidad, así como confusiones y desinformación debido a contradicciones en el liderazgo. **Conclusiones.** El estudio reveló falta de capacitación del personal de salud y deficiencias en la infraestructura sanitaria. Para promover la vacunación se diseñó e implementó el curso VACTívate.

TCP-029

Vacuna RBD trimérica contra SARS-CoV-2 muestra un posible modelo de gestión para el fortalecimiento de la soberanía biotecnológica en los países en desarrollo.

Flórez L, Echeverri D, Calderón A, Serrano H, Martínez C, Guzmán C, Gastelbondo B, Arrieta G, Arteta A, Márquez T, Rivero R. Universidad de Córdoba, Instituto Colombiano de Medicina Tropical-universidad CES, Grupo de Investigaciones en Patología, Universidad de Antioquia. San Pelayo.

lafg1197@gmail.com

Introducción. Aunque más de la mitad de la población mundial ya está vacunada contra la COVID-19, la aparición de nuevas variantes pone en riesgo la salud pública. La generación de nuevos inmunógenos contra el virus es una estrategia importante en el control de brotes de importancia. **Materiales y métodos.** Estudio preclínico en el cual se diseñó *in silico* un trímico del antígeno RBD (318-541) con la información de las variantes Beta (B.1.351), Ómicron (BA.5) y Wuhan 1. El péptido se sintetizó como candidato vacunal y antígeno para la detección de anticuerpos específicos (ELISA) contra RBD de SARS-CoV-2. Para los ensayos experimentales se inmunizaron 63 ratones BALB/c divididos en 3 grupos: control (n=15), coadyuvante (n=15) y trímico RBD (n=33). **Resultados.** El 81% (13/16), el 90% (9/10) y el 85% (6/7) de los ratones de los BALB/c se convirtieron cuando recibieron una dosis, dos y tres dosis, respectivamente. Se encontraron diferencias estadísticas significativas ($p=0,05$) entre los grupos que recibieron diferentes dosis del candidato vacunal. No se mostraron cambios inflamatorios ni celulares en la evaluación anatomopatológica de los ratones. **Conclusiones.** La aplicación del candidato vacunal RBD trimérico en ratones BALB/c resultó segura e inmunogénica contra SARS-CoV-2. El prototipo ELISA *in house* fue eficaz para la detección de anticuerpos específicos. Este estudio muestra avances hacia la soberanía biotecnológica de Colombia y fortalecimiento contra futuros brotes.

TCP-030 Pasa a ser OFC-001 ver sesión oral de VIH jueves 2:00 a 4:00 p.m.

TCP-031

Recordando el viejo síndrome de "AIDS-phobia" después de 40 años de epidemia: una serie de casos.

Forero-Peña D, Soto-Ávila L, Regalado-Gutiérrez O, Carrión-Nessi F, Flora-Noda D, Omaña-Ávila O, Escalante-Pérez I, Erimee G, Guevara N, Carballo M, Maricuto A, Camejo N, Morantes C, Miguel D, Instituto de Investigación Biomédica y Vacunas Terapéuticas, Escuela De Medicina «Luis Razetti» - Universidad Central de Venezuela, Servicio de Enfermedades Infecciosas del Adulto, Hospital Universitario de Caracas, Departamento de Psiquiatría- Universidad Central de Venezuela. Caracas.

orianaregalado.g@gmail.com

Introducción. La fobia al VIH/SIDA es el miedo persistente e irracional a contraer la infección a pesar de que la evidencia demuestre lo contrario. Fue descrita por primera vez en 1983 por el psiquiatra Edgar Freed quien introdujo el término «AIDS-phobia». A pesar de haber transcurrido más de 40 años, de la epidemia de VIH y de los avances terapéuticos, el estigma y el desconocimiento sobre la enfermedad persisten. Esto potencialmente contribuye a la progresión de este síndrome. **Materiales y métodos.** Esta es una serie de casos de pacientes con ideas persistentes relacionadas al contagio de VIH que acudieron al Departamento de Enfermedades Infecciosas del Adulto del Hospital Universitario de Caracas entre marzo y mayo de 2024. **Resultados.** Se evaluaron once pacientes con ideas fijas relacionadas al miedo de contagiarse de VIH tras una o varias exposiciones sexuales de riesgo. Todos los pacientes presentaron ansiedad e insomnio y reportaron síntomas como odinofagia (n = 7/11), aftas orales (n = 5/11), pérdida de peso (n = 4/11) y lesiones cutáneas (n = 2/11). En promedio, estos pacientes se sometieron a $9,6 \pm 4$ pruebas diagnósticas de VIH. Cuatro recibieron profilaxis post-exposición (PEP) por prescripción médica y uno se auto medicó con antirretrovirales. Solo dos pacientes recibieron evaluación psiquiátrica y dos se automedicaron con psicofármacos. Ninguno de los pacientes ha presentado una evolución satisfactoria. **Conclusiones.** El comportamiento clínico de nuestra serie de casos sugiere indiferencia, por los médicos especialistas, así como el uso indiscriminado de antirretrovirales. Se necesitan estudios que evalúen su pronóstico y la efectividad de los tratamientos.

TCP-032

Revisión Sistemática de la Investigación sobre VIH en Venezuela: Lagunas y Oportunidades.

Morgado J, Medina M, Carrión-Nessi F, Guevara R, Carballo M, Torres J, Forero-Peña D. Escuela de Medicina «Luis Razetti» - Universidad Central de Venezuela, Hospital Universitario de Caracas, Instituto De Medicina Tropical, Universidad Central de Venezuela. El Hatillo.

jesusmorgadoportillo@gmail.com

Introducción. Durante la última década Venezuela ha experimentado una crisis política y económica que ha erosionado su infraestructura sanitaria. Esto ha limitado la calidad de atención y la capacidad de respuesta a enfermedades infecciosas como la malaria, la tuberculosis y el virus de inmunodeficiencia humana (VIH). Esta crisis no solo amenaza el progreso hacia el objetivo 95-95-95 de ONUSIDA sino que ha obstaculizado el progreso de la investigación científica en VIH. Se desconoce el estado del arte de la investigación en VIH en Venezuela. **Materiales y métodos.** Revisión sistemática de la producción científica sobre el VIH en Venezuela usando PubMed, Scopus y la Biblioteca Virtual en Salud de enero de 2003 hasta agosto de 2023. Se excluyeron del análisis, comentarios o editoriales, revisiones sistemáticas, narrativas y reportes de casos. **Resultados.** De un total de 683 artículos identificados, 91 (13,3%) fueron incluidos. La mayoría de los estudios se centraban en el comportamiento clínico (55,4%), seguidos por aquellos relacionados con la terapia antirretroviral (11,9%), estudios en pacientes pediátricos (9,7%), y comportamiento epidemiológico (8,6%). Se observó una disminución en la producción científica nacional desde 2015, pero hubo un aumento en el número de investigaciones extranjeras sobre la población migrante venezolana. Se identificaron lagunas de conocimiento en áreas como la epidemiología de la infección, eficacia y resistencia de TARV, comportamiento clínico incluida las coinfecciones como

tuberculosis. **Conclusiones.** Esta revisión evidencia una disminución en la producción científica desde 2015 e identifica áreas de investigación limitadas o no exploradas y propone prioridades para la investigación.

TCP-033

Micosis oportunistas en pacientes con VIH/sida: caracterización de una población en Bogotá, Colombia.

Gómez-Sepúlveda V, Cruz-Cuevas J, Hernández-Niño C. Fundación Cardioinfantil - Instituto de Cardiología, Universidad Rey Juan Carlos - España. Bogotá.
gomez.v09@gmail.com

Introducción. Las micosis oportunistas son uno de los principales contribuyentes a la morbimortalidad en los pacientes con infección por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH). En Colombia la mayoría de los estudios son anteriores a 2020, concentrándose en Medellín con micosis específicas como la histoplasmosis. Por lo anterior se justifica la realización del presente estudio con el objetivo de describir las características demográficas, clínicas y microbiológicas de los pacientes con infección por VIH y micosis oportunistas en un hospital de cuarto nivel. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo realizado desde el 1 de enero de 2018 hasta el 31 de julio de 2023 en la Fundación Cardioinfantil de Bogotá, Colombia. Se incluyeron pacientes adultos con diagnóstico de infección por VIH y micosis oportunistas (candidiasis esofágica, neumonía por *Pneumocystis jirovecii*, criptococosis extrapulmonar y/o histoplasmosis diseminada o extrapulmonar). **Resultados.** La prevalencia de micosis oportunistas fue del 3,2%, el 85,42% de los pacientes fueron de sexo masculino, la mayoría en estado de inmunosupresión avanzado. La micosis oportunista más frecuente fue la candidiasis esofágica, seguida de la histoplasmosis diseminada o extrapulmonar, la criptococosis extrapulmonar y la neumonía por *Pneumocystis jirovecii*. La mortalidad fue del 6,25%. **Conclusiones.** La distribución de infecciones fúngicas fue diferente a la descrita en la literatura con un número importante de pacientes con diagnóstico de histoplasmosis. Las demás características demográficas, clínicas y microbiológicas fueron similares a lo reportado.

TCP-034

Mutaciones de resistencia a la terapia antirretroviral en pacientes con VIH en falla virológica en una IPS de la ciudad de pasto del año 2017 al 2021.

Moreno-Lopez L, Navarro-Córdoba L, Oliveros-Cabrera S, Ortega J, Rodríguez-Caicedo G, Mier-Vallejo J, Montenegro-Chávez V, Jojoa-Nieto O. Fundación Universitaria San Martín, Universidad de Nariño. Pasto.
98morenoluis@gmail.com

Introducción. El tratamiento antirretroviral de gran actividad (TARGA) ha mejorado la calidad de vida de los pacientes que viven con VIH (PVV). Desafortunadamente este tratamiento puede fallar debido a las mutaciones del virus y a la falta de adherencia. Esta investigación busca determinar la frecuencia de mutaciones de resistencia a la TARGA de PVV en falla virológica con genotipos del año 2017 al 2021. **Materiales y métodos.** Estudio cuantitativo observacional descriptivo de corte transversal realizado en Red Medicron IPS. Se identificaron pacientes con falla virológica, se evaluaron en su totalidad. Se utilizó los programas Excel versión 18.0 (2021) e IBM® SPSS Statistics versión 28.0.1, estadística descriptiva, medidas de frecuencia, distribución y tendencia central, análisis univariado y bivariado. **Resultados.** Se identificaron 158 PVV en falla virológica, con una mediana de edad de 40 años, el 56,96% eran de sexo masculino, la mayoría procedían de Nariño. El 61,4% de pacientes presentó mutaciones de resistencia en el genotipo, siendo las más frecuentes M184V, K65R, L74V, K103N, L100I, Y181C, G73C, I54V, L10V y L63P, entre otros. Se identificó resistencia a TDF del 67%, FTC 94%, ABC 94%, 3TC 94%, EFV 95%, NVP 97%, ATV/r 78%, LPV/r 78% y DRV/r 33. **Conclusiones.** Las mutaciones M184V de los INTR (47,8%) y la K103N (34,7%) de los INNTR, se posicionan como las variaciones de mayor prevalencia en pacientes con falla virológica en Pasto, lo que confiere importante resistencia a diferentes esquemas de TARGA. El estudio de genotipo es fundamental en el abordaje de PVV en TARGA con falla virológica.

TCP-035

Vitamin D decreases susceptibility of CD4+ T cells to HIV infection by reducing glucose uptake: an In-vitro approach.

Loaiza-Durán J, Gómez-Marín J, Muñoz D, Villegas S, Rúgeles-López M, Rodríguez-Perea A, Aguilar-Jiménez W. Universidad de Antioquia. Medellín.

jdario.loaiza@udea.edu.co

Introducción. HIV remains a major public health challenge. Activated CD4+ T cells are more susceptible to infection. Vitamin D (VitD) can promote antimicrobial responses and reduce cellular activation, suggesting its potential as an anti-HIV strategy. We assessed VitD's effects on HIV-1 replication *in vitro*, its role in regulating host genes involved in HIV infection through an *in silico* approach, and its impact on glucose uptake, a measure of metabolic rate and activation. **Materials and methods.** CD4+ T cells from healthy males were treated with VitD or EtOH (vehicle control). After pre-activation with PHA/IL-2, cells were infected with HIV-1 *in vitro* and cultured for 72 hours. Viral replication was measured by p24 levels via ELISA. An *in silico* Boolean model explored VitD's effects on host proteins related to HIV infection. Glucose uptake was assessed by quantifying 2-NDBG (a fluorescent glucose analog) using flow cytometry. **Results.** VitD treatment resulted in a 53,2% decrease in p24 concentration ($p=0,0078$). The Boolean model indicated that VitD down-regulated proviral genes, particularly AKT, which controls cell activation and metabolism. VitD also reduced glucose uptake by 22,8% in CD4+ T cells *in vitro* ($p=0,0039$). **Conclusions.** VitD reduced HIV replication and glucose uptake *in vitro*. While the anti-HIV effect of VitD has been previously described, this study suggests that reduced glucose uptake might be a key anti-HIV mechanism of VitD. The Boolean model suggests that VitD inhibits AKT, potentially reducing glucose uptake, cell activation, and HIV replication. Validating these findings is crucial to better understanding VitD's role as a potential low-cost preventive HIV strategy.

VIROLOGÍA

TCP-036

Desenlaces clínicos de pacientes pediátricos inmunosuprimidos infectados con SARS-CoV-2 en un centro de alta complejidad del suroccidente colombiano en la era prevacunal.

Pérez-Camacho P, Gómez-Hernández I, Sandoval-Calle L, Patiño-Niño J, Díaz-Arias M, Victoria-Lozada J. Fundación Valle del Lili, Universidad ICESI. Cali.

paola.perez.ca1@fvil.org.co

Introducción. La pandemia causada por el SARS-CoV-2 ha tenido un impacto global sin precedentes y Colombia no ha sido una excepción: con 6,2 millones de casos confirmados hasta la fecha, de los cuales el 11% corresponde a la población pediátrica. Dentro de este grupo demográfico los individuos con condiciones inmunosupresoras han sido identificados como un grupo de alto riesgo debido a sus elevadas tasas de morbilidad y mortalidad. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo observacional de corte transversal con recolección retrospectiva de datos incluyendo pacientes menores de 18 años con antecedentes de enfermedad inmunosupresora y pruebas positivas de PCR o antígeno para SARS-CoV-2. Este estudio tiene como objetivo caracterizar los resultados clínicos de pacientes pediátricos inmunosuprimidos en un hospital de alta complejidad en Colombia. **Resultados.** Se identificaron 119 pacientes con una mediana de edad de 6 años (RIC 2-11). El 50,85% ($n=60$) tenían manejo inmunosupresor, el 47,01% ($n=55$) antecedentes de neoplasia, el 36,13% ($n=43$) inmunodeficiencia y el 12,60% ($n=15$) trasplante, siendo el hepático el más frecuente (6,90%, $n=8$). El 84,03% ($n=100$) fueron hospitalizados y 15,96% ($n=19$) requirieron manejo en unidad de cuidados intensivos pediátricos (UCIP). Se encontraron diferencias significativas en el ingreso a UCIP en pacientes con antecedentes de manejo inmunosupresor y neoplasia ($p=0,014$). **Conclusiones.** Hemos aportado valiosa información médica a la comunidad científica sobre pacientes pediátricos inmunodeprimidos. Sin embargo, se necesitan más estudios para comprender mejor los factores fisiopatológicos que influyen en la progresión de la enfermedad en esta población.

TCP-037

Desenlaces clínicos de pacientes pediátricos inmunosuprimidos infectados con SARS-CoV-2 en un centro de alta complejidad del suroccidente colombiano en la era prevacunal.

Pérez-Camacho P, Gómez-Hernández I, Sandoval-Calle L, Patiño-Niño J, Díaz-Arias M, Victoria-Lozada J. Fundación Valle del Lili, Universidad ICESI. Cali.
paola.perez.ca1@fvl.org.co

Introducción. La pandemia causada por el SARS-CoV-2 ha tenido un impacto global sin precedentes, y Colombia no ha sido una excepción, con 6,2 millones de casos confirmados hasta la fecha, de los cuales el 11% corresponden a la población pediátrica. Dentro de este grupo demográfico, los individuos con condiciones inmunosupresoras han sido identificados como un grupo de alto riesgo debido a sus elevadas tasas de morbilidad y mortalidad. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo observacional de corte transversal con recolección retrospectiva de datos, incluyendo pacientes menores de 18 años con antecedentes de enfermedad inmunosupresora y pruebas positivas de PCR o antígeno para SARS-CoV-2. Este estudio tiene como objetivo caracterizar los resultados clínicos de pacientes pediátricos inmunosuprimidos en un hospital de alta complejidad en Colombia. **Resultados.** Se identificaron 119 pacientes con una mediana de edad de 6 años (RIC 2-11). El 50,85% (n=60) tenían manejo inmunosupresor, el 47,01% (n=55) antecedentes de neoplasia, el 36,13% (n=43) inmunodeficiencia y el 12,60% (n=15) trasplante, siendo el hepático el más frecuente (6,90%, n=8). El 84,03% (n=100) fueron hospitalizados y 15,96% (n=19) requirió manejo en UCIP. Se encontraron diferencias significativas en el ingreso a UCIP en pacientes con antecedentes de manejo inmunosupresor y neoplasia (p=0.014). **Conclusiones.** Hemos aportado valiosa información médica a la comunidad científica sobre pacientes pediátricos inmunodeprimidos. Sin embargo, se necesitan más estudios para comprender mejor los factores fisiopatológicos que influyen en la progresión de la enfermedad en esta población.

TCP-038

Caracterización de la población pediátrica SARS-CoV-2/COVID-19 positiva en dos instituciones en la ciudad de Barranquilla y una institución en Soledad entre enero y octubre del 2020.

Guardo E, Pérez-Pérez O, Barbosa V, Contreras L, Quiroz S, De Sanchez Z. Universidad Metropolitana de Barranquilla. Barranquilla.
zairasanchez2023@gmail.com

Introducción. Los informes de casos pediátricos con COVID-19 son limitados; los perfiles clínicos en niños y adolescentes aún no se encuentran completamente dilucidados y siguen siendo objeto de estudio, por lo que se planteó caracterizar la población pediátrica SARS-CoV 2 (COVID-19) positiva en dos instituciones en la ciudad de Barranquilla y una en Soledad en el periodo comprendido entre enero a octubre 2020. **Materiales y métodos.** Estudio multicéntrico, observacional, descriptivo retrospectivo. La población corresponde a la totalidad de menores entre los 0 días a < 18 años con diagnóstico de SARS-CoV 2 (COVID-19) confirmado por el método de RT-PCR en dos instituciones en la ciudad de Barranquilla y una institución en Soledad en el periodo comprendido entre enero a octubre 2020. La tabulación de la información se realizó en el programa Epi-Info 7.0. **Resultados.** El sexo femenino alcanzó la mayor prevalencia con un 54,4%, la edad media fue de 7,13 ± 5,9 años; de acuerdo con la clasificación peso/edad, se observó que la principal alteración fue el sobrepeso con el 12,5% seguido del riesgo de delgadez con el 6,3%. El 36,8% de los pacientes se les dio manejo ambulatorio, el 29,4% requirió hospitalización y el 33,8% requirió ingreso a la Unidad de Cuidado Intensivo Pediátrico (UCIP). La mortalidad asociada en la muestra estudiada fue del 3,75%. **Conclusiones.** No hay mayores diferencias entre los sexos en población pediátrica con diagnóstico de covid19, los síntomas más frecuentes en la población pediátrica son los síntomas respiratorios, seguidos de la fiebre y menor porcentaje síntomas neurológicos y gastrointestinales.

Patrocinadores

Diamante



Oro



Plata



General



También participan:

