

XIII Encuentro Nacional de Investigación en Enfermedades Infecciosas

III Encuentro Latinoamericano de Investigación en Enfermedades Infecciosas

PRESENTACIONES ORALES

COVID-19

1. Comparación de los desenlaces de los pacientes hospitalizados con COVID-19 durante las 3 primeras olas de la pandemia. Experiencia en Fundación Valle del Lili, Cali-Colombia.

Rosso F, Rodríguez-Restrepo S, Guzmán-Gonzalez T, Beltrán-Gómez E, Martínez-Valencia A, Tafurt-Ruiz E, Zarama-Cardona V. Departamento Medicina de Emergencias, Departamento de Medicina Interna, Servicio de Infectología, Centro de Investigaciones Clínicas: Fundación Valle del Lili. Facultad de Ciencias de la Salud, Departamento de Medicina Interna: Universidad ICESI. Cali.
frosso07@gmail.com

Introducción. La mortalidad asociada al COVID-19 pudiera diferir en las diferentes olas epidémicas. El objetivo de este estudio es comparar la mortalidad durante las primeras tres olas. **Materiales y métodos.** Estudio observacional. Se compararon los desenlaces clínicos de los pacientes admitidos con COVID-19 en un hospital de cuarto nivel en Cali-Colombia, durante las tres primeras olas de la pandemia. **Resultados.** Se analizaron 2.264 pacientes, 56% hombres, con una edad media de 58 años [IQR, 45-70]. Se observó un aumento de pacientes atendidos en cada ola (530 vs. 568 vs. 1.166). Los pacientes de la tercera ola eran más jóvenes (59 vs. 62 vs. 56 años, $p < 0,01$). Los pacientes de la primera ola tenían una mayor proporción de ingresos en la UCI (62,83% vs. 51,23% vs. 52,23%, $p < 0,01$), ventilación mecánica invasiva (39,25% vs. 32,22% vs. 31,22%, $p < 0,01$) y duración de la estancia hospitalaria (9 vs. 7 días, $p < 0,01$). No se encontraron diferencias en la mortalidad (18,4% vs. 19% y 18,8%, $p = 0,974$). Sin embargo, los pacientes de 70-79 y ≥ 80 años tuvieron una menor mortalidad durante la tercera ola (24,4% vs. 33,3% vs. 19%, $p = 0,018$), (30,6% vs. 29,6% vs. 23,6%, $p = 0,018$). La tasa de vacunación fue muy baja en todos los grupos de edad, siendo mayor en los pacientes de edad avanzada. **Conclusiones.** A pesar del aumento de casos con cada ola, no hubo una diferencia significativa en la mortalidad. Sin embargo, se observó una disminución de la mortalidad de los adultos mayores en la última ola.

2. Factores de riesgo asociados a lesión renal aguda en pacientes hospitalizados con COVID-19 en dos hospitales universitarios de Bogotá.

Suárez-Niño J, González C, Vargas-Ángel D, Rodríguez-Sánchez M, García P, Valderrama-Ríos M, Cortés-Luna J, Contreras-Villamizar K, Barbosa-Silva O, Muñoz A. Universidad Nacional de Colombia. Hospital Universitario San Ignacio. Hospital Universitario Nacional de Colombia. Bogotá.
jssuarez@unal.edu.co

Introducción. Los pacientes con COVID-19, tienen alta incidencia de lesión renal aguda (LRA), la cual se asocia con mortalidad. El objetivo del estudio fue conocer los factores asociados a LRA. **Materiales y métodos.** Se estableció una cohorte retrospectiva en 2 hospitales universitarios de Bogotá, Colombia.

Se incluyeron adultos hospitalizados por más de 48 horas entre marzo 6 de 2020 y marzo 31 de 2021, con COVID-19 confirmado. Se excluyeron pacientes con más de 72 horas de estancia en el sitio de remisión, menos de dos mediciones de creatinina, gestantes, y renales crónicos. El desenlace principal fue la incidencia de LRA durante los 28 días siguientes al ingreso hospitalario. Se realizó un modelo de regresión logística multivariado para la variable de desenlace LRA. **Resultados.** Se incluyeron 1.584 pacientes, 60,4% hombres, 46,8% mayor de 65 años, 738 (46,5%) desarrollaron LRA, 23,6% se clasificaron como KDIGO 3 y 11,1% tuvieron terapia de reemplazo renal. Los factores de riesgo para generar LRA durante la hospitalización fueron el sexo masculino (OR 2,27, IC 95% 1,73-2,99), mayores de 65 años (1,02, 1,01-1,03), HTA (OR 6,16, 1,98-19,2), uso de vancomicina (1,59, 1,06-2,39), piperacilina/tazobactam (OR 1,65, 1,19-2,28), soporte vasopresor (2,36, 1,51-3,69). La mortalidad bruta hospitalaria para LRA fue de 45,5% versus 11,7% sin LRA ($p < 0,0001$). **Conclusiones.** En pacientes hospitalizados por COVID 19, sería recomendable evitar el uso de antibióticos nefrotóxicos, incluyendo piperacilina/tazobactam y vancomicina para disminuir el riesgo de progresión a LRA

3. Síndrome inflamatorio multisistémico neonatal (MIS-N) asociado con la enfermedad por coronavirus. Experiencia de un hospital de cuarto nivel en Bogotá, Colombia.

Sierra-Pérez A, Peña-López C, Vargas-Vaca Y, Romero-Campiño P, Suarez-Fuentes M, López-García J. Pontificia Universidad Javeriana. Hospital Universitario San Ignacio. Bogotá.
jllopez@husi.org.co

Introducción. El presente estudio describe los retos diagnósticos de síndrome inflamatorio multisistémico asociado a la enfermedad por coronavirus adquirida de forma posnatal. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo observacional que describe las características de pacientes reportados con MIS-C asociado a RT-PCR positiva para SARS-CoV-2 entre abril de 2020 y marzo de 2022. Se realizó un ajuste de los criterios propuestos por la CDC para MIS-C (Síndrome inflamatorio multisistémico en niños) ante la ausencia de fiebre descrita en la población neonatal, excluyendo otras patologías como sepsis neonatal y asfisia perinatal. **Resultados.** Documentamos un total de 32 casos de infección por SARS-CoV-2 de los cuales 4 (12,5%) cumplieron criterios de MIS-N o MIS-C. Los casos se presentaron a finales del tercer pico epidemiológico entre abril y julio de 2021. Todos los casos correspondieron a recién nacidos prematuros entre 30 y 34 semanas de edad gestacional. 2 casos con madre con infección asintomática y 2 con infección sintomática, documentada después del parto, todas con RT-PCR positiva para SARS-CoV-2. Inicio de los síntomas entre 8 días y 8 semanas de edad cronológica. Compromiso cardíaco con elevación de troponinas y proBNP en 100%, un caso con alteración electrocardiográfica y derrame pericárdico, falla ventilatoria (50%), fiebre (25%), elevación de marcadores inflamatorios (100%), trombosis venosa profunda (25%). 4 recibieron Inmunoglobulina, 3 metilprednisolona. 1 caso de mortalidad con necesidad de terapia ECMO. **Conclusiones.** Se debe considerar MIS-C o MIS-N en el diagnóstico diferencial de pacientes con signos inusuales de inflamación multisistémica, teniendo un alto índice de sospecha, debido a la diversidad de manifestaciones en su presentación clínica.

4. Estudio de cohorte de pacientes con neoplasias malignas atendidos por Infección Respiratoria Aguda (IRA) en el Instituto Nacional de Cancerología (INC) durante la pandemia por COVID-19 mayo 2020 - agosto 2021.

Rojas-Perdomo J, García K, Wiesner C, Sánchez-Pedrasa R, Cuervo-Maldonado S. Universidad Nacional de Colombia. Instituto Nacional de Cancerología ESE. Bogotá.
juandrojas269@gmail.com

Introducción. Los pacientes con neoplasias malignas (NM) son una población de alto riesgo. Se describe una caracterización exhaustiva de pacientes con cáncer e IRA durante la pandemia por COVID-19 y se analizan factores de riesgo (FR) para ventilación mecánica invasiva (VMI) y muerte en esta población. **Materiales y métodos.** Cohorte ambispectivo de pacientes con IRA y NM desde mayo de 2020 hasta agosto de 2021. Seguimiento a 30 días del egreso hospitalario. Características clínicas, paraclínicas, imagenológicas e historia de cáncer fueron comparados entre sobrevivientes y no sobrevivientes, y entre positivos y negativos para COVID-19. FR para hospitalización, VMI y muerte fueron identificados usando modelos de regresión logística multivariables. **Resultados.** 640 pacientes con IRA y NM fueron abarcados (mediana 60 años (IQR 23); 48,5% mujeres. 421 (65,3%) tenían tumores sólidos y 219 (34%) hematológicos. 64,76% (IC95%: 60,9 a 68,4%) tuvieron COVID-19. La mediana de seguimiento fue 32 días. 30,4% de los pacientes ingresó a unidad de cuidados intensivos y 93,8% requirió VMI. La malignidad hematológica (HR 2,5 [95%CI 1,8-3,7]) y la presencia de complicaciones (HR 2,5 [95%CI 1,77-3,6]) se asoció a un incremento en el requerimiento de VMI. La mortalidad a 30 días fue 50,4%; ECOG avanzado [HR 1,2 (CI95% 1,08-1,34)], la trombocitopenia (HR 1,6 [95%CI 1,2-2,08]) y el derrame pleural (HR 1,9 [95%CI 1,42-2,56]) fueron FR asociados a mortalidad hospitalaria. No se documentó asociación entre infección por COVID-19 y los desenlaces evaluados. **Conclusiones.** Pacientes con NM e IRA presentan una alta tasa de requerimiento de VMI y mortalidad no asociada a la presencia de infección por COVID-19.

5. Experiencia de primeros dos años de pandemia de SARS-CoV-2 en un centro de trasplantes de órgano sólido en Colombia.

Rodríguez-Sabogal I, Builes-Zapata J, Villada-Ochoa O, Agudelo-Berruecos Y. Fundación Hospital San Vicente De Paúl Rionegro. Medellín.
yuli.agudelo@sanvicentefundacion.com

Introducción. Los individuos inmunosuprimidos tienen mayor riesgo de enfermedad grave por SARS-CoV-2/COVID-19. Se usan varias estrategias para mitigar el riesgo de contagio, gravedad y mortalidad. Aunque, la vacunación es la mejor herramienta disponible, en trasplantados tiene menor eficacia y aún no hay un esquema óptimo. Describimos la experiencia de nuestro centro de trasplantes en esta población. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo de pacientes con SARS-CoV-2/COVID-19 y antecedente de trasplante de órgano sólido, hospitalizados en Hospital San Vicente Fundación de Rionegro entre julio de 2020 y marzo de 2022. **Resultados.** Se incluyeron 76 pacientes trasplantados hospitalizados con infección por SARS-CoV-2/COVID-19; 57 con trasplante renal, 13 con trasplante hepático, 4 con trasplante riñón-páncreas, 1 con trasplante hígado-riñón y 1 con trasplante riñón-corazón. 44 sexo masculino (58%). Mediana de edad 57 años (RIQ25%-75%45-65). Tiempo entre el trasplante y la infección por SARS-CoV-2/COVID-19 con mediana de 56 meses (RIQ25%-75%27-89), 63 meses (RIQ25%-75%36-120) en riñón, 22 meses (RIQ25%-75%4-56) en hígado y 10 meses (RIQ25%-75%6-27) en riñón-páncreas. La estancia hospitalaria fue de 8,5 días (RIQ25%-75%8-18). 29 (38%) requirieron UCI: 23 (39%) de riñón, 1 (2%) de riñón-páncreas y 5 (38%) de hígado. Del total fallecieron 21 pacientes (28%), 16 (27%) de riñón, 1 (2%) de riñón-páncreas y 4 (31%) de hígado, 41 pacientes (54%) no estaban vacunados, 25 (33%) habían recibido al menos una dosis, fallecieron 12 (29%) de los no vacunados, y 7 (28%) vacunados. **Conclusiones.** La gravedad y mortalidad de COVID-19 en trasplantados es alta.

6. Multisystem Inflammatory Syndrome in Children associated with COVID-19: A comparison study between cohorts from different geographic locations.

De La Cruz C, Herbst K, Dávalos D, López-Medina E, Alex H Hogan, Connecticut Children's Medical Center. Centro de Estudios de Infectología Pediátrica CEIP. Cali.
catalina.delacruz@ceiponline.org

Introduction. We aim to evaluate the sociodemographic and clinical differences between hospitalized children with multisystem inflammatory syndrome in children (MIS-C) in the United States vs. Colombia. **Materials and**

methods. Multicenter prospective observational study of children diagnosed with MIS-C, according to the US CDC definition were enrolled between 03Mar2020-06Apr2022 at one US site (Connecticut Children's Medical Center [CT cohort]) and two Colombian sites (Clínica Imbanaco [CI] and Hospital Universitario del Valle [HUV] in Cali [CI/HUV cohort]). Data was collected in a standardized, online case-collection form developed in REDCap. Cohorts were compared using Fisher's Exact test or Mann-Whitney U test as appropriate. **Results.** Sixty-four MIS-C cases were included, 40 in CT and 24 in CI/HUV. Median age was 8.6 years (IQR 5,3- 13,0), 53% were male, and almost one-third had a co-morbid condition. A higher median BMI and obesity prevalence were reported in the CT cohort. Overall, most children presented with fever, mucocutaneous findings, or gastrointestinal symptoms. 13% had systolic hypotension. More children in the CI/HUV cohort presented with upper respiratory symptoms compared to the CT cohort (88% vs 28%) while fewer presented with systemic symptoms (50% vs 85%). Laboratory and radiologic findings were similar across both cohorts. Children in the CT cohort received steroids, combined IVIg/steroids, and antibiotics more frequently. Outcomes were similar across both cohorts, except for a longer hospital stay in the CI/HUV cohort. **Conclusions.** Despite different interventions in comparable cohorts, outcomes were similar. Data from larger studies are needed to evaluate whether these differences are intrinsic to individual conditions or different treatment protocols.

7. Detección de SARS-CoV-2 en muestras de saliva

Gaidos-Nates C, Gómez-Bautista S. Subred Norte ESE. Secretaría de Salud de Bogotá. Bogotá.
saligoba@gmail.com

Introducción. Para la detección de SARS-CoV-2 mediante RT-qPCR, convencionalmente se usa el hisopado nasofaríngeo, método invasivo que puede conllevar riesgo tanto al paciente, como al personal sanitario. Además, requiere de equipo de protección personal, hisopos estériles, medios de transporte y conservación a 4°C, a diferencia la saliva se recupera en frasco estéril, recolectada por el paciente y se conserva al ambiente. El objetivo fue comparar el desempeño de la detección molecular de ARN del SARS-CoV-2 en hisopado nasofaríngeo versus saliva. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo. Se procesaron 118 muestras de pacientes entre 10 y 88 años, que consultaron a urgencias del Hospital Simón Bolívar en el año 2021 y que aceptaron participar en el estudio. Se tomaron 59 muestras positivas de hisopado nasofaríngeo y 59 negativas, procesadas por el método de RT-PCR protocolo Charité – Berlín. De estos pacientes también se recolectó saliva, que se procesó mediante el mismo protocolo. En Open Epi se calculó sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo, valor predictivo negativo y Kappa de Cohen. **Resultados.** El promedio de edad fue de 45 años, el 51% de sexo masculino. La sensibilidad de la prueba fue 67,8% (IC95% 55,1 – 78,31), la especificidad 89,83% (IC95% 79,54 – 95,26%), el valor predictivo positivo fue de 86,96% (IC95% 74,33 – 93,88), valor predictivo negativo 73,61% (IC95% 62,42 – 82,41), Kappa de Cohen 0,5763 (IC95% 0,4003 – 0,7523). **Conclusiones.** La saliva puede ser una potencial alternativa al hisopado para la prueba de RT-PCR para SARS-CoV-2 en pacientes sintomáticos.

8. Prevalencia de SARS-CoV-2 en sangre de cordón umbilical en dos centros hospitalarios de Córdoba y Sucre, Colombia.

Tique-Salleg V, Miranda J, Arrieta G, Echeverri D, Peñate G, Spath D, Mattar A, Mattar S, Berrocal J. Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico: Universidad De Córdoba. Clínica Salud Social. Hospital San Diego: Cerete. ESE Vida Sinú: Cerete. Universidad Del Norte: Barranquilla. IPS San Pablo Apóstol: Cerete. Montería.
danielecheverri@gmail.com

Introducción. Las mujeres embarazadas son vulnerables a COVID-19 y su estado inmunodeprimido aumenta el riesgo de desarrollar formas más graves de la enfermedad. En Colombia y América Latina, hay pocos estudios sobre la respuesta inmune del recién nacido contra el SARS-CoV-2. Se tuvo como objetivo determinar la seroprevalencia de la infección por SARS-CoV-2 en sangre de cordón umbilical en dos centros hospitalarios de Córdoba y Sucre. **Materiales y métodos.** Entre marzo y junio de 2021 se tomaron muestras de sangre de cordón umbilical en dos hospitales ubicados en Córdoba y Sucre. Los comités de ética de las instituciones participantes aprobaron el estudio. Se realizó un ELISA comercial para detectar anticuerpos IgG, IgM e IgA totales contra la proteína N del SARS-CoV-2. **Resultados.** De las 3.291 mujeres que dieron a luz en los centros hospitalarios incluidos en el estudio, participaron

360 (11%), las cuales tenían un rango de edad entre 15 a 42 años y una edad media de 24 años. Se obtuvieron datos clínicos completos de 223 mujeres. El 29,4% (106/360) de las muestras de cordón umbilical tenían anticuerpos totales contra el SARS-CoV-2. El 58% de las mujeres eran asintomáticas y no hubo asociación estadística significativa ($p > 0,05$) entre las muestras de cordón umbilical, las características clínicas, epidemiológicas y la respuesta serológica a los anticuerpos contra el SARS-CoV-2. **Conclusiones.** El presente trabajo mostró la alta seroprevalencia de anticuerpos contra SARS-CoV-2 en muestras de cordón umbilical. Además, aporta aspectos esenciales para el abordaje epidemiológico de los neonatos infectados por SARS-CoV-2.

RESISTENCIA BACTERIANA

9. Knowledge, attitudes, and practices (KAP) about antibiotic use and antimicrobial resistance in hemodialysis patients and their household contacts, Medellín-Colombia.

Velasco-Castaño J, Montoya-Urrego D, Quintero-Vélez C, Jiménez-Quiceno N. Grupo De Investigación en Microbiología Básica y Aplicada MICROBA: Universidad de Antioquia. Medellín.
jjose.velasco96@gmail.com

Introducción. KAP studies are an alternative to identify gaps in knowledge in communities allowing focusing education strategies. Hemodialysis patients present high risk of infections or being colonized by resistant bacteria. In this study we describe the KAP about the antibiotic use and antimicrobial resistance in patients and their household contacts of Medellín. **Materials and methods.** Cross-sectional descriptive study between May 2019 and March 2020. The KAP Instrument, applied to the participants, containing 32 questions, addressed four sections: i) sociodemographic characteristics ii) knowledge about the antibiotics use and bacterial resistance iii) attitudes related with antibiotics use and iv) practices regarding with antibiotics use. **Results.** A total of 130 participants were included. 83.1% (108/130) of participants did not correctly identify the situations in which antibiotics should be used. Likewise, a misconception in knowledge about antibiotic resistance was evidenced. Regarding attitudes, 36.9% (48/130) of the participants stated that they discontinued antibiotic treatment when they felt better. Additionally, 43.8% (57/130) agree to keep antibiotics in their home. Finally, regarding the practices, it was evidenced that it is usual for pharmacies and family members to "prescribe" different antibiotics, likewise, that pharmacies were the most popular place to acquire these medications. **Conclusions.** The results showed important gaps in knowledge about bacterial resistance and the use of antibiotics, which could lead to an increase in their consumption and the selection pressure of resistant bacteria. Likewise, strong self-medication and a lack of adherence to treatment were evidenced, which highlights the need for more active surveillance and improvement in public policies

10. Resistencia a mercurio en *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina USA300-Variante latinoamericana (SARM-USA300-VL) recolectados de hospitales en América Latina.

Carvajal L, Rincón S, Castro B, Parada A, Alfonso V, Vega S, Ríos R, Arias C, Díaz L, Reyes J. Unidad de Genética y Resistencia Antimicrobiana: Universidad El Bosque. Colegio Mayor de Cundinamarca. Division of Infectious Diseases and Center for Infectious Diseases Research: Houston Methodist Hospital. Chía.
carvajallinap@unbosque.edu.co

Introducción. SARM-USA300-VL, clon exitoso establecido en la región norte de Suramérica alberga genes (mer), de resistencia a mercurio, metal pesado altamente tóxico sin actividad biológica benéfica. En Colombia, la contaminación ambiental por mercurio es un problema de salud pública. La presencia y papel evolutivo de mer en el clon endémico SARM-USA300-VL es intrigante. Nuestro objetivo fue investigar elementos genéticos involucrados en resistencia a mercurio y su funcionalidad, en una colección de SARM-USA300-VL clínicos de pacientes de hospitales en Colombia, Ecuador y Venezuela recuperados durante 2010-2014. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, que incluyó 65 SARM-USA300-VL de bacteriemia. Los genes de resistencia a mercurio (merA/B) se evaluaron por PCR y su funcionalidad por concentración inhibitoria mínima (CIM) empleando HgCl₂. Se realizó secuenciación del genoma completo para caracterizar determinantes genéticos implicados en la resistencia al mercurio, así como su contexto genómico. **Resultados.** Los

genes merA/B se identificaron en 82% de SARM-USA300-VL. La presencia de mer estuvo asociada con resistencia a mercurio, ya que todos los 53 aislamientos que portaban merA/B presentaron CIM a HgCl₂ $\geq 128 \mu\text{g/mL}$, mientras que los merA/B negativos ($n=12$) tuvieron CIM $\leq 64 \mu\text{g/mL}$. Todos los aislamientos pertenecieron al Complejo Clonal 8 (CC8). El análisis genómico reveló que genes mer estaban localizados en el cromosoma, asociados a SCCmec IVc/E y elemento genético COMER. Análisis del contexto genómico sugirió que IS431 podría estar involucrado en adquisición de mer. **Conclusiones.** Genes mer detectados en el clon SARM-USA300-VL fueron exclusivamente encontrados en aislamientos resistentes, soportando su rol en resistencia a mercurio, y podría sugerir adaptación a condiciones ambientales.

11. Resistencia de *N. gonorrhoeae* en aislamientos recibidos en la SLSP de Bogotá durante el año 2021.

Cepeda-Velandia L, Chalá-Palacios M, Maldonado-Cortés L, Neira-Torres A, Serrano-Sánchez A. LSP Vigilancia De Enfermedades: Secretaría Distrital de Salud. Bogotá.
apserrano@saludcapital.gov.co

Introducción. El control de las cepas de *Neisseria gonorrhoeae* multiresistentes requiere la prevención de la resistencia y el control de la enfermedad. Además, ambos enfoques deben considerarse en el contexto más amplio de la lucha mundial contra la resistencia a los antibióticos. **Materiales y métodos.** Estudio: descriptivo retrospectivo. 1. Colorimetría avanzada 2. Microdilución en caldo y Kirby Bauer. **Resultados.** Se reciben 74 aislamientos de *Neisseria gonorrhoeae* de los cuales solo 53 fueron viables para pruebas de sensibilidad y susceptibilidad. Todos los aislamientos viables fueron resistentes a penicilina, seguida por tetraciclina y ciprofloxacina. Todos los aislamientos fueron susceptibles a Ceftriaxona y Espectinomicina. **Conclusiones.** La mayor ventaja de realizar el cultivo y el antibiograma es la de ofrecer un adecuado tratamiento para gonorrea o infecciones faríngeas gonocócicas, así como detectar fallas en el tratamiento ya que la resistencia a los antimicrobianos es una de las causas. Ajustar el tratamiento del paciente de acuerdo con los resultados del antibiograma. Realizar y promover el uso racional de los antibióticos en sus prácticas de prescripción. Vigilar los casos con infección por *N. gonorrhoeae* que hayan fracasado al tratamiento o tengan sensibilidad reducida a las cefalosporinas.

12. Resistencia antibiótica y consumo de antibióticos en el suroccidente colombiano.

Hurtado-Palacios I, Valencia S, Pinzón E, Lesmes-Duque M, Sánchez M, Rodríguez J, Ochoa B, Shewade H, Edwards J, Khogali M. Secretaría de Salud Departamental del Valle del Cauca. Universidad del Valle. Universidad de Brasilia. Universidad Tecnológica y Pedagógica de Colombia. Organización Panamericana de la Salud. Instituto Nacional de Epidemiología. India. Universidad de Washington. Organización Mundial de la Salud. Cali.
isahurtado@gmail.com

Introducción. La pandemia trajo consigo cambios en la resistencia antimicrobiana, el objetivo de este estudio es evaluar el cambio en la resistencia antibiótica en ocho bacterias y el consumo de antibióticos de uso frecuente (ceftriaxona, cefepime, piperacilina-tazobactam, meropenem, ciprofloxacina, vancomicina) antes (1/marzo/2018-31/julio/2019) y durante (1/marzo/2020-31/julio/2021) la pandemia de COVID-19 en 31 hospitales del Valle del Cauca, Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio de antes y después usando datos recolectados en la vigilancia mediante WHONET y la base de datos de consumo de antibióticos. Para el consumo de antibióticos se compararon dosis diarias definidas por 100 camas/día. **Resultados.** Hubo 23.405 aislamientos bacterianos con datos disponibles sobre la resistencia a los antibióticos trazadores. El total de aislamientos aumentó de 9.774 a 13.631 en los periodos antes y durante la pandemia (40%). La resistencia disminuyó significativamente para cuatro géneros (*K. pneumoniae* BLEE 32% a 24%, *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos 4% a 2%, *P. aeruginosa* resistente a carbapenémicos 12% a 8%, *A. baumannii* resistente a carbapenémicos del 23 % al 9%), el nivel de resistencia de *E. faecium* a la vancomicina aumentó significativamente (42 % al 57%). No hubo cambios en la resistencia para las tres bacterias restantes (*S. aureus* resistente a meticilina, *E. coli* BLEE, *E. coli* resistente a carbapenémicos). El consumo de todos los antibióticos aumentó. Sin embargo, el consumo de meropenem disminuyó en las unidades de cuidados intensivos. **Conclusiones.** Si bien aumentó el consumo de antibióticos, observamos una disminución en la resistencia antibiótica de cuatro géneros en la pandemia y el incremento de uno.

13. Caracterización de *Streptococcus pneumoniae* año 2021, Bogotá D.C.

Maldonado-Cortés L, Cepeda-Velandia L, Serrano-Sánchez A, Neira-Torres A, Chalá-Palacios M. LSP: Secretaría De Salud De Bogotá. Bogotá.
apserrano@saludcapital.gov.co

Introducción. La vigilancia de *Streptococcus pneumoniae* (Spn), asociado a enfermedad invasiva, ha mostrado incremento de serotipos no vacunales, en especial el 19A, asociado multiresistencia. Es importante determinar las características epidemiológicas y microbiológicas de aislamientos de Spn. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo descriptivo en aislamientos de Spn que ingresaron al laboratorio de salud pública de Bogotá durante 2021, se realiza identificación y sensibilidad por Vitek®, los aislamientos son enviados al INS para su serotipificación por reacción de Quellung. Se analizaron las variables serotipo y resistencia antimicrobiana. **Resultados.** 1. Se recibieron 98 aislamientos de *S. pneumoniae*, el 41,8 % correspondieron a (Spn19A), seguido de serotipo 6C con el 13,2%, serotipo 3 con 10,2% y serotipo 14 con 5,1%, el 30% restantes corresponden a serotipos 23 A y B, 6B, 15 A y B. 2. Del 100% de los aislamientos el 43,8% se presentaron en niños menores de 5 años, 31,6% en mayores de 60 años y el 24,6% en mayores de 14 años. 3. El 59,2 % correspondieron al género masculino y el 40,8% al femenino. 4. El 47% de los aislamientos son resistentes a penicilina, 30% con susceptibilidad intermedia a Ceftriaxona y 90% resistentes a Trimetoprim-sulfa. **Conclusiones.** 1. El serotipo predominante correspondió a Spn19A, durante el 2021 en la ciudad de Bogotá, presentándose especialmente en niños menores de 5 años, asociado a multidrogoresistencia.

14. Estudio comparativo del mecanismo molecular de resistencia de *Pseudomonas aeruginosa* susceptibles y resistentes a Ceftazidime avibactam.

Tena A, Duarte R, Hernández A, Escandón L, De La Cadena E, Villegas-Botero M. Universidad El Bosque. Bogotá.
ecadenav@unbosque.edu.co

Introducción. *Pseudomonas aeruginosa* es un bacilo Gram negativo con altas tasas de resistencia limitando las opciones terapéuticas. Ceftazidime avibactam (CZA), aprobado en el 2015 constituye una opción para el tratamiento de infecciones por *P. aeruginosa*-MDR. Sin embargo, se ha reportado resistencia a CZA por diversos mecanismos. Este estudio comparo mutaciones en genes asociados a la resistencia en *P. aeruginosa* susceptibles y resistentes a CZA. **Materiales y métodos.** Se seleccionaron al azar 51 aislamientos de Colombia, México, Argentina, Brasil y Chile (15 sensibles y 36 resistentes) que no portaban ninguna metalo- β -lactamasa. Estos fueron secuenciados por Illumina y se buscaron mutaciones en genes previamente asociados a la resistencia a CZA como PDC/AmpC, AmpR, PoxB, NalC, CreD y Bifuncional-uridylyltransferase, excepto en Peptidasas S41, PBP3/FtsI, NalD, AmpG, DnaJ, DnaK y ATP-dependent Clp protease. **Resultados.** Se identificaron múltiples mutaciones en PDC/AmpC, AmpR, PoxB, NalC, CreD y Bifuncional-uridylyltransferase, excepto en Peptidasas S41, PBP3/FtsI y NalD que tenían únicamente una mutación en algunos aislamientos, independientemente de su susceptibilidad y resistencia a CZA. No se encontraron mutaciones en AmpG, DnaJ, DnaK y ATP-dependent Clp protease en ninguno de los aislamientos. **Conclusiones.** Se encontró una alta resistencia en las cepas estudiadas por mecanismos no asociados a la producción de MBL. En este estudio no se pudieron identificar los mecanismos exactos de esta resistencia, y podría ser multifactorial, dada la gran cantidad de mutaciones que se observaron en la mayoría de estos genes reguladores.

15. Brote por nuevo clon de *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos portadores de NDM en una institución de alta complejidad de la ciudad de Medellín-Colombia durante la pandemia por COVID-19.

Velasco-Castaño J, Restrepo-Castro C, Salazar-Ospina L, Jiménez-Quiceno N. Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada MICROBA, IPS Universitaria, Servicios de Salud: Universidad de Antioquia. Medellín.
jjose.velasco96@gmail.com

Introducción. La pandemia por COVID-19 ha traído serias implicaciones para la IAAS y la resistencia bacteriana. En este trabajo se describe la caracterización molecular de un brote de *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos (KPRC) en una institución de alta complejidad de la ciudad de Medellín durante de la pandemia por COVID-19. **Materiales y métodos.** Se realizó

un estudio descriptivo transversal. Se recolectaron 38 aislados de *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos provenientes de un brote de una institución hospitalaria entre los meses de agosto y octubre de 2020. La identificación y susceptibilidad de los aislamientos se realizó mediante Vitek2®. La presencia de carbapenemasas se determinó por mCIM, eCIM y PCR. La relación genética se llevó a cabo mediante electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE) y tipificación de secuencias de locus múltiple (MLST). **Resultados.** Todos los aislamientos analizados fueron multiresistentes. El análisis molecular reveló que el 44,7% (n=17) de los aislados albergaban la carbapenemasas NDM, el 7,9% (n=3) la carbapenemasas KPC, el 2,6% (n=1) la carbapenemasas VIM y el 44,7% (n=17) de los aislados fueron negativos para carbapenemasas. El análisis de PFGE y MLST confirmó que los aislados portadores de NDM se encontraban estrechamente relacionados y pertenecían al ST 17. **Conclusiones.** Se describe la emergencia de un nuevo clon de *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos portadores de NDM perteneciente al ST17. Este clon no ha sido reportado previamente en el país y reviste gran importancia dado que se caracteriza por ser hipervirulento y estar asociado a altas tasas de mortalidad.

16. Implementación de un Programa de Optimización de Antimicrobianos (PROA) en la Clínica Imbanaco Grupo Quirónsalud en Cali-Colombia.

Pallares-Gutiérrez C, Villegas-Botero M, Oñate-Gutiérrez J, Segura J, Cobo-Viveros S, García L. Clínica Imbanaco Grupo Quirónsalud. Cali.
christian.pallares@imbanaco.com.co

Introducción. La resistencia antimicrobiana es una amenaza global, limita la capacidad de atención eficaz y genera carga financiera para el sistema. Los PROA mejoran cumplimiento de pautas de antimicrobianos. En América Latina los hospitales han implementado PROA con éxito, pero existen pocos informes sobre el impacto clínico, microbiológico y económico. La Clínica Imbanaco cambió su infraestructura en 2016-2017. Esto implicó generar estrategias para establecer manejos empíricos en infecciones y vigilar activamente las formulaciones. El objetivo del estudio fue evaluar el impacto del ahorro en costos directos secundario a la implementación del PROA y la adherencia a la guía institucional. **Materiales y métodos.** Estudio prospectivo de intervención entre 2017-2021; se implementaron guías de antibioticoterapia en consenso con infectología y especialidades basadas en la epidemiología local. Posteriormente se evaluó adherencia a guías y costos ahorrados al descalar/suspender tratamientos. **Resultados.** Durante 2017 se construyó perfil de resistencia bacteriana y se generaron guías en consenso con médicos especialistas. Entre 2018-2021 se han revisado >6.000 conductas de manejo antimicrobiano. La adherencia a guías ha sido 84% (2018), 90% (2019), 92% (2020) y 96% (2021); la adherencia a dosis e intervalo de antibiótico (2018-2021) ha sido 83% (74%-96%) y selección de antibiótico correcto 88% (86%-98%). El ahorro promedio mensual en 2018 en costos directos fue +/-27584 EUR; 2019 +/-16371 EUR; 2020 +/-6637 EUR y 2021 +/- 4646 EUR. **Conclusiones.** Los PROA optimizan buenas prácticas en pacientes evitando tratamientos inapropiados-innecesarios-prolongados, además generan oferta de valor económico para las aseguradoras en salud. La construcción de los PROA orienta decisiones terapéuticas, estandariza el uso y ahorra costos directos de antimicrobianos.

INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA

17. Use of endemic channels as part of a pediatric antimicrobial Stewardship Program: when to turn on the alarms? Recommendations of pediatric ASP program

Londoño-Ruiz J, Gutiérrez-Tobar I, Bermúdez-Bohórquez N, Rodríguez Hernández A. Clínica Infantil Colsubsidio. Bogotá.
jp.londono81@gmail.com

Introduction. Pediatric Antimicrobial Stewardship Programs (ASP) consider DOT a fundamental measure to quantify ASP impact, novel strategies have been described but no endemic channels (EC) to compare antibiotic use within historical patterns. This report describes the process of constructing EC and the analyses of its interpretation. **Materials and methods.** Descriptive study, presenting the construction, implementation, and analysis of EC. Median and quartile method, as well as Geometric Mean (GM) and confidence intervals (CI) methods using DOT of the last 4 years were used. ECs were also elaborated in critical services (PICU). **Results.** GM and CI method was more sensitive to identify changes in antimicrobial use. Ceftriaxone increased its use starting

in December 2021, reaching the warning zone in March 2022, in relationship with increased cases of bacterial and complicated pneumonia. Piperacillin-tazobactam showed an important increase in PICU during the first 8 months of 2021, reaching alert zone until August 2021, after that and until now its use decreased, this variation was related to a modification in the presentation of complicated appendicitis during COVID 19 pandemic restrictions. Ampicillin-sulbactam, increased its use since January 2022 because of a change in local guidelines regarding the recommendation of its use in appendicitis and peritonitis. Changes identified in each EC allowed us to take different conducts. **Conclusions.** EC allowed us to construct a new tool to measure ASP impact, internal comparison of antibiotic use facilitated taking timely interventions. EC could be useful for all pediatric and adult ASP.

18. Vigilancia centinela de neumonías bacterianas en menores de 5 años, HOMI: Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia. Bogotá-Colombia 2016-2021.

Camacho-Moreno G, Duarte C, Palacios J, Calvo A, Talavera I, Moreno J, Maldonado L, Jerez D, García C, Jiménez K, Perdomo-Rojas M, Monrroy L, Sanabria O, Elizalde-Rodríguez Y. HOMI, Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia. Universidad Nacional de Colombia. Instituto Nacional De Salud. Ministerio de Salud y Protección Social. Secretaría Distrital Salud. Organización Panamericana de la Salud. Bogotá. yelizalde@ins.gov.co

Introducción. La neumonía bacteriana (NB) es una de las primeras causas de hospitalización y muerte en <5 años, los principales causantes son *Streptococcus pneumoniae* (Spn) y *Haemophilus influenzae* (Hi). Colombia implementó vacuna contra Hib en 1997 esquema 3+0 y con PCV10 en 2012, esquema 2+1. **Materiales y métodos.** Se realizó búsqueda activa diaria de casos de acuerdo con el protocolo de la OPS. A los casos probables se tomó hemocultivos y los positivos para Spn y Hi se enviaron al Instituto Nacional de salud a través del Laboratorio distrital para su serotipificación. Se analizaron los datos de enero 2016-diciembre 2021. **Resultados.** 56.042 casos sospechosos de NB, 56% < 2 años. La mayor incidencia entre marzo y junio. 2639(44,5%) probables, se tomó hemocultivo a 2.325(90%), confirmando 149(7,2%) casos. Spn 66(44,3%), Hi 27(18,1%) y otras bacterias 56(37,5%). Se serotipificó al 92% de los aislamientos de Spn y el 77,7% de Hi. Los serotipos de Spn más frecuentes fueron Spn19A: 26(37,6%), Spn3: 12(17,4%) y Spn14: 5(7,2%). Los Hi más frecuentes fueron No tipificables 13(61,9%) y Hi serotipo b 6(28,5). La tasa de hospitalización por NBA fue 90/1000 niños < 5 años. 50 pacientes fallecieron. La letalidad fue 1,8% de los casos probables. **Conclusiones.** La vigilancia centinela permite determinar cambios en la epidemiología, información útil para medir el impacto de las vacunas. La NB se presenta en mayor proporción en los menores de 2 años. El Spn19A es el microorganismo más frecuente. El Hi más frecuente es el no tipificable, aún se observan casos de Hib.

19. Outbreak of gastrointestinal infections caused by *Yersinia enterocolitica* in children, Medellín-Colombia.

Galvis-Ayala J, Beltrán C, Sierra-Álzate E, Montaña-Céspedes A, Ramírez-Briñez F, Villa-Franco J, Robledo-Restrepo C, Robledo-Restrepo J. Laboratorio Médico De Referencia. Clínica El Rosario. Medellín. julian.galvis.labmedico@gmail.com

Introduction. The main objective of this study was to describe the clinical and epidemiological features of cases of gastrointestinal infection caused by *Yersinia enterocolitica* in a pediatric population. **Materials and methods.** A retrospective descriptive observational study was carried out with the information recorded in clinical charts of gastrointestinal infection cases caused by *Y. enterocolitica* in pediatric population of two hospital institutions in Medellín, Colombia. The microorganism identification was carried out directly from stool samples using molecular biology techniques and from stool cultures using mass spectrometry. In addition, space-time simulations and antibiotic susceptibility profiles were carried out using Whonet 5.6 and the CLSI 2018 guide. **Results.** A total of 37 cases were identified in children under 15 years of age; between November 2020 and January 2021, 45.9% of cases were in children aged 1 to 5 years. Most children had diarrhea (97.3%) and fever (67.6%), 21.6% had abdominal pain and vomiting, and 13.5% had hyporexia. Sixteen of the patients (43.2%) received azithromycin, 24.3% (n=9) received ceftriaxone, and 13.5% (n=5) received a combined treatment of ceftriaxone and azithromycin or azithromycin and metronidazole. Based on Space-time

simulations, the clonality analysis, and the characteristics of the cases suggest a community outbreak of unknown origin. **Conclusions.** The findings obtained in the present study, clonality analyses, and epidemiological research carried out by the Health Secretary of Medellín suggest a community origin of the outbreak. However, it was not possible to identify the source.

20. STAPHYLORED, Red de vigilancia de las infecciones por *S. aureus* en población pediátrica en Colombia: desarrollo y resultados preliminares de un trabajo colaborativo (2018-2021).

Gutiérrez-Tobar I, Carvajal C, Von Moltke R, Vásquez P, Camacho J, Andrade J, Londoño J, Camacho-Moreno G, Chaucanez Y, González N, Díaz A, Mesa J, Mariño C, Beltrán M, Beltrán C, Vivas R, Rodríguez Y, Calle J, Araque P. Clínica Infantil Santa María Del Lago. Universidad: Finis Terrae; Chile. Fundación Universitaria De Ciencias De La Salud. Universidad El Bosque. Clínica Infantil Colsubsidio. Fundación Hospital Pediátrico De La Misericordia. Hospital Infantil Los Ángeles: Pasto. Hospital Infantil De La Cruz Roja: Manizales. Hospital Pablo Tobón Uribe: Medellín. Hospital General De Medellín. Hospital Militar Central. Hospital San José Centro. Clínica El Rosario; Medellín. Clínica Soma; Medellín. Clínica Del Country. Clínica Farallones. Clínica La Colina. Bogotá. ifgutierrez@colsanitas.com

Introducción. Las infecciones por *S. aureus* son causa de morbimortalidad en pediatría. El objetivo es describir el desarrollo y resultados preliminares de STAPHYLORED, red colombiana para vigilar características epidemiológicas y microbiológicas de las infecciones por *S. aureus* en pediatría. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo, descriptivo, en pacientes con infecciones por *S. aureus*, en 14 centros en Colombia. Incluye un aislamiento por paciente/mes. Describe desarrollo de la red, características de los centros, características epidemiológicas y microbiológicas del aislamiento (WHONET). **Resultados.** Se utilizó aplicación REDCap, para comunicación con los centros (invitación, aval, seguimiento, carga de datos etc.) y monitoreo del estudio. Usando lenguaje y entorno gratuito para la computación estadística llamado R y del uso de la API (interfaz de programación de aplicaciones) de REDCap se hizo procesamiento y estandarización de datos incluidos. Se obtuvieron 5.108 aislamientos, de 1.828 pacientes, 2,8 muestras por paciente (1-21). El 57,1% (1.040) hombres. Centros de 5 ciudades de Colombia, 85% privados y 78% universitarios. Se identificó *S. aureus* meticilino resistente (SAMR) en 35,3% (633) de casos. SAMR más frecuente en Medellín (38,6%), menos en Manizales (28,1%) (p=0,013). Disminución de SAMR desde 2018 a 2021 (40,8% vs 25,3%) (p=0,002). La mayoría de aislamientos son sensibles a clindamicina, con ligero descenso 2018 vs 2021 (97,4% vs. 94,5%) (p= 0,086). El 99% de los aislamientos fueron susceptibles a TPM – SMX. **Conclusiones.** Las redes de vigilancia son fundamentales para conocer el comportamiento de patógenos infecciosos, la integración con nuevas tecnologías facilita su seguimiento y mantenimiento. Existen diferencias geográficas en *S. aureus* que hacen necesaria su vigilancia.

21. Vigilancia centinela de meningitis bacterianas en menores de 5 años, HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia, Bogotá-Colombia, 2016-2020.

Elizalde-Rodríguez Y, Talavera I, Palacios J, Duarte C, Maldonado L, Perdomo-Rojas M, Moreno J, Sanabria O, Sabogal E, García C, Jerez D, Monrroy L, Camacho-Moreno G. Instituto Nacional De Salud. Organización Panamericana de la Salud. Ministerio de Salud y Protección Social. Secretaria Distrital De Salud de Bogotá. Servicios De Salud SCO. HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia. Bogotá. yelizalde@ins.gov.co

Introducción. Las meningitis causadas por *Streptococcus pneumoniae* (Spn), *Haemophilus influenzae* (Hi) y *Neisseria meningitidis* (Nm) se consideran un problema en salud pública. Colombia realiza la vigilancia centinela de meningitis bacterianas (MBA) en el HOMI, y es parte de la red IB-VPD (Global Invasive Bacterial Vaccine-Preventable Diseases). El objetivo es describir características clínicas, epidemiológicas y de laboratorio de casos de MBA en <5 años identificados durante 2016-2020. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de 2016 a 2020, se realizó búsqueda activa institucional, revisión de historias clínicas con definición de caso según OPS. Para el análisis de la información se utilizó la base de Vigilancia de Nuevas Vacunas (VINUVA) de OPS/OMS. **Resultados.** se estudiaron 338 casos sospechosos de MBA en menores de 5 años, el 24% (82/338) fueron probables, el 54,9% (45/82) confirmados,

se identificó Spn en el 15,5% (7/45), Hi 15,5% (7/45), 11,1% (5/45) Nm y otros agentes 57,8%(26/45); el 85,7% de Spn se detectaron por prueba molecular y no tienen serotipo, 1(14,3%) Spn fue 23B, el 71% Hi son serotipo b y el 60%(3) de Nm serogrupo C. El 81,7% menores de dos años, el 58,5% sexo masculino. Los signos y síntomas frecuentes: fiebre, convulsiones y letargia. La tasa de hospitalización por MBA fue 1,3 por 1.000 < 5 años y la letalidad 15,3%. **Conclusiones.** Los casos confirmados de meningitis prevalecen en menores de dos años, Spn y Hib son los microorganismos más frecuentes, el serogrupo b de Hi es más frecuente. La vigilancia centinela permite medir el impacto de intervenciones en salud pública y evaluar el impacto de las vacunas ya utilizadas.

22. Factores asociados a hospitalización de niños por bronquiolitis viral en la ciudad de Bogotá durante pandemia COVID-19.

Villamil-Osorio M, Rodríguez-Martínez C, Restrepo-Gualteros S, Camacho-Moreno G, Moyano-Ariza L, Peña S. HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia. Universidad Nacional de Colombia. Ministerio de Salud y Protección Social. Bogotá. mile_villamil1002@hotmail.com

Introducción. Se ha asociado la incidencia de infecciones virales con factores meteorológicos y ambientales. La pandemia de COVID-19 nos llevó a cambios socioambientales con reducción en las hospitalizaciones por bronquiolitis. Nuestro objetivo fue evaluar factores asociados a hospitalización por bronquiolitis durante pandemia, pensando en estrategias futuras para prevenir hospitalizaciones por dicha causa. **Materiales y métodos.** Se analizaron todos los casos de pacientes hospitalizados CIE10 para bronquiolitis viral de enero de 2019 a noviembre de 2021 en Bogotá y variables meteorológicas, contaminación ambiental, régimen de salud, género y edad. Se realizó un modelo de regresión logística para infección durante pandemia con el paquete estadístico STATA **Resultados.** Se analizaron 12.765 registros, se encontró diferencia con significación estadística entre variables ambientales y de contaminación durante pandemia vs no pandemia. Modelo de regresión logística: Edad < 1 año OR3,14, Contributivo OR0,34, prepagada OR0,116, PM2,5ug OR1,25, ozonoum3: OR 6,67, dióxido de azufre ugm3, OR0,00 dióxido de nitrógeno ugm3 OR0,04, monóxido de carbono ugmm3 OR0,99, precipitación OR1,02, Temperatura OR1,57, velocidad del viento OR4,9. **Conclusiones.** Las hospitalizaciones por bronquiolitis viral durante la pandemia redujeron marcadamente, con mayor riesgo niños < 1 año de edad, asociado además al régimen de afiliación, concentraciones de material particulado 2,5ug/mm3, este es un buen indicador de la contaminación atmosférica y refuerza la necesidad de controlar la contaminación. La asociación inversa con concentraciones de contaminantes primarios nos lleva a evaluar las diferentes exposiciones de los niños. Precipitación, velocidad del viento y temperatura se asociaron aumentando el riesgo de hospitalización lo que sugiere que se debe tener en cuenta estos factores para programar las actividades de los niños.

23. Descripción de la cobertura y oportunidad vacunal para Pentavalente y Triple Viral en menores de 6 años entre los años 2018 y 2020 en Santiago de Cali, Colombia.

Alarcón L, Arturo G, Pacheco R, Paz-Arcos M, Albán-Silva J, Cabrera-Barona V, Arboleda-Jaramillo K. Secretaría de Salud Distrital de Santiago de Cali. Universidad ICESI. Cali. kevin99jaramillo@gmail.com

Introducción. Según la Organización Mundial de la Salud, la vacunación es el proceso que lleva a generar inmunidad frente a diferentes enfermedades infecciosas prevenibles y esto representa una de las intervenciones sanitarias más costo efectivas a nivel mundial. Con la creación del Programa Ampliado de Inmunizaciones (PAI) en 1977, se aumentó el promedio de vacunas administradas, brindando mayor protección. En el PAI se incluye la Pentavalente, con 3 dosis y la Triple viral con 2 dosis. El objetivo es describir la cobertura y oportunidad vacunal de la Pentavalente y Triple Viral en los menores de 6 años en Cali, en el periodo del 2018 al 2020. Además, describir demográficamente la población y los patrones geográficos del no cumplimiento de la oportunidad vacunal. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo de corte transversal con muestra de 5 bases de datos de la Secretaría de Salud Distrital de Santiago de Cali con registro de los menores vacunados entre el 2018 y el 2020. **Resultados.** La cobertura vacunal para Pentavalente y Triple viral estuvo por encima del 95%, la oportunidad general para ambos biológicos por debajo del 90%. Se relacionaron variables, mostrando mejor oportunidad en el régimen contributivo en la vacuna Pentavalente. **Conclusiones.** La cobertura

vacunal en Cali es útil, aunque la oportunidad es inferior a la esperada para las dos vacunas, debido a factores internos y externos al programa. Se recomienda la realización de estudios adicionales que permitan conocer las barreras y los motivos de no vacunación en niños y niñas menores de seis años en Cali.

24. Uso de polimixinas en niños y adolescentes en una clínica de alta complejidad.

Barco-Cabrera C, Reina Y, Dávalos D, López P, Tulcán-Toro R, Cantor E, López-Medina E. Universidad del Valle. Universidad ICESI. Centro Estudios Infectología Pediátrica CEIP. Universidad de Nariño. Cali. deisy.barco@correounivalle.edu.co

Introducción. El uso de polimixinas ha incrementado dado la mayor frecuencia de infecciones por Gram-negativos resistentes a carbapenémicos (GRC). Describimos nuestra experiencia con el uso de polimixinas y evaluamos seguridad y factores asociados a su éxito terapéutico. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo, niños < 18 años, que recibieron polimixina IV por ≥ 3 días en un periodo de 3,9 años. Se ajustó un modelo de regresión logística Bayesiano para identificar los factores relacionados al éxito terapéutico. **Resultados.** Hubo 40 eventos de uso de polimixina, en 30 niños (9 años [RIQ 7-15], 63% hombres, 24% LLA, 20% LMA, 20% otras enfermedades crónicas). 28 eventos (70%) con éxito terapéutico, solo 19 (47,5%) tuvieron éxito terapéutico sin toxicidad. Con base en el modelo bayesiano, se encontró que por cada año adicional en el que incrementa la edad, la probabilidad de obtener éxito terapéutico disminuye en 35% (OR 0,65; 0,49-0,80). Por cada hora que transcurre entre el inicio de la fiebre y el inicio de tratamiento efectivo según antibiograma, la probabilidad de éxito terapéutico disminuye 7% (OR 0,93; 0,88- 0,97). El uso de una terapia empírica adecuada incrementa la oportunidad de éxito terapéutico (OR 121,36; 2,90-11.477,95), al igual que el tratamiento concomitante con no carbapenémicos (OR 6,87; 1,04-71,01). Los efectos adversos por uso de polimixina se presentaron en 17 eventos (42,5%); 14 por nefrotoxicidad y 3 neurotoxicidad. **Conclusiones.** En regiones con alta frecuencia de GRC, es necesario disponer de nuevos antibióticos con mayor efectividad y seguridad.

INFECTOLOGÍA ADULTOS

25. Factores de riesgo asociados con complicaciones en osteomielitis por bacterias anaerobias estrictas en pacientes hospitalizados en una institución de alta complejidad de Medellín, 2011-2019.

Herrera-Ibáñez C, Salazar-González C. IPS Universitaria, Escuela De Microbiología: Universidad de Antioquia. Medellín. clarlin27@gmail.com

Introducción. En Colombia existen pocos estudios publicados sobre osteomielitis causadas por bacterias anaerobias. El objetivo fue analizar los factores asociados a la aparición de las complicaciones de la osteomielitis causada por bacterias anaerobias. **Materiales y métodos.** Estudio observacional de cohorte retrospectiva. El diagnóstico de osteomielitis basado en examen clínico de especialistas y/o imagenología. Se incluyeron pacientes con al menos un año de seguimiento clínico y se evaluaron características sociodemográficas, clínicas y microbiológicas y perfiles de resistencia. El análisis de los factores asociados con las complicaciones: recaída, pérdida de la extremidad y muerte, fue realizado mediante el modelo de riesgos proporcionales de Cox. **Resultados.** Se reclutaron 79 pacientes, 72,2% hombres (n=57). Con complicaciones 46 (58,2%), recaídas 21 (26,5%), pérdida de la extremidad 17 (21,5%) y 8 fallecieron (10,1%). La mediana de tiempo para la presentación de estas complicaciones fue de 3 (RIC 2-4), 2 (RIC 1-4) y 4 meses (RIC 1-13); respectivamente. Bacterias más frecuentes: *Bacteroides fragilis* (45,3%; n=39) y *Finexgoldia magna* (10,5%; n=9). *B. fragilis* con betalactamasas (81,8%; n=18), resistencia a clindamicina (46,6%) y metronidazol (9,1%), se encontró asociación entre diabetes (HR= 1,92; IC95% 1,12-13; p=0,03), trauma previo (p=0,03; IC95% 1,08-22,2; HR= 4,92), y amputación previa (p=0,005; IC95% 2,07-54,4; HR= 2,67) con pérdida de la extremidad. Paraplejía (p=0,03; IC95% 1,07- 8,81; HR= 3,08) como un factor de riesgo asociado con la recaída. **Conclusiones.** Se evidenció que las osteomielitis por bacterias anaerobias presentan diversas complicaciones, por tal razón, el abordaje del paciente debe considerar características como la diabetes, paraplejía, traumas y procedimientos previos como posibles factores de riesgo.

26. Impacto de una estrategia de prevención de la reactivación de CMV con ganciclovir y valaciclovir a dosis alta en pacientes con trasplante alogénico haploidéntico de progenitores hematopoyéticos.

López-Mora M, Mora-Figueroa E, Guarín A, Pinzón P, Peña O, Figueroa J, Gómez C, Pedraza E, Lamadrid C, López G, Villamizar L. Clínica De Marly. Bogotá.
mjlopezun@hotmail.com

Introducción. La reactivación de CMV (citomegalovirus) en pacientes con trasplante haploidéntico de progenitores hematopoyéticos es una causa de morbi-mortalidad y aumento de costos. La profilaxis disponible está limitada por su toxicidad y costo. Presentamos nuestra experiencia con una estrategia profiláctica con ganciclovir pretrasplante y valaciclovir a dosis alta posttrasplante (gan-vala). **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo de cohortes, realizado entre 2015 y 2021. Comparamos la profilaxis con gan-vala (ganciclovir 5 mg/Kg c/12 h desde el día -6 al -3 y valaciclovir 1 gr VO c/8h desde el día -2 al +100 -o aciclovir 500 mg/m² c/8 h IV en caso de intolerancia oral-) y la estrategia anticipada (realización de carga viral para CMV dos veces c/semana, si era > a 500 cop/mL se iniciaba tratamiento con ganciclovir, val-ganciclovir o foscarnet a criterio del tratante). **Resultados.** Incluimos 140 trasplantes haploidénticos en 136 pacientes, 90 pacientes con profilaxis con gan-vala y 50 con estrategia anticipada. La tasa de reactivación de CMV total fue del 53,3% vs. 62% (p=0,357), reactivación al día 30 15,73% vs. 28% (p=0,083) y al día 100 51,69% vs. 60% (p=0,345). La indicación de hospitalización por CMV fue del 14,58% vs 29,03% (p=0,119). No encontramos diferencias en la disfunción del injerto, falla primaria, ni falla secundaria. **Conclusiones.** La estrategia de profilaxis con gan-vala no mostró un impacto en la tasa de reactivación de CMV total, ni temprana, así como tampoco en el requerimiento de hospitalización por CMV o desenlaces adversos relacionados con el injerto.

27. Etiología de las Infecciones de Transmisión Sexual (ITS) por la técnica de PCR múltiple, en pacientes atendidos en el Laboratorio Clínico VID, Medellín.

Estrada S, López C, Quintero D, Arango C. Laboratorio Clínico Vid. Medellín.
santiago52@gmail.com

Introducción. Según la OMS las ITS son un problema creciente de salud pública, se asume que se infectan diariamente un millón de personas y que el 70% son asintomáticas. **Materiales y métodos.** Se trata de un estudio de serie de casos, a quienes se les realizó PCR múltiple de Master diagnóstica. A las mujeres se les tomó principalmente muestra endocervical, a los hombres (la mayoría) se les procesó orina y a los hombres que tienen sexo con hombres (HSH) se les procesó hisopado rectal. **Resultados.** Se presentan los resultados de 184 pacientes: 40 mujeres y 144 hombres, a quienes se les identificaron 210 microorganismos distribuidos así: *C.trachomatis* (A-K): 62, *N. gonorrhoeae*: 47, HSV-2: 43, *M. genitalium*: 19, *C. trachomatis* (L1-L3): 17, HSV-1: 10, *T. vaginalis*: 6, *T. pallidum*: 6. En algunos pacientes se identificó más de un microorganismo en la misma muestra, así: en cinco mujeres (2 microorganismos), en un hombre (4 microorganismos), en ocho hombres (2 microorganismos), en un HSH (3 microorganismos) y en seis hombres (2 microorganismos). **Conclusiones.** La técnica de PCR múltiple permite en una sola muestra detectar hasta 10 microorganismos en pacientes sintomáticos y asintomáticos.

28. Implementación de protocolo rutinario con dos sets de hemocultivos en una institución de salud en Colombia.

Roncancio-Villamil G, Atehortúa-Montoya M, Duque-Restrepo C, Jaramillo-Acosta J, Franco-Restrepo L. Clínica Cardio Vid. Institución Universitaria Colegio Mayor De Antioquia. Medellín.
roncancio@gmail.com

Introducción. El uso de hemocultivos (HC) para bacterias anaerobias es un procedimiento estándar, pero la justificación de esta práctica aún está en debate. En nuestro medio no está sistematizada la práctica de HC para anaerobios ni el número específico de botellas. **Materiales y métodos.** Estudio de antes y después en institución de IV nivel. Entre enero y marzo de 2021 los médicos determinaban número y tipo de botellas de HC, luego se cambió protocolo de adultos, obligando a toma de 2 sets de HC por diferente punción (40 mL en total), cada uno compuesto por una botella de aerobios y una de anaerobios. La incubación (5 d) y la identificación bacteriana se realizó usando procedi-

mientos estándar. Los aislamientos se identificaron con VITEK-2 (BioMerieux). Se evaluaron datos de pacientes para definir si aislados eran contaminantes. Se realizó comparación de medias sobre frecuencias de HC +. **Resultados.** 506 pacientes, 1.014 botellas, 95% de adherencia a implementación. Grupo sin intervención: 394 y 242 botellas para aerobios y anaerobios respectivamente. En grupo de intervención fueron 615 y 585 botellas, respectivamente. % de positividad fue de 22,6% (sin intervención) y 20,5% (con intervención). El % de contaminación correspondió a 4% y 3,5%. Tras implementar el protocolo, 11% de los HC eran anaerobios, la detección de *E. coli*, *Staphylococcus spp.* y *Streptococcus spp.* aumentó 54%, 18% y 141%. **Conclusiones.** El protocolo de 2 sets de HC mejora la detección de anaerobios y estreptococos. En algunas instituciones, de acuerdo a perfil microbiológico, tomar 4 botellas puede impactar sobre elección terapéutica.

29. Predictores de bacteriemia en una cohorte de pacientes adultos hospitalizados con pielonefritis por Escherichia coli.

Álvarez-Hernández S, Sánchez R, Cortés-Luna J. Hospital Universitario Nacional de Colombia. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
slalvarezh@unal.edu.co

Introducción. La bacteriemia es una complicación poco frecuente, aunque de mayor severidad en pacientes con pielonefritis. El objetivo del estudio fue establecer variables predictoras de un hemocultivo positivo en pacientes con pielonefritis por *E. coli*. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva de pacientes con pielonefritis entre enero de 2013 y junio de 2020 en un Hospital de tercer nivel (Clínica Reina Sofía, Bogotá). Los criterios de inclusión fueron: hospitalización adultos con diagnóstico de pielonefritis y urocultivo positivo para *E. coli*. Los criterios de exclusión fueron: traslado a otra institución y cambio de antibiótico en las primeras 24 horas. Para establecer los predictores se realizó un modelo de regresión logística multivariado con desenlace de tener un hemocultivo positivo. **Resultados.** Se incluyeron 817 pacientes con pielonefritis por *E. coli*, con un promedio de edad de 64, años, 67% mujeres, 90% infección complicada, con una mediana de Charlson de 4 (3-5), con diabetes en 18%, inmunosupresión (cáncer, medicamentos) en 18%, patología de la vía urinaria en 17% y cirugía urológica previa en 3,2%. Se identificaron como predictores de bacteriemia el antecedente de cirugía urológica, PCR (por cada 100mg/dL), edad (por cada década) con OR de 8,8 (IC95% 2,1-31,9), 1,48 (1,05-2,05), y 1,36 (1,13-1,68), respectivamente. **Conclusiones.** Las variables que predicen la bacteriemia en pacientes con pielonefritis por *E. coli* en adultos incluyen el antecedente de cirugía urológica, la edad y el valor de la PCR. En estos pacientes se debe considerar la toma rutinaria de hemocultivo para confirmación microbiológica y potencial ajuste terapéutico.

30. Microbiota pulmonar en pacientes HIV - neumonía y su efecto en la función pulmonar: estudio de cohorte, Colombia.

Peña-Valencia K, Isaza J, Becker M, Head B, López L, Peña-Valencia J, Rodríguez-Sabogal I, Marín D, Aguilar Y, Vélez L, Keynan Y, Rueda Z. Universidad de Antioquia. Universidad Pontificia Bolivariana. National Microbiology Laboratory at Jc Wilt Infectious Diseases Research Center, Department of Medical Microbiology and Infectious Disease: Winnipeg Manitoba, Canadá. Jirka It Company. I+d. Hospital Universitario San Vicente Fundación. Medellín.
katherine.penav@udea.edu.co

Introducción. Se sabe poco sobre la microbiota pulmonar en pacientes con infección por VIH y neumonía y su efecto sobre la función pulmonar. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte prospectivo en pacientes con neumonía y/o infección por VIH en el año 2018 en tres instituciones de Medellín, Colombia. Se excluyeron los pacientes que recibieron antibióticos por más de 72 horas, inmunosupresión severa por otras causas y enfermedad pulmonar severa. Se recogieron datos clínicos, microbiológicos y espirométricos al inicio y a los seis meses de seguimiento. La microbiota se estudió en esputo inducido (EI) y lavado broncoalveolar (BAL) y se procesó mediante secuenciación de gen 16s rRNA en la plataforma Illumina MiSeq. **Resultados.** Se tamizaron 248 pacientes y se incluyeron 64 así: HIV+/neumonía+ (n= 27), HIV+/neumonía- (n= 30), HIV-/neumonía+ (n= 7). El 70,3% fueron hombres, 76,6% tenía entre 25 y 64 años. Los microorganismos más frecuentes en el grupo HIV+/neumonía+ por métodos convencionales fueron: *Mycobacterium tuberculosis* (21,9%), *Pneumocystis jirovecii* (7,8%), y *Streptococcus pneumoniae* (4,7%). La microbioma pulmonar difiere entre los grupos de estudio, al inicio y final del seguimiento, y entre las muestras de lavado broncoalveolar y esputo inducido.

El grupo HIV+/neumonía+ tuvo una tasa de función pulmonar más baja en comparación con el grupo VIH. **Conclusiones.** La microbiota pulmonar difiere entre los grupos de estudio, al inicio y a final del seguimiento, y entre las muestras de BAL y EI. En el grupo con HIV+/neumonía+ la función pulmonar se afectó al inicio y mejoró significativamente en los primeros meses después del episodio agudo por neumonía.

31. D-index como factor de riesgo para infección fúngica invasora, en pacientes con leucemia linfoblástica aguda de un centro hematológico de referencia de Bogotá.

Domínguez-Gómez C, Enciso-Olivera L, Cuervo-Maldonado S, Espinel-Pachón C. Universidad Nacional de Colombia. Instituto Nacional de Cancerología. Bogotá.
cdominguezg@unal.edu.co

Introducción. Los pacientes con neoplasias hematológicas son huéspedes susceptibles por el desarrollo de infección fúngica invasora. Actualmente, se dispone de estrategias de profilaxis antifúngica, esquemas de tratamiento antimicótico y, se reconoce como uno de los principales factores de riesgo, la neutropenia profunda y prolongada. El D-index acumulado es un parámetro cuantitativo diseñado en 2009, que determina la severidad de la neutropenia, evaluando el déficit acumulativo de neutrófilos <500 células/ μ L, desde el inicio del episodio hasta la aparición de la primera manifestación clínica de infección. El presente estudio propone estimar la fuerza de asociación del D-index acumulado, para el desarrollo de infección fúngica invasora, en pacientes con leucemia linfoblástica aguda. **Materiales y métodos.** Estudio de casos y controles, en mayores de 18 años, con leucemia linfoblástica aguda, admitidos entre 2009 y 2019 en el Instituto Nacional de Cancerología, para quimioterapia de inducción y consolidación. **Resultados.** Se incluyeron 156 pacientes, quienes recibieron 264 ciclos de quimioterapia, siendo estos últimos la unidad de análisis. Se construyó un modelo GEE para analizar datos correlacionados. En este modelo se incluyeron 3 variables cuantitativas continuas: edad (años), el D-index y la neutropenia profunda (días). El OR para la variable D-index en este modelo fue de 1,000304 (IC 95% 1,000178 a 1,00043) (p-Valor < 0,0001). **Conclusiones.** El c-D-index demostró asociación con el desarrollo de infección fúngica invasora, en pacientes con leucemia linfoblástica aguda.

32. Educación continua para la implementación de guías de práctica clínica en el marco de un programa de optimización de antimicrobianos (PROA): experiencia en un hospital universitario de referencia en Bogotá.

Valderrama-Ríos C, Álvarez-Moreno C, Cortés-Luna J. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
mavalderramar@unal.edu.co

Introducción. El diseño y ejecución de estrategias de formación continua dirigidas al personal que hace parte de procesos de prescripción, administración y control de antimicrobianos es un aspecto fundamental en la implementación y consolidación de los PROAs. El objetivo del presente estudio es describir la experiencia exitosa de diseño e implementación de una estrategia educativa soportada en herramientas digitales en un hospital universitario. **Materiales y métodos.** Estudio cuasiexperimental antes-después, realizado en el Hospital Universitario Nacional de Colombia entre abril/2021 y mayo/2022, con una evaluación inicial (antes), el diseño e implementación de un curso en línea y una aplicación móvil (app) sobre el uso de antimicrobianos en profilaxis prequirúrgica, considerada la intervención, y una evaluación posterior (después). Los participantes fueron los profesionales a cargo de la prescripción de antimicrobianos. El resultado primario es la proporción de prescripciones de acuerdo con la guía de práctica clínica (GPC) antes y después de la intervención. **Resultados.** Las herramientas digitales fueron lanzadas en agosto-octubre de 2021. La comparación de prescripciones en los periodos de tiempo antes y después de la intervención (mayo, junio, julio/2021 vs. febrero, marzo, abril/2022) evidencia un incremento clínicamente significativo en la adherencia a las recomendaciones de la GPC: antibiótico (84% [n = 164] vs 92% [n = 224]; p = 0,012), dosis (78% [n = 128] vs. 94% [n = 211]; p = 0,000), duración posoperatoria (77% [n = 140] vs. 82% [n = 193]; p = 0,131). **Conclusiones.** Las estrategias de formación continua favorecen la implementación de las GPCs y el fortalecimiento de los PROAs.

EPIDEMIOLOGÍA HOSPITALARIA, INFECCIONES INTRAHOSPITALARIAS Y CONTROL DE INFECCIONES

33. Composición del microbioma nasal en pacientes de una Unidad de Cuidados Intensivos (UCI) de un hospital de tercer nivel en Colombia.

Loaiza S, Malavet T, Martínez J, Ordoñez K, Rincón S, Castro B, Pacheco M, Forero N, Carvajal L, Rodríguez Y, Díaz L, Reyes J. Unidad de Genética y Resistencia Antimicrobiana: Universidad El Bosque. E.S.E. Hospital San Jorge de Pereira. Bogotá.
thomaso1515@gmail.com

Introducción. Las variaciones en el microbioma nasal se han relacionado con alteraciones en la homeostasis corporal y por lo tanto, podrían impactar en el desarrollo de desenlaces adversos. Este estudio determinó la composición del microbioma nasal en pacientes críticos que desarrollaron infección. **Materiales y métodos.** Estudio de cohortes en el que se tomaron hisopados nasales al ingreso de 96 pacientes adultos que fueron admitidos en UCI de un hospital en Pereira durante 2019-2021. Se caracterizó el microbioma mediante secuenciación de la región V4 del ARNr 16S. Se calcularon los índices de alfa-diversidad (Riqueza, Shannon y Simpson) y se utilizó la prueba estadística Kruskal-Wallis para determinar diferencias en el microbioma entre los pacientes que desarrollaron infección con confirmación microbiológica y aquellos que no. Por la prueba de Welch se calcularon los géneros más predominantes entre los grupos mencionados. **Resultados.** En los primeros 7 días de seguimiento 29 de los 96 pacientes desarrollaron infección. Los índices de alfa-diversidad de los microbiomas nasales mostraron diferencias significativas (Shannon (p= 0,047) y Simpson (p= 0,043)). Así mismo, se observó una mayor proporción de *Prevotella* (p= 0,041), *Alloprevotella* (p= 0,025) y *Peptostreptococcus* (p= 0,014) en pacientes que desarrollaron infección. **Conclusiones.** Nuestros resultados indican que las variaciones en la composición del microbioma nasal y la predominancia de géneros bacterianos en la mucosa nasal de pacientes críticos podrían tener un impacto en el desarrollo de infección. El análisis del microbioma nasal puede contribuir en la predicción y manejo de factores asociados al desarrollo de infecciones en pacientes críticamente enfermos. Min Ciencias CT7762018/Código: 130880764152 y CT489-202

34. Caracterización genotípica de carbapenemasas de *K. pneumoniae* y *E. coli* aisladas de muestras pediátricas en el Hospital General de Enfermedades del Instituto Guatemalteco de Seguridad Social.

Gil-Cordón R, Arévalo-Valdez E, Barillas-Aragón S. Instituto Guatemalteco de Seguridad Social. Guatemala.
luna912016@gmail.com

Introducción. La resistencia antibiótica es un problema global. Entre los patógenos prioritarios definidos por la OMS están las enterobacterias resistentes a carbapenémicos (CRE), que aumentan tiempo, costo de hospitalización y mortalidad y reducen opciones terapéuticas. La detección temprana del tipo de carbapenemasa permite orientar abordaje terapéutico, conocer la epidemiología y controlar infecciones intrahospitalarias y brotes. El objetivo fue caracterizar genotípicamente las carbapenemasas de *E. coli* y *K. pneumoniae* de muestras pediátricas del Hospital General de Enfermedades (HGE) del Instituto Guatemalteco de Seguridad Social (IGSS) de Guatemala. **Materiales y métodos.** El estudio fue descriptivo, observacional, transversal. En pacientes del área de pediatría entre 01 de diciembre 2019 y el 31 de diciembre 2020, se analizaron cepas de *E. coli* y *K. pneumoniae* cuya CIM evidenciara resistencia a imipenem y/o ertapenem. La identificación genotípica se realizó por detección de los genes dianas (gen blaKPC, blaVIM, blaNDM, blaOXA-48 y blaIMP) mediante PCR en tiempo real (GeneXpert® Carba-R). Datos procesados en SPSS. **Resultados.** Se analizaron 62 cepas de *K. pneumoniae* y 24 de *E. coli* resistentes a carbapenémicos. El 96,77% y 95,83% respectivamente presentaron al menos un gen evaluado, el más prevalente fue blaNDM (59/60, 98,33% y 22/23, 95,65% respectivamente). Una cepa de *K. pneumoniae* presentó carbapenemasa blaKPC, una cepa de *E. coli* presentó blaNDM y blaKPC. No se encontraron genes para carbapenemasas VIM, IMP u OXA-48. El servicio con más aislamientos fue la Unidad de Cuidados Intensivos. Más de 33% de CRE se recuperaron de urocultivos. **Conclusiones.** La caracterización genotípica evidenció presencia del gen blaNDM en >95% de las CRE aisladas de muestras pediátricas del HGE del IGSS.

35. Eliminación de bacterias resistentes a betalactámicos en superficies mediante la utilización de pinturas antimicrobianas: una alternativa para el control de Infecciones Asociadas a la Atención en Salud (IAAS)

Salazar-Ospina L, Arroyave M, Mesa J, Montoya J, Jiménez-Quiceno N. Línea de Epidemiología Molecular y Resistencia Bacteriana, Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada MICROBA: Universidad de Antioquia. Línea Arquitectónica Pintuco. Medellín. lorena.salazar@udea.edu.co

Introducción. Las superficies se han relacionado con la diseminación de patógenos y el desarrollo de Infecciones Asociadas a la Atención en Salud (IAAS); por lo que la implementación de recubrimientos antimicrobianos en hospitales se convierte en una alternativa para mitigar la diseminación de estos patógenos en instituciones. Este trabajo evaluó la actividad antibacteriana de un recubrimiento de pintura Acril-Uretano contra *S. aureus* resistente a meticilina (SARM) y *E. coli* productora de betalactamasas de espectro extendido (BLEE). **Materiales y métodos.** Estudio experimental realizado utilizando la normativa industrial japonesa (JIS Z 2801) para superficies no porosas. Se utilizaron 3 superficies, dos sin recubrimiento antimicrobiano (control inoculo inmediato y control 24 h de incubación) y una con recubrimiento antimicrobiano (24 horas de incubación). Cada microorganismo se evaluó independientemente en 16 cm² de la superficie (6,2x10³-2,5x10⁴ células/cm²). Cada superficie se lavó y se realizaron diluciones seriadas para recuento en placa. El experimento se realizó por triplicado. Se evaluó la repetibilidad, el promedio de bacterias viables en las superficies control y se calculó la efectividad antibacteriana. **Resultados.** Los experimentos cumplieron los criterios de validación de la prueba. Los resultados mostraron una reducción logarítmica de 4,55 Log de SARM y de 6,02 Log de *E. coli* productora de BLEE durante una exposición de 24h; lo cual correspondió a una eliminación de 9,1x10³ y 8,7x10³ células/cm² de SARM y *E. coli*-BLEE respectivamente. **Conclusiones.** La pintura antimicrobiana aseptia ultra Acril-Uretano presentó una actividad antibacteriana del 99,9970% y el 99,9999% contra SARM y *E. coli*-BLEE durante una exposición de 24h; lo cual, evidencia su uso potencial en el entorno hospitalario.

36. Cultivos intraoperatorios en pacientes con apendicitis complicada: desenlaces clínicos y perfiles de resistencia en un hospital de tercer nivel de complejidad en Medellín.

Chanci-Drago R, Guzmán-Arango N, Posada-Moreno P, Quintero-Riaza V, López-Sandoval T, Vanegas-Múnera J. Escuela de Ciencias de la Salud: Universidad Pontificia Bolivariana. Hospital Pablo Tobón Uribe. Medellín. romariochancidrago@gmail.com

Introducción. La toma de cultivo intraoperatorio en apendicitis complicada no es una práctica estandarizada, ya que se considera que el manejo antibiótico dirigido no ofrece ningún beneficio adicional en comparación con la terapia empírica. Analizamos el efecto de la antibioticoterapia guiada en la evolución clínica de este grupo de pacientes. **Materiales y métodos.** Estudio observacional de cohorte retrospectivo en pacientes operados por apendicitis aguda complicada en un hospital de tercer nivel de complejidad de Medellín, entre los años 2014 y 2021. El análisis estadístico incluyó un modelo multivariado de riesgos proporcionales de Cox para el análisis de la asociación entre la realización del cultivo intraoperatorio y los desenlaces de interés. **Resultados.** Se incluyeron 126 pacientes, de los cuales 51,6% (n=65) fueron hombres con una mediana de edad de 40 años (RIC 28-57). Se realizó cultivo intraoperatorio en 47 pacientes (37,3%), con resultado positivo en la mayoría de los casos (87,2%). El principal microorganismo aislado fue *Escherichia coli* (51%; n=36). El riesgo de infección de sitio operatorio fue menor en el grupo en quien se obtuvo muestra para cultivo en comparación con el grupo tratado con antibioticoterapia empírica (HR:0,35, IC95%:0,14-0,90; p=0,029). No hubo diferencia en términos de reintervención quirúrgica, reingreso y estancia en UCE/UCI. **Conclusiones.** La toma de cultivo intraoperatorio y posterior direccionamiento del manejo antibiótico en pacientes con apendicitis complicada disminuye las tasas de infección de sitio operatorio. Por el contrario, no ofrece ningún beneficio en términos de necesidad de reintervención, reingreso o estancia en unidades de alta dependencia.

37. Impacto en incidencia de lesiones en piel en UCI, secundario a implementación de un grupo de cuidados integrales de piel, heridas y ostomías en la Clínica Imbanaco Grupo Quirónsalud.

Portilla J, Pallares-Gutiérrez C, Vásquez K, Bedoya J, Ordoñez A, Ocampo D, Baena B, Orozco S, Mora M, González D. Clínica Imbanaco Grupo Quirónsalud. Cali. christian.pallares@imbanaco.com.co

Introducción. Los procedimientos estandarizados impactan la incidencia de complicaciones o eventos adversos. La integridad y el mantenimiento de la piel son indicador de calidad en atención. El objetivo del estudio fue evaluar el impacto en la incidencia de lesiones en piel en UCI secundario a la implementación de un grupo de cuidados integrales de piel, heridas y ostomías.

Materiales y métodos. Estudio de intervención antes-después. En 2020 se constituyó un programa para fortalecer actividades preventivas en piel e identificar oportunamente riesgos y complicaciones en cicatrización y prevención de lesiones asociadas a la dependencia. Se capacitó enfermería y se hicieron rondas de seguridad para verificar buenas prácticas. Luego se monitorizó incidencia de las lesiones en piel incluyendo gráficos de control "U" para determinar cambios en la tendencia de la tasa de lesiones en piel y desviaciones en su comportamiento. **Resultados.** Se realizaron 156 rondas entre 2020-2021, capacitando >130 colaboradores en cuidado de piel. La tasa de lesiones en piel 2020 fue 13,7 casos x 1.000 días estancia y 2021 7,8 casos x 1.000 días estancia; comparado con 2020 en 2021 hubo reducción de 57% en tasa de lesiones en piel (p<0,05). Las lesiones de piel prevalentes durante el período de estudio fueron por presión (>60%) y humedad (>23%). **Conclusiones.** Los programas de cuidado de piel, heridas y ostomías estandarizan buenas prácticas clínicas en los pacientes reduciendo lesiones en piel, además generan un sistema de vigilancia que incluye educación a familia y trabajadores de salud y selección del mejor tratamiento acorde con las necesidades del paciente.

38. Brote por *Candida auris* asociados a pacientes con SARS-CoV-2 de un Hospital de alta complejidad.

González-Zapata A, Escobar-Cortés L, Arias-Sánchez A, Rojas-Guloso A. Clínica Medical Duarte. Infected SAS - Clínica Santa Ana. Universidad Cooperativa De Colombia. Cúcuta. andresgo0711@gmail.com

Introducción. Durante el curso de la pandemia de COVID-19 hubo un incremento de casos de patógenos de vigilancia en salud pública, como *Candida auris*, asociado a aumento tasas de mortalidad y mayor tiempo de estancia. El objetivo del presente estudio fue describir el brote por *C. auris* en pacientes con SARS-CoV-2 en un centro de alta complejidad que se presentó entre noviembre del 2020 y abril del 2021. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional de tipo descriptivo en 14 pacientes con infección por SARS-CoV-2 con sobreinfección por *C. auris*. El diagnóstico se realizó siguiendo las directrices del Instituto Nacional de Salud (INS) de Colombia. **Resultados.** 14 pacientes con SARS-CoV-2 presentaron sobreinfección por *C. auris* confirmada mediante MALDI-TOF-MS. El 64,2% presentaron comorbilidades, la más frecuente la hipertensión arterial y la diabetes mellitus tipo II presentándose en un 42,8% (6/14) del número de casos estudiados, seguida de obesidad 35,7% (5/14). El 100% fueron resistente a azoles (voriconazol y fluconazol). El 50% de los pacientes fallecieron en enveto relacionado a la candidemia. **Conclusiones.** El ingreso a UCI de pacientes con SARS-CoV-2 puede favorecer la presencia de patógenos emergentes y brotes. Se describe el brote más grande por *C. auris* durante la pandemia en Colombia encontrando igual tasa de mortalidad a la reportada en la literatura y con un perfil de susceptibilidad diferente a lo reportado en otros países, las equinocandinas siguen siendo la primera opción.

39. Efecto del programa de uso racional de antimicrobianos en el uso de vancomicina en una unidad neonatal de alta complejidad. Medellín-Colombia.

Díaz A, Mesa J, Echavarría A, Jiménez C. Hospital General De Medellín. Envigado. alejodiaz81@gmail.com

Introducción. La vancomicina es uno de los antibióticos más utilizados en neonatos prematuros. Sin embargo, se teoriza que, en una gran proporción de pacientes, el uso es inadecuado. El objetivo fue evaluar el efecto de la implementación del programa de uso racional de antibióticos (PROA) institucional, en el uso de vancomicina en una unidad neonatal de alta complejidad. **Materiales y métodos.** Estudio unicéntrico, observacional, retrospectivo. Se comparó el consumo de vancomicina medido en Días de Terapia (DDT)/1000 días paciente (DP), pre y post-implementación del PROA. Se establecieron criterios estrictos para el uso de vancomicina: choque séptico, neumonía grave, infección de tejidos blandos y bacteriemia por cocos Gram positivos. A su vez, en los pacientes en quienes se iniciaba empíricamente, se protocolizó la suspensión en máximo 48h si no existía indicación y los hemocultivos permanecían negativos. Se obtuvieron datos de mortalidad cruda y de tasas de infección de

torrente sanguíneo (ITS) durante el mismo periodo para evaluar cambios significativos. **Resultados.** En el último cuarto de 2014 (pre-implementación), el consumo de vancomicina se situó en 198 [186-247] DDT/1000 DP. Desde 2015, el consumo disminuyó progresivamente y de forma sostenida y se calculó en 16,1 [8,5-25] DDT/1000 DP en 2021 ($p < 0,0001$). Durante este periodo, no se observó un aumento significativo de la tasa de ITS o de la mortalidad cruda. **Conclusiones.** La implementación del PROA demostró impacto positivo y sostenido en el uso de vancomicina. Esta estrategia permite disminuir la exposición innecesaria a los antimicrobianos y el ahorro de recursos sin incrementar la frecuencia de desenlaces negativos.

40. Seguimiento epidemiológico y genómico de aislamientos clínicos de *Pseudomonas aeruginosa* en una Institución hospitalaria de tercer nivel de complejidad en Bogotá, Colombia.

Cuello-Mejía, Aguilera Lozano M, Cortés-Luna J, Leal-Castro A, Osorio-Certuche N, Reguero-Reza M, Barreto-Hernández E. Universidad Nacional de Colombia. Hospital Universitario Nacional. Bogotá.
mcuellom@unal.edu.co

Introducción. *Pseudomonas aeruginosa* es uno de los principales microorganismos causantes de Infecciones Asociadas a la Atención en Salud IAAS, importante en el contexto epidemiológico actual debido a la emergencia de resistencia a los carbapenémicos. Teniendo en cuenta este planteamiento, el objetivo general del estudio consistió en determinar los perfiles genómicos de resistencia a antibióticos de *P. aeruginosa* en aislamientos clínicos, mediante secuenciación de genoma completo. **Materiales y métodos.** Para ello, se planteó un estudio prospectivo, descriptivo en una institución hospitalaria de tercer nivel de complejidad en Bogotá-Colombia, durante los años 2019 y 2020. Se analizaron aislamientos clínicos de *Pseudomonas aeruginosa* provenientes de pacientes hospitalizados y que además aceptaron participar en el estudio. **Resultados.** Se obtuvieron 41 aislamientos provenientes de 32 pacientes, secuenciados utilizando las plataformas Illumina y Oxford Nanopore. En cuanto a los genomas analizados, se anotaron 103 genes diferentes mediadores de resistencia. Se detectó la presencia 14 secuencia-tipos (ST), siendo el ST111 el más frecuente, como hallazgo importante se identificaron 6 nuevos ST que a la fecha no han sido reportados. A partir de un árbol de SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*), se evidenciaron 3 grandes clados de los que se derivan algunos subclados que podrían indicar brotes. **Conclusiones.** En conclusión, la investigación epidemiológica y genómica combinada permitió identificar las variaciones intrapaciente a nivel de perfiles genómicos de resistencia y la diversidad genética de los aislamientos, lo cual permitió establecer posibles rutas de transmisión entre pacientes vinculados por proximidad en periodos de tiempo y espacio. Financiación: Colciencias, CT 737-2018.

VIROLOGÍA

41. Sobreexpresión de ciclooxigenasa como potencial blanco terapéutico en el manejo de patologías inflamatorias orales derivadas de la infección por citomegalovirus.

Delgadillo-Barrera S, Bernal-Cepeda L, Bohórquez-Ávila S, Camacho-Ortega S, Castellanos-Parra J. Universidad Nacional de Colombia. Universidad El Bosque. Bogotá.
sdelgadillo@unal.edu.co

Introducción. Las infecciones virales en cavidad oral provocan respuestas inflamatorias que promueven la progresión de múltiples patologías. Debido a esto se estableció como objetivo evaluar los cambios de expresión de COX-1 y COX-2 en fibroblastos gingivales infectados con citomegalovirus. **Materiales y métodos.** Se cultivaron fibroblastos gingivales humanos primarios criopreservados y se confirmó su fenotipo mesenquimal mediante inmunofluorescencia para vimentina. Posteriormente se infectaron a una multiplicidad de infección (MOI) de 0,5 con dos cepas de CMV: una cepa de laboratorio (Towne) y un aislado clínico (B52). Las células se recolectaron a las 24 h y 48 h después de la infección (p.i) para la extracción total de ARN. La cuantificación relativa de ARNm para COX-1 y COX-2 se evaluó mediante RT-qPCR utilizando sondas de hidrólisis. Simultáneamente, se realizó inmunofluorescencia para COX-2 en células infectadas sembradas sobre laminillas. **Resultados.** La infección por CMV de los fibroblastos gingivales produjo a las 24 h p.i. un aumento de 1,7 y 7,3 veces de transcritos para COX-2 en células infectadas con la cepa Towne y

el aislado clínico B52 respectivamente, mientras que para el ARNm de COX-1, B52 provocó un aumento de 2,3 veces. A las 48 h p.i. el efecto citopático no permitió recolectar la monocapa celular. La inmunofluorescencia para COX-2 fue positiva en citoplasma y región perinuclear en células infectadas. **Conclusiones.** La infección con el aislado clínico B52 indujo un aumento en la expresión de COX-1 y COX-2 en fibroblastos gingivales humanos, además presentó un potencial proinflamatorio más significativo en comparación con la cepa de laboratorio Towne.

42. El principal mecanismo anti-CHIKV de los derivados de L-tirosina se encuentra relacionado con la inhibición de proteína viral.

Hernández-Mira E, Loaiza-Cano V, Pastrana-Restrepo M, Galeano E, Martínez-Gutiérrez M. Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia. Grupo de Productos Naturales Marinos. Universidad de Antioquia, 050001. Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada MICROBA. Universidad de Antioquia. Medellín.
estiven.hernandezm@udea.edu.co

Introducción. Teniendo en cuenta que no existen vacunas ni antivirales específicos autorizados para el tratamiento de la infección producida por el virus chikungunya (CHIKV), recientemente reportamos que compuestos dihalogenados derivados de L-tirosina son capaces de inhibir la infección por CHIKV en cultivo celular. El objetivo de este trabajo fue evaluar el posible mecanismo de acción antiviral de dichos compuestos. **Materiales y métodos.** Seis compuestos (tres diclorados, TDC, TDC-2M, TDC-3M, y tres dibromados, TDB, TDB-2M, TDB-3M), se evaluaron por MTT, TCID-50 y su mecanismo de acción mediante estrategias *in vitro* (PRE-Tratamiento, POST-Tratamiento y efecto virucida) en células VERO infectadas con CHIKV/Col. Se cuantificó UFP/mL por ensayo de placa, expresión de proteínas virales mediante Cell-ELISA y copias genómicas por RT-qPCR. El posible mecanismo de acción antiviral *in silico* fue evaluado con proteínas CHIKV mediante acoplamiento y dinámica molecular. **Resultados.** El porcentaje de viabilidad fue mayor al 80%. Por TCID50 se confirmó la actividad Anti-CHIKV/Col a diferentes concentraciones. En PRE-Tratamiento, TDC, TDB, TDC-2M inhibieron la partícula viral infecciosa. Además, TDC, TDC-2M, TDB-2M, TDC-3M y TDB-3M redujeron la expresión de proteína viral y TDB-2M, TDC-3M y TDB-3M disminuyeron copias genómicas/mL. En POST-Tratamiento, TDC-2M, TDB-2M, TDC-3M y TDB-3M sólo inhibieron partículas virales infecciosas. Ningún compuesto tuvo efecto virucida. Finalmente, sólo se generaron interacciones estables entre la proteína Helicasa y los compuestos TDC y TDB-2M. **Conclusiones.** El mecanismo de acción de los compuestos derivados de L-tirosina es dependiente de los cambios estructurales del halógeno y sustituciones del grupo amino, y podrían estar relacionados principalmente con la traducción de proteínas virales. MINCIENCIAS:141577757439

43. Mutaciones de los genes UL97 y UL54 del citomegalovirus (CMV) asociadas a resistencia en pacientes inmunosuprimidos atendidos en la Fundación Valle del Lili, Cali-Colombia.

Rosso F, Piedrahita-García D, Martínez-Valencia A, Zapata-Vásquez I, Agudelo-Rojas O, Tafurt-Ruiz E, Pachajoa-Londoño H, Díaz-Ordóñez L, Ríos-Serna L, Pérez-Castellano P. Servicio de Infectología, Departamento de Medicina Interna, Centro de Investigaciones Clínicas, Departamento de Genética Clínica, Laboratorio de Genética Molecular: Fundación Valle del Lili. Departamento de Medicina Interna, Facultad de Ciencias de la Salud, Laboratorio de Medicina Genómica: Universidad ICESI. Cali.
frosso07@gmail.com

Introducción. Se desconoce la resistencia del citomegalovirus al ganciclovir. El objetivo del estudio es identificar mutaciones en los genes UL54 y UL97, que se asocian a la resistencia antiviral. **Materiales y métodos.** Estudio observacional prospectivo en pacientes con sospecha de resistencia al CMV a pesar del tratamiento, durante el 2019 en un hospital de cuarto nivel en Cali-Colombia. A partir de muestras de sangre se realizó extracción de ADN, amplificación y secuenciación para la caracterización molecular de los genes (UL97) y (UL54). **Resultados.** Se incluyeron 50 pacientes con viremia de CMV, 32 amplificaron para la secuenciación. La edad media fue de 31,7 años y el 46,8% eran varones. El 65,6% tenían antecedente de trasplante de médula ósea y 28,1% trasplante de órgano sólido. El 65,2% tuvieron exposición antiviral previa. El 56,2% tenían mutaciones en UL54, el 6,25% en UL97 y el 37,5% en ambas. Las mutaciones encontradas asociadas a la resistencia fueron D605E y A594V para UL97 y A692S para UL54. Los polimor-

fismos más comunes del UL97 fueron V355A y F396L, mientras para UL54 fueron N898D, N685S y S655L. Al día 14 de tratamiento, el 21,8% (7/32) tuvo un fracaso terapéutico. No se encontraron mutaciones de resistencia canónica. El 15,6% (5/32) de los pacientes fallecieron, ninguno de ellos tenía mutaciones de UL97, dos tenían mutaciones de UL54 y tres tenían polimorfismos de este gen asociadas a resistencia antiviral. **Conclusiones.** La resistencia al ganciclovir encontrada fue poco frecuente, sin embargo, se relacionó con mortalidad.

44. Extractos de la especie nativa *Picrolemma huberi* inhiben la infección del virus chikungunya en células VERO.

Monsalve-Escudero L, Ospina A, Díaz-Díaz E, López-Cuervo L, Durango-Restrepo D, Pabón A, Orozco F, Martínez-Gutiérrez M. Facultad de Ciencias: Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín. Grupo Malaria, Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada MICROBA: Universidad de Antioquia. Medellín. lauramilemo@hotmail.com

Introducción. La enfermedad causada por el arbovirus chikungunya (CHIKV) representa un problema de salud pública, especialmente en países tropicales. El objetivo fue evaluar la actividad antiviral *in vitro* de ocho extractos obtenidos de la planta colombiana *Picrolemma huberi* con fines de bioprospección. **Materiales y métodos.** Se evaluó la viabilidad en células Vero por el ensayo de MTT usando diluciones seriadas en base dos (desde 3,1 µg/mL hasta 200 µg/mL). Con las mismas concentraciones se realizó estrategia antiviral combinada (PRE-TRANS-POS-Infección) con un aislado clínico de CHIKV/Col a MOI 2 para determinar la actividad metabólica celular frente a la infección viral. Se determinaron las partículas virales infecciosas (UFP/mL) mediante el ensayo de placa. **Resultados.** Se obtuvieron viabilidades dependientes de concentración en los extractos Ph1, Ph2, Ph3, Ph4, Ph5, Ph6, Ph7 y Ph8, tanto en presencia como en ausencia de CHIKV/Col. A excepción de Ph2, todos los extractos tuvieron al menos una concentración cuya viabilidad en presencia del compuesto fue mayor al 70% y en presencia del virus aumentó la viabilidad metabólica al proteger las células de la infección de manera significativa, cuando se comparó con un control de infección. Siete de los ocho extractos evaluados demostraron potencial antiviral *in vitro* al inhibir CHIKV/Acol en la estrategia antiviral combinada, con inhibiciones significativas de partículas virales infecciosas mayores al 80% siendo el extracto Ph6 el más efectivo (94,7% de inhibición). **Conclusiones.** Este es el primer reporte de actividad antiviral de la especie nativa *Picrolemma huberi*. Estudios de bioprospección permitirán identificar las moléculas responsables de la inhibición viral.

45. Historia demográfica y dinámicas espacio-temporales de DENV-1 en la Virginia, Risaralda entre el 2019 al 2022.

Rojas-Gallardo D, Ruiz-Sáenz J, Restrepo-Chica J, Escobar P, Tabares-Villa F, Trujillo A, Jiménez-Posada E, Martínez-Gutiérrez M, Autum K, Waggoner J, Collins M, Piantadosi A, Cardona-Ospina J. Institución Universitaria Visión de Las Américas. Universidad Cooperativa de Colombia. Universidad del Quindío. Instituto Para la Investigación en Ciencias Biomédicas Sci-Help. Emory University. Pereira. diana.rojasg@uam.edu.co

Introducción. Las dinámicas espaciotemporales del virus del dengue se caracterizan por introducciones múltiples y el reemplazo de serotipos y clados. El objetivo de este trabajo es determinar la historia demográfica y las dinámicas espacio temporales de DENV-1 circulante en la Virginia, Risaralda entre el 2019 y el 2022. **Materiales y métodos.** Se realizó el secuenciamiento de DENV en participantes de una cohorte de pacientes febriles de la Virginia, Risaralda. Los genomas fueron ensamblados. Para análisis preliminares se extrajo la región codificante de la proteína E y se alinearon con secuencias reportadas del resto del país y del continente y se construyeron árboles de máxima verosimilitud. Posteriormente, se generó un árbol de máxima credibilidad (MCC) y se reconstruyeron las curvas demográficas y las dinámicas espaciales para DENV1. Se planea aplicar estos mismos métodos a los genomas completos. **Resultados.** El análisis del árbol MCC es consistente con lo reportado por otros grupos y evidencia diferentes introducciones de DENV1 en el país. Las secuencias de la Virginia se relacionan con las reportadas para los departamentos de Antioquia y Santander y además comparten ancestría con las secuencias de virus introducidos en los años 90's. El estudio de la historia demográfica demostró oscilación en los tamaños poblacionales en el tiempo evidenciando variación en los tamaños efectivos poblacionales. **Conclusiones.** El DENV-1 que circuló en la Virginia durante el periodo de tiempo estudiado está relacionado con secuencias de Antioquia y Santander de donde posiblemente fue importado. Código: 799784467706, Contrato No. 419-2020.

46. Diferencias en la actividad inmunomoduladora entre un aislado clínico y dos cepas de referencia de citomegalovirus humano.

Bohórquez-Ávila S, Camacho-Ortega S, Velandia-Romero M, Castellanos-Parra J, Pérez-Ramírez L. Universidad Nacional de Colombia. Universidad El Bosque. Bogotá. lsperezr@unal.edu.co

Introducción. Citomegalovirus ejerce actividad proinflamatoria e inmunomoduladora que soporta la infección, al tiempo que controla la respuesta antiviral. El objetivo fue evaluar el efecto de dos cepas de referencia (Towne y Merlin) y del aislado clínico B52 sobre la dinámica de transcripción de citocinas y marcadores de activación y diferenciación en monocitos. **Materiales y métodos.** Estudio *in vitro*, observacional. Se utilizó el modelo latencia – reactivación de Citomegalovirus en células THP-1 infectadas y tratadas con PMA (forbol 12-miristato 13-acetato), en tres periodos de tiempo. Por RT-qPCR se evaluó la expresión relativa de los transcritos para IFN α , IFN β , TNF α , IL-10, CXCL-10, IL-1 β e IL-8. Por citometría de flujo, se evaluaron los marcadores de activación y diferenciación de monocitos CD64, CD11b, CD14, CD68, CD206 y HLA-DR, en las células con y sin tratamiento e infección. **Resultados.** Las células tratadas o no con PMA e infectadas con el aislado B52 muestran expresión relativa mayor y más temprana de citocinas como IFN α , IFN β , TNF α , IL-8 e IL-10. En las células infectadas con cepas de referencia el efecto fue tardío. La citometría de flujo evidenció incremento de células positivas a las 120 hpi para CD68, CD206 y HLA-DR en las células infectadas con B52 y tratadas con PMA. Efecto semejante se observó con CD11b a las 48hpi. **Conclusiones.** El aislado B52 ejerce efecto diferencial de activación y diferenciación con expresión temprana de citocinas proinflamatorias e inmunoregulatorias y marcadores de membrana en mayor proporción, respecto a las cepas Merlin y Towne, al parecer favoreciendo la replicación e inhibiendo la respuesta antiviral.

47. Las células de la barrera hematoencefálica son altamente susceptibles al ZIKV y algunas producen eficientemente partículas virales infecciosas.

Calderón-Peláez M, Castellanos J, Velandia-Romero M. Laboratorio de Virología, Vicerrectoría de Investigaciones: Universidad El Bosque. Bogotá. mcalderon@unbosque.edu.co

Introducción. El virus del Zika (ZIKV) posee un alto tropismo hacia células neuro-progenitoras. Sin embargo, se desconoce si ocurre infección y producción viral en otras células de la barrera hematoencefálica (BHE). En este trabajo se comparó la susceptibilidad a la infección y producción viral en células murinas de la BHE. **Materiales y métodos.** Estudio experimental *in vitro*. Se cultivaron neuronas corticales, endotelio, y astrocitos de ratones Balb/C de 1 día post-natal, infectados con ZIKV a diferentes MOI (0,01, 0,1, 0,5, 1 y 3) y tiempos post infección (24, 48 y 72 hpi). Se evaluó la viabilidad (resazurina y LDH), la infección (RT-qPCR e inmunofluorescencia) y la producción de virus por plaqueo (3 cultivos independientes). **Resultados.** Todos los tipos celulares fueron susceptibles al virus con todos los MOIs, siendo letal para las neuronas a MOIs altas (1 y 3) desde las 48hpi. En el endotelio se disminuyó la viabilidad desde las 24 hpi a MOIs altos y en los astrocitos ningún MOI indujo muerte. En todos los cultivos hubo un aumento en la producción de transcritos virales dependientes de tiempo y MOI usadas. La producción de partículas virales fue evidente desde el MOI 0,1 en neuronas infectadas (24hpi) y en endotelio (48hpi). Los astrocitos no produjeron partículas infecciosas detectables en los tiempos y MOIs evaluados. **Conclusiones.** Hay dos fenómenos de infección en las células de la BHE unas células son altamente susceptibles y productoras de virus, mientras que otras como los astrocitos parecen ser reservorios virales. Contrato 431-2020 Min Ciencias - UEB. Isla Apoya la Ciencia 2021.

48. Diseño y evaluación de péptidos inmunogénicos para Morbillivirus, utilizando el virus del distemper canino (CDV) como modelo.

Rendon-Marín S, Ruiz-Sáenz J. Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA: Universidad Cooperativa de Colombia. CCBB. Universidad de Antioquia. Medellín. santyrendon0519@gmail.com

Introducción. CDV es el agente etiológico de una enfermedad que afecta animales domésticos y silvestres, perteneciente a la familia *Paramyxoviridae*, género *Morbillivirus*, que posee RNA monocatenario de polaridad negativa. CDV ha sido ampliamente utilizado como modelo sustituto para el entendi-

miento de diferentes aspectos de la patogénesis, diseminación y transmisión de otros *Morbilivirus*, como el Virus del Sarampión. El uso de herramientas computacionales se ha convertido en una estrategia para desarrollar vacunas de nueva generación, incluidas las terapias basadas en péptidos. El objetivo fue diseñar *in silico* péptidos con potencial inmunogénico obtenidos computacionalmente derivados de proteínas del CDV y evaluar su seguridad *in silico* e *in vitro*. **Materiales y métodos.** Se obtuvieron secuencias consenso de proteínas con EMBOSS-CONS. Se predijeron epítopes inmunogénicos mediante herramientas bioinformáticas. Se modelaron moléculas del complejo mayor de histocompatibilidad clase-I (MHC-I) y MHC-II y receptores tipo Toll (TLRs) caninos. Se realizó acoplamiento molecular entre MCH y TLRs con epítopes del CDV. Se evaluó seguridad *in silico*, citotoxicidad de péptidos mediante MTT en células de canino y potencial hemolítico a bajas concentraciones de péptido. **Resultados.** Se encontraron más de 1.200 péptidos inmunogénicos. Algunos péptidos tuvieron energías de unión favorables mediante acoplamiento molecular con MHC y TLRs caninos, con diferentes herramientas. Se demostró su seguridad *in silico*. Los péptidos no fueron citotóxicos en diferentes modelos celulares a bajas concentraciones y no exhibieron potencial hemolítico. **Conclusiones.** Se determinaron péptidos del CDV con potencial inmunogénico, seguros *in vitro* e *in silico*, lo que permitió establecer una plataforma de predicción para otros agentes del género *Morbilivirus*.

RESISTENCIA BACTERIANA

49. Caracterización y tipificación de aislamientos multirresistentes de *Acinetobacter baumannii* por secuenciación de genoma completo.

Prada-Cardozo D, Moreno J, Rincón V, Saavedra-Rojas S, Duarte C, Donato J, Lugo M, Falquet L, Barreto E. Instituto Nacional De Salud. Universidad Nacional de Colombia. Unidad de Bioquímica/ bioinformática, Universidad De Friburgo, Friburgo-Suiza. Bogotá. dprada@ins.gov.co

Introducción. *Acinetobacter baumannii* multirresistente ha sido reportada con alta prevalencia en unidades de cuidados intensivos y relacionada con Infecciones Asociadas a la Atención en Salud (IAAS). El objetivo de este trabajo fue caracterizar y tipificar genotípicamente aislamientos multirresistentes de *A. baumannii* recuperados de IAAS. **Materiales y métodos.** Se determinó la resistencia a 9 antibióticos en 86 aislamientos de *A. baumannii* recuperados en 14 departamentos entre los años 2012–2015, se secuenciaron los genomas por la tecnología Illumina. Los genomas fueron ensamblados con el programa SPAdes y tipificados mediante MLST esquema Pasteur y cgMLST, los genes de resistencia fueron identificados con el programa ResFinder y la relación filogenética fue inferida mediante SNPs. **Resultados.** Todos los aislamientos mostraron resistencia a imipenem y piperacilina-tazobactam, adicionalmente fueron resistentes a cefepime (98,8%), meropenem (97,7%), ciprofloxacina (95,3%), ceftazidima (91,9%), amikacina (91,9%), gentamicina (88,4%) y ampicilina-sulbactam (80%). Se identificaron 12 secuenciotipos (ST), el ST-79 (66,3%) y ST-25 (16,3%) fueron los más frecuentes. 14 clusters fueron determinados mediante cgMLST, el cluster 1 agrupó 17 aislamientos, asociados al ST-79 y a un mismo perfil de resistencia. Todos los aislamientos presentaron la carbapenemasa blaOXA-51-like y cefalosporinasa ADC-2, otros elementos de resistencia identificados fueron: blaOXA-23-like, blaOXA-24-like, blaOXA-143-like, NDM-1, VIM-4, KPC-2, APH(3'')-Ib, APH(6)-Id y las mutaciones que codifican Ser83>Leu en el gen gyrA y Ser80>Leu en el gen parC. **Conclusiones.** El análisis genómico mostró la circulación predominante del ST-79, esta cepa se relacionó con los principales grupos generados por cgMLST y sus perfiles genéticos de resistencia, las cuales a nivel fenotípico fueron multirresistentes.

50. Caracterización genómica y epidemiología del efecto del inóculo de cefazolina (EICz) en *S. aureus*-susceptible-meticilina (SASM) de infecciones severas en pacientes en Colombia.

Carvajal L, Rincón S, Díaz L, Muñoz N, Ríos R, Mantilla X, Gutiérrez-Tobar I, Arias C, Reyes J. Unidad de Genética y Resistencia Antimicrobiana: Universidad El Bosque. Clínica Infantil Colsubsidio. Division of Infectious Diseases and Center for Infectious Diseases Research: Houston Methodist Hospital. Chia. carvajallina@unbosque.edu.co

Introducción. Cefazolina es alternativa terapéutica en infecciones severas por SASM, y el EICz podría limitar su eficacia. EICz se asocia a fracaso terapéutico y aumento de mortalidad. El objetivo fue caracterizar el EICz en SASM de infecciones severas de hospitales colombianos. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, que incluyó 26 SASM de infecciones invasivas en pacien-

tes de 4 hospitales de Bogotá (2019-2021). Se realizó microdilución en caldo y prueba rápida para detectar EICz, además secuenciación de genoma para identificar tipos y alotipos BlaZ, agr, y linajes genéticos. Un modelo Machine Learning (ML) que desarrollamos previamente se utilizó para predecir el EICz. **Resultados.** EICz se identificó en 19% de SASM y la prueba rápida demostró 100% especificidad, 60% sensibilidad, valores predictivo positivo y negativo 100% y 91,30%, respectivamente. BlaZ-tipo-A y BlaZ-alotipo-2 fueron los más prevalentes, en 60% y 40% respectivamente de los SASM EICz+. Agr-I fue el predominante en 60% de los SASM EICz+. El ST30 fue el clon más frecuente, identificado en 33% de los SASM EICz+. Además, el EICz predicho por el modelo ML en los SASM blaZ+, mostró especificidad del 92%, y sensibilidad del 60%, con precisión y exactitud del 75% y 83%, respectivamente. **Conclusiones.** El EICz+ es un fenotipo relevante en SASM de infecciones severas en Colombia. Los SASM EICz+ presentaron características moleculares similares a las documentadas previamente en hospitales latinoamericanos. Nuestros resultados muestran el potencial de modelos de predicción ML para detectar fenotipos que no se analizan habitualmente en laboratorio clínico. Minciencias -CT041-2021- Convocatoria 887 2020, CT779-2018-Cod-130880764150 y UBosque-PSI-2020-021.

51. Abundancia del Integrón tipo 1, elemento que promueve la adquisición y diseminación de la resistencia, en Bacilos Gram negativos portadores de betalactamasas provenientes de aguas residuales hospitalarias y comunitarias.

Rodríguez-Tamayo E, Gallego-Gómez E, Herrera-Morales I, Jiménez-Quiceno N. Línea de Epidemiología Molecular y Resistencia Bacteriana MICROBA: Universidad de Antioquia. Medellín. andrearrt@gmail.com

Introducción. En los últimos años se ha reportado con preocupación la presencia en el ambiente de antibióticos y genes de resistencia, considerados contaminantes emergentes. El Integrón tipo 1 favorece la adquisición y diseminación de la resistencia bacteriana, y es considerado un indicador de estos contaminantes. A nivel local se desconoce su presencia. En este trabajo se determinó la presencia del Integrón tipo 1 en Bacilos Gram negativos portadores de betalactamasas (BGNPB) provenientes de aguas residuales hospitalarias y comunidad. **Materiales y métodos.** Entre el 2016 y 2019 se recolectaron aguas residuales de tres hospitales (Región Cafetera, Costa Pacífica y Antioquia), y una planta de tratamiento (Antioquia). Se seleccionaron BGNPB empleando medios cromogénicos, mediante PCR se detectaron genes productores de betalactamasas y del Integrón tipo 1 (gen int1). La identificación y antibiograma se realizó empleando Vitek. **Resultados.** Un total de 205 BGNPB fueron detectados portando frecuentemente los genes blaKPC, blaTEM y blaCTX-M, de estos el 84,9% llevaban el gen int1 y provenían principalmente de aguas residuales hospitalarias. En los BGNPB identificados *Aeromonas spp* (23%), *Citrobacter spp* (17,11%) y *Klebsiella spp* (15,3%) fueron los más frecuentes y el 89,5% eran multidrogoresistentes. En los BGNPB multidrogoresistentes se observó que el 83% portaban gen int1 y frecuentemente mostraron resistencia a aminoglucósidos. **Conclusiones.** Los resultados evidencian una frecuencia alta del Integrón tipo 1 en BGNPB, lo cual señala el riesgo de diseminación de la resistencia bacteriana a partir de las aguas residuales, así mismo la importancia de establecer estrategias para contener este impacto y continuar monitoreando estos marcadores en el ambiente. MinCiencias-(Contrato:FP44842-124-2017).

52. Detección de la co-circulación de *K. pneumoniae* y *K. variicola* albergando blaKPC durante una estancia hospitalaria prolongada.

Escobar-Pérez J, Abril D, Vergara E, Garza-Ramos U, Palacios D, Leal-Castro A, Márquez-Ortiz R, Silva-Sánchez J, Madroño J, Corredor-Rozo Z, De La Rosa Z, Vanegas N. Universidad El Bosque. Universidad Nacional de Colombia. Instituto Nacional de Salud Pública (INSP): Centro de Investigación Sobre Enfermedades Infecciosas, México. Fundación Santa Fe de Bogotá. Bogotá. deisyapril@gmail.com

Introducción. La colonización por especies del complejo *Klebsiella pneumoniae* albergando blaKPC es un evento poco reportado, debido a las dificultades en la diferenciación fenotípica de cada especie. El objetivo del presente estudio fue realizar la caracterización molecular de los aislamientos de *Klebsiella spp.* resistentes a carbapenémicos de una paciente con colonización persistente. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo-retrospectivo de aislamien-

tos de *Klebsiella pneumoniae* recuperados de dos pacientes atendidos en una institución de Bogotá. La detección fenotípica de carbapenemasas se realizó con Carba-NP. La confirmación de especie (*K. pneumoniae*, *K. quasipneumoniae* y *K. variicola*) y confirmación de carbapenemasas se realizaron mediante PCR. La relación filogenética se determinó por PFGE y el perfil plasmídico se estableció por el método Kieser/Eckhardt. La secuencia del genoma fue establecida por PacBio. **Resultados.** Durante la estancia hospitalaria de los pacientes (219 y 43 días), 15 y 3 aislamientos de *K. pneumoniae* blaKPC-positivos fueron identificados (Vitek®), respectivamente. Sin embargo, las pruebas moleculares identificaron la presencia simultánea de *K. pneumoniae* y *K. variicola* (33Kva16/ST182) portando blaKPC. El blaKPC fue movilizado por el transposón Tn6454 en los dos microorganismos, pero en plásmidos diferentes y con huellas de eventos de transposición, sugiriendo una posible transferencia del gen entre las dos especies. Por rastreo de colonias se identificaron más aislamientos de *K. variicola* con perfiles plasmídicos relacionados. **Conclusiones.** La colonización prolongada de pacientes por bacterias del complejo *K. pneumoniae* es un fenómeno que requiere mayor seguimiento y control, debido a que podría favorecer la movilización de blaKPC y su asociación con nuevos transposones. Minciencias proyecto 130877758007 CT:605-2018.

53. Caracterización fenotípica y genotípica de la resistencia aceftazidime/avibactam en enterobacteriales aisladas en Colombia en 2016 y 2017.

Noval-Caicedo L, Páez-Zamora L, De La Cadena E, García-Betancur J, Villegas-Botero M. Facultad de Medicina, Grupo de Investigación en Resistencia Antimicrobiana y Epidemiología Hospitalaria: Universidad El Bosque. Bogotá.
linovaoc@unbosque.edu.co

Introducción. Ceftazidime/avibactam (CZA) es una nueva combinación de inhibidor de β -lactamasas con actividad frente a enterobacteriales resistentes a carbapenémicos (ERC). Previo a la introducción de la combinación en Colombia, se identificaron casos de resistencia a CZA. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo donde se recolectaron 1.386 aislamientos clínicos de enterobacteriales recuperados de 13 Hospitales en 12 ciudades de Colombia entre 2016-2017. La susceptibilidad a CZA fue determinada por Microdilución en caldo, confirmada con E-test e interpretación según el CLSI. En los aislamientos resistentes a CZA, identificamos la presencia de carbapenemasas mediante Carba-NP® e identificadas como bla NDM , bla VIM , bla IMP y bla OXA-48-like por qPCR. **Resultados.** El 1,3% (18/1386) del total de los aislamientos fueron resistentes a CZA. Esta resistencia fue explicada en el 100% (18/18) de los aislamientos resistentes por la identificación de metalo- β -lactamasas. En específico, en estos aislamientos se detectó la presencia de NDM en el 94,4% (17/18) asociada en coexistencia con KPC en el 22% (4/18) y en el restante 5,5% (1/18) fue observada la presencia de VIM. **Conclusiones.** La susceptibilidad a CZA en enterobacteriales fue alta (98,7%), por lo que puede considerarse como una alternativa adecuada para el tratamiento de infecciones por ERC en Colombia no asociadas a la presencia de metalo- β -lactamasas. Universidad El Bosque PCI-2019-10808.

54. Impacto de la pandemia de COVID-19 en la resistencia bacteriana: emergencia de bacilos resistentes a carbapenémicos productores de metalobetalactamasas en infecciones asociadas a dispositivos en Medellín.

Ocampo-Híguita D, Echeverri-Toro L, Jiménez-Quiceno N, Salazar L, Roncancio-Villamil G, Roa-López M, Vanegas-Múnera J. Facultad de Medicina, Escuela de Ciencias de la Salud: Universidad Pontificia Bolivariana. Grupo Investigación Microbiología Básica, Escuela de Microbiología: Universidad de Antioquia. Clínica Cardiovid. Secretaría De Salud. Medellín.
diana.ocampo@upb.edu.co

Introducción. El uso inadecuado de antibióticos durante la pandemia de COVID-19 ha generado preocupación por las implicaciones en las Infecciones Asociadas a la Atención en Salud IAAS. Este estudio analizó el efecto de la COVID-19 en la resistencia bacteriana en pacientes con infecciones asociadas a dispositivos (IAD). **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte retrospectivo en pacientes adultos con IAD que ingresaron a UCI en 21 hospitales de Medellín, entre 2020 y 2021. La información clínica y microbiológica fue obtenida de la ficha 357 del SIVIGILA y datos consignados en sistema WHONET. El análisis estadístico incluyó modelo de efectos mixtos para analizar asociación entre COVID-19 y la infección por bacterias resistentes. **Resultados.** Se incluyeron 1.521 pacientes, 1.033 (67,9%) presentaron prueba positiva para COVID-19.

Se observó aumento para neumonía asociada a ventilación mecánica y bacteriemia asociada a catéter venoso central para el año 2021 con respecto al año anterior (4,4% a 40%, $p < 0,001$ y 2,6% a 40%, $p = 0,001$; respectivamente). Pacientes con COVID-19 presentaron mayor frecuencia de infecciones por bacterias resistentes en comparación con pacientes que no tuvieron la enfermedad (22,5% vs. 20,7%; $p = 0,505$); con predominio de enterobacterias resistentes a carbapenémicos (10,4%), seguido por enterobacterias productoras de BLEE (9,1%), bacilos no fermentadores resistentes a carbapenémicos (2,3%) y *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (1,8%). En el análisis multivariado se observó asociación entre COVID-19 e infección por bacilos resistentes a carbapenémicos productores de metalobetalactamasas (RR:1,76; IC95%:1,28-2,43; $p = 0,001$) **Conclusiones.** La pandemia por COVID-19 impactó en la resistencia bacteriana con implicaciones como la emergencia de bacilos resistentes a carbapenémicos, lo cual refleja cambio en la epidemiología local.

55. Mapa geográfico interactivo de elementos genéticos móviles (EGM) asociados a la movilización de blaKPC en *P. aeruginosa*: una revisión sistemática.

Tijaro-Pinilla G, Forero-Hurtado D, Ruíz-Castellanos J, Corredor-Rozo Z, Márquez-Ortiz R, Abril-Riaño D, Gómez G, Escobar-Pérez J. Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana: Universidad El Bosque. I3 Institute Sidney Australia. Bogotá.
gtijaro@unbosque.edu.co

Introducción. *Pseudomonas aeruginosa* productora de KPC es considerado un problema de salud pública. Aunque esta enzima ha sido estudiada en *Klebsiella pneumoniae*, en *P. aeruginosa* los mecanismos genéticos de su diseminación aún no son claros. El objetivo fue mostrar los elementos genéticos móviles (EGMs) asociados a la diseminación de blaKPC en *P. aeruginosa*. **Materiales y métodos.** Se realizó un mapa geográfico interactivo (MapHub) a partir de una revisión sistemática en las bases de datos PubMed y EMBASE hasta el 30 de septiembre de 2021. Se seleccionaron 132 artículos, de los cuales 42 cumplieron los criterios de inclusión/exclusión asociados a *P. aeruginosa* resistentes a carbapenémicos con descripción a plataformas de movilización asociadas a KPC. **Resultados.** Los artículos recolectados ($n = 42$) fueron reportados en 12 países ubicados en América (62%), Asia (24%) y Europa (2%); identificando 494 aislamientos de *P. aeruginosa* portadores de blaKPC relacionados con diferentes ST como ST463 (22%), ST654 (13%), ST664 (4%) y ST235 (3%). La mayoría de los aislamientos ($n = 494$) se asociaron con blaKPC-2, con localización principalmente en plásmidos (46%) [cromosoma (1%) y no especificado (52,8%)]. Se identificó como entorno genético Tn4401 (17%), seguido de elementos no Tn4401 (NTEKPC) (11%). **Conclusiones.** Los resultados sugieren una dinámica alarmante del aumento de clones de *P. aeruginosa* resistentes a carbapenémicos KPC, resaltando como EGMs plásmidos y/o elementos transponibles NTEKPC como factores de diseminación de la resistencia. A partir de este estudio se construyó el primer mapa geográfico interactivo y comparativo de los mecanismos de adquisición de blaKPC en *P. aeruginosa* a nivel mundial, mostrando su exitosa adaptación.

56. Emergencia y predominancia de CTX-M-27 en *Escherichia coli* aisladas en pacientes pediátricos con infección del tracto urinario adquirida en comunidad en Bogotá-Colombia.

Jurado-Salcedo L, Camacho-Moreno G, Leal-Castro A, Saavedra-Rojas S, Donado-Godoy P, Delgado F, Arévalo A, Valencia M. Facultad De Medicina, Departamento de Pediatría, Laboratorio de Microbiología: Universidad Nacional de Colombia. HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia. Corporación Colombiana de Investigación Agrosavia. Mosquera.
lecter85_6@hotmail.com

Introducción. Los patógenos productores de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) son una causa emergente en infección de tracto urinario (ITU) adquirida en comunidad en pediatría. En Colombia se ha descrito predominancia de CTX M 15 asociado a ST131. Se buscó identificar las betalactamasas circulantes y los genes que las codifican. **Materiales y métodos.** Entre enero y julio de 2016, se incluyeron los pacientes con aislamiento de *E. coli*, con fenotipo BLEE en ITU de inicio comunitario. Se confirmó el perfil de resistencia y se realizó extracción de ADN para secuenciación de genoma completo. **Resultados.** Se obtuvieron 313 aislamientos de *Escherichia coli*, 11,8% (37/313) mostraron fenotipo BLEE, de éstos el 2,7% (1/37) evidencian producción concurrente de carbapenemasa. Se realizó secuenciación de genoma completo a

30 cepas (81%), encontrando CTX-M-27 como la cefotaximasa más frecuente en 50% (15/30), y 4 variedades adicionales de cefotaximasas: CTX-M-15 (30%), CTX-M-12 (6,6%), CTX-M-99 (3,3%), CTX-M-55 (3,3%) además de dos tipos de SHV (SHV-57 y SHV-5) y cuatro TEM (TEM-1, TEM-214, TEM-57 y TEM-90). Se reportó diversidad clonal con 43,3% (13/30) de los clones correspondientes a ST38, 23,3% (7/30) a ST131, 13,3% (4/30) a ST1193, 6,3% (2/30) a ST10, y 3,3% (1/30) a ST410, ST4709, ST34 y ST95*. **Conclusiones.** Se observa emergencia de CTX-M-27 en relación con ST38, en niños con ITU de origen comunitario, además de la diversidad clonal en esta cohorte de pacientes.

MEDICINA TROPICAL (INCLUYE ZONOSIS, MEDICINA DEL VIAJERO)

57. Análisis de la co-infección experimental con CHIKV y ZIKV en mosquitos *Aedes aegypti* (Linnaeus, 1762) y *Aedes albopictus* (Skuse, 1894) de Colombia.

Cepeda-Olave N, Herrera-Claros D, Vélez-Bernal I, Martínez-Gutiérrez M. Grupo De Investigación en Ciencias Animales GRICA: Universidad Cooperativa De Colombia. Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales PECET, Grupo de Investigación en Microbiología Veterinaria: Universidad de Antioquia. Medellín. necepeda@gmail.com

Introducción. La presencia de co-infecciones de los virus chikungunya (CHIKV) y Zika (ZIKV) tanto en los vectores que los transmiten como en humanos, hace necesario el estudio de la interacción virus-vector en condiciones controladas. El objetivo fue analizar la co-infección experimental CHIKV/ZIKV en mosquitos *Aedes aegypti*/WT y *Aedes albopictus*/WT del nororiente de Colombia. **Materiales y métodos.** Los mosquitos fueron expuestos a retos orales, ofreciendo una mezcla sanguínea que contenía 1×10^7 copias genómicas/mL tanto de CHIKV como de ZIKV. La detección de la infección se realizó en pools de 4 hembras a los 3, 7, 14 y 21 días post-reto (dpr) mediante RT-qPCR a partir de RNA extraído de cuerpos completos. **Resultados.** Se evidenció co-infección CHIKV/ZIKV en las dos especies durante los días evaluados. En *Aedes aegypti*/WT la replicación de ZIKV fue mayor a la de CHIKV a los 3, 7 y 21 dpr ($9,5 \times 10^7$, $4,5 \times 10^7$ y $1,3 \times 10^7$ copias genómicas/mL, respectivamente), y al día 14 dpr la replicación de ambos virus fue similar ($\approx 8 \times 10^6$ copias genómicas/mL). En *Aedes albopictus*/WT a los días 3 y 14dpr la replicación de ambos virus fue similar ($9,5 \times 10^7$ y $1,5 \times 10^7$ copias genómicas/mL, respectivamente); mientras que al 7 dpr hubo un leve aumento de la replicación de ZIKV (1×10^8 copias genómicas/mL) y al día 21 hay un leve aumento de la replicación de CHIKV ($3,5 \times 10^5$). **Conclusiones.** Las especies evaluadas son susceptibles a infección simultánea con los dos arbovirus, siendo predominante la replicación de ZIKV en *Aedes aegypti*/WT y dependiente del dpr en *Aedes albopictus*/WT. Financiado por Universidad Cooperativa de Colombia (Proyecto N°2247) y Minciencias Convocatoria 771/2016.

58. Diversidad microbiana asociada a cultivos de lechuga de tres municipios de la Sabana de Bogotá: implicaciones en la salud humana.

Arenas N, Arévalo G, Martínez D, Moncayo A, Vanegas J. Facultad de Ciencias: Universidad Antonio Nariño. Bogotá. nearenass@unal.edu.co

Introducción. En algunos sectores ribereños se realiza el cultivo y riego de lechuga para el abastecimiento del mercado local de alimentos. Sin embargo, una alarmante problemática nacional es la identificación de patógenos en dichos cuerpos de agua no tratados y destinados a riego de cultivos destinados al consumo humano. Nuestro objetivo fue determinar la diversidad microbiana asociada a cultivos de lechuga de tres municipios de la sabana de Bogotá. **Materiales y métodos.** Se tomaron muestras de suelo rizosférico y agua de riego de cultivos de lechuga localizados en los municipios de Funza, Mosquera y Cota. Además, se muestrearon algunas plantas aleatoriamente en cada producción. Se extrajo el ADN total de las muestras y se secuenció mediante secuenciación masiva del gen ribosomal 16S. Se analizaron los metagenomas en los programas MOTHUR, SILVA y MEGAN5. **Resultados.** En los tres municipios se encontró una alta abundancia de organismos endófitos. La diversidad de bacterias endófitas de lechuga fue mayor con *Staphylococcus*, *Serratia*, *Enterobacter* y *Bacillus* en el municipio de Funza. Para Mosquera y Cota, predominaron los géneros *Lactococcus* y *Bacillus*. En las muestras de agua y suelo se encontró una mayor diversidad de proteobacterias en agua y actinobacteria en suelos. *Bacillus* fue el género más diverso entre las bacterias rizosféricas

de lechuga de los tres municipios. **Conclusiones.** La baja calidad del agua de riego del río Bogotá usada en el sector agropecuario podría representar una fuente de diferentes patógenos cuando es aplicada a cultivos de lechuga y otras producciones y podría representar un alto riesgo para la salud humana.

59. Genómica comparativa de aislamientos clínicos Colombianos de *Salmonella Typhimurium* variante monofásica.

Cuenca-Arias P, Montaña L, Rodríguez C, Villarreal J, Wiesner M. Instituto Nacional De Salud. Departamento de Química, Facultad de Ciencias: Universidad Nacional de Colombia. Bogotá. pcuenca@ins.gov.co

Introducción. En Colombia *Salmonella Typhimurium* variante monofásica, STVM (1,4,5,12:i:-) actualmente es el serovar predominante recuperado en la vigilancia por laboratorio de Enfermedad-Diarreica-Aguda (EDA). Dada su rápida diseminación a nivel mundial, incremento de la multiresistencia y aparición de distintos clones epidémicos, se considera un problema de salud pública emergente. Este estudio analizó 21 aislamientos clínicos colombianos de STVM mediante WGS, para conocer el acervo genético y definir clones internacionales. **Materiales y métodos.** Los genomas se compararon alineando los contigs contra los genomas de referencia: *S. Typhimurium* LT2 (AE006468) y los clones monofásicos DRR106818, ERR985368 y ABA001000000. Se utilizó CSI Phylogeny 1.4 para el análisis filogenético, PHASTER (<http://phaster.ca/>) para profagos. Genes de virulencia, resistencia y secuenciotipo con los programas de la herramienta web (<http://www.genomicepidemiology.org/>). **Resultados.** Se identificaron los linajes ST19 (n=14), ST34 (n=3), ST7478 (n=2) y no determinados (n=2). Se confirmó circulación del clon europeo ST34 y U.S.A en 3 y 1 aislamientos, respectivamente. Se identificó un linaje endémico predominante en 17 aislamientos, con el plásmido pSTV híbrido, profagos Fels-2, Gifsy-1 y UAB_Phi20. Se identificó el gen *qnrB19* (n=8) e *Inu(F)* (n=1) que confieren resistencia a quinolonas y lincosamida. **Conclusiones.** Se identificó un linaje predominante en Colombia sugiriendo la circulación de un clon endémico con resistencia de 3 a 6 antimicrobianos, plásmidos Col(pHAD28), ColpVC y profago Phi20. Es importante continuar con los estudios sobre esta variante para elucidar las características que le permitieron reemplazar el serovar *Typhimurium* a nivel global.

60. Prevalencia de *Escherichia coli* verotoxigénico (VTEC) en muestras de carne molida de un municipio del departamento del Quindío, Colombia.

Granobles-Velandia C, Guarín E, Castaño-Osorio J, Giraldo-Rubio V. Grupo de Inmunología Molecular GYMOL. Centro de Investigaciones Biomédicas: Universidad del Quindío. Armenia. cvgranobles@uniquindio.edu.co

Introducción. *Escherichia coli* verotoxigénico (VTEC) es un patógeno entérico que produce colitis hemorrágica y síndrome urémico hemolítico en el humano; el bovino es el principal reservorio de cepas VTEC y si bien, el serotipo O157:H7 es aislado con mayor frecuencia, actualmente, existen serotipos no-O157:H7 que han sido asociados con enfermedad humana. Las verotoxinas son el principal factor de virulencia, y son responsables de las características patológicas en la infección por VTEC. Dado que muchos de los brotes en humanos se han relacionado con el consumo de alimentos cárnicos contaminados con las heces del bovino y debido a la falta de datos sobre la situación de VTEC en Colombia, el objetivo de este trabajo fue determinar la prevalencia de VTEC en un municipio del Quindío y caracterizar los genes de virulencia presentes en las cepas aisladas a partir de carne molida de origen bovino. **Materiales y métodos.** Para ello, se tomaron muestras de carne en 10 carnicerías a distintos tiempos, a cada muestra se le realizó un pre-enriquecimiento y luego se detectó por PCR Múltiple la presencia de los genes *vt1* y *vt2*. **Resultados.** Las muestras positivas para estos genes se aislaron en tres medios de cultivo selectivos y por PCR Múltiple se detectaron otros genes (*eae*, *hlyA* y *saa*) que codifican diferentes factores de virulencia de VTEC. Además, por PCR se detectó la presencia/ausencia del serotipo O157:H7. **Conclusiones.** Los resultados mostraron una prevalencia de VTEC no-O157:H7 en el 33,3% de las muestras, observando diferencias en los factores de virulencia encontrados en cada uno de los aislamientos.

61. Evaluación de la proteína NS1 como factor de riesgo para dengue severo: una revisión sistemática de la literatura y metanálisis.

Ospina-Sánchez S, Trujillo A, Jiménez-Posada E, Rojas-Gallardo D, Cardona-Ospina J. Institución Universitaria Visión De Las Américas. Instituto Para La Investigación En Ciencias Biomédicas - Sci-help. Pereira. santiago.ospinas@uam.edu.co

Introducción. La proteína NS1 del virus del dengue (DENV) juega un rol crucial en la fisiopatogenia de la infección, y sus complicaciones. Se realizó una revisión sistemática y metaanálisis para evaluar la proteína NS1 como factor de riesgo para el desarrollo de dengue severo. **Materiales y métodos.** Se realizó una revisión sistemática de la literatura en PubMed, Web of Science, y Scopus empleando la estrategia de búsqueda "(dengue OR dengue shock síndrome OR dengue haemorrhagic fever) AND (NS1) AND (risk factor)", siguiendo las recomendaciones PRISMA. Se incluyeron estudios observacionales de infección por DENV confirmada mediante serología o RT-PCR que hubiesen analizado la presencia de NS1 en suero o plasma. Se realizó un metaanálisis de efectos aleatorios para estimar el odds ratio (OR). **Resultados.** Se encontraron 134 artículos. Se seleccionaron por título un total de 60, y se evaluó el documento completo de 43 después de eliminar duplicados. Finalmente, se incluyeron 6 trabajos de 5 países diferentes (Tailandia, Taiwán, Malasia, Paraguay y Vietnam). El grupo etario más común fue el adulto (n=4) y en menor cantidad la edad pediátrica (n=2). Ninguno caracterizó pacientes gestantes. Todos los serotipos del DENV se analizaron. El metaanálisis tuvo una alta heterogeneidad (I²= 81,99% IC95 51,2 a 98,6). El OR agrupado estimado fue 3,74 (IC95% 1,13 a 12,36, t₂ = 1,6759 IC95% 0,39 a 26,14). **Conclusiones.** La infección por DENV es la arbovirosis más frecuente en el mundo. Sus complicaciones son de origen multifactorial. Este metaanálisis confirma la importancia clínica de la proteína NS1 como factor de virulencia.

62. Infección en caballos por el virus de la influenza equina (H3N8) y su potencial zoonótico en los departamentos de Antioquia y Cundinamarca, 2020-2022.

González-Obando J, Zuluaga-Cabrera A, Rojas-Arbeláez C, Forero-Duarte J, Ruiz-Sáenz J, Universidad de Antioquia. Universidad Cooperativa De Colombia. Enviado. julianagonzalez1@gmail.com

Introducción. La influenza equina es una enfermedad altamente contagiosa, de distribución global y de potencial zoonótico, causada por el virus de la influenza A (EIV). Han sido reportados brotes en humanos desde 1957, el EIV es el patógeno de mayor importancia respiratoria en la población equina causada por H3N8. **Objetivo:** Detectar molecularmente y por serología el virus de la influenza en equinos en Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio transversal con muestreo a conveniencia de pacientes caballos con sintomatología respiratoria. Para la detección molecular se realizó una qPCR previamente descrita por Heine 2007. La evaluación serológica fue realizada mediante ELISA detectando anticuerpos de cualquier subtipo de influenza A. Además, fueron encuestados los cuidadores de equinos sobre la labor en el predio y la presencia de sintomatología respiratoria. La captación de los pacientes y aplicación de encuesta fue realizada desde noviembre del 2020 hasta mayo del 2022. **Resultados.** Incluidos 94 pacientes caballos, de 23 pesebreras de Antioquia y Cundinamarca, el 88% no contaban con esquema de vacunación completo para influenza. La serología fue positiva en un 25% de los equinos. El 18,4% fue positivo a la qPCR. El 90% de los cuidadores manifestaron presentar sintomatología respiratoria que coincidía con el inicio de síntomas en los caballos, pero no se analizaron por laboratorio. **Conclusiones.** Los casos positivos de influenza de nuestro trabajo coincidieron con brotes reportados en otras regiones del mundo durante los años 2020 y 2022. Queda pendiente realizar la detección molecular y aislamientos de los cuidadores de los caballos.

63. Identificación de microorganismos aislados a partir de lavado duodenal de *Columba livia* (paloma doméstica) en zonas urbanas (parques y plaza de mercado).

Lora-Suarez F, Rolón J, Acero V, Universidad del Quindío. Universidad Agropecuaria de Colombia. Armenia. flora@uniquindio.edu.co

Introducción. Los Columbiformes se caracterizan por tener forma de paloma y frecuentar ecosistemas urbanos, como *Columba livia*. Esta especie se domesticó volviéndola muy cercana y afectuosa al humano. Es una especie carismática e interactúa con animales y personas. Actualmente es una especie de estudio debido a que alberga microorganismos de importancia en salud pública. **Materiales y métodos.** En total se recolectaron 15 muestras de duodeno de *C. livia*, en plaza de mercado y parques en Bogotá, entre diciembre 2018 y agosto 2019. La identificación de hongos levaduriformes se realizó CHROMagar. Los hongos filamentosos se identificaron por la morfología macroscópica y microscópica en tinción de azul de lactofenol. Las bacterias se

identificaron por pruebas bioquímicas específicas tanto para Gram negativas (RapidONE system de ramel) y positivas (BBL CRYSTAL). Para los protozoos se utilizó el método de precipitación Ritchie y tinción con lugol también ziehl-neelsen modificada para *Cryptosporidium sp* y PCR anidada para *Toxoplasma gondii*. **Resultados.** A los microorganismos identificados se les realizó el cálculo de porcentaje. Hongos: *Trichosporon sp* 7%, *C. tropicalis* 13%, *R. stolonifer*. 13%, *T. rubrum* 7%, *C. sphaerospermum*, 7%, *Fusarium sp.* 7%. Bacterias: *E. coli* 87%, *Salmonella sp.* 13%, *E. maltophilia* 7%, *E. aerogenes* 13%, *B. cepacia* 7%, *B. cereus* 7%, *C. propinquum* 7%. Protozoos: *T. gondii* 13%, *Cryptosporidium sp.* 47%, *Amoeba sp.* 7%. **Conclusiones.** Los resultados de este estudio demuestran como *C. livia* juega un papel importante como hospedero paraténico de microorganismos y parásitos de importancia para la salud pública.

64. Serovares de *Leptospira* en pacientes notificados al Laboratorio de Salud Pública, Bogotá 2021.

Neira A, Gómez S, Estepa J, Secretaría de Salud de Bogotá. Bogotá. saligoba@gmail.com

Introducción. De acuerdo con la Organización Panamericana de la salud, las zoonosis de mayor importancia para América Latina incluyen la brucelosis y leptospirosis, las cuales son frecuentemente sub reportadas. Estas bacterias se encuentran en distintos animales, incluyendo perros, los cuales están en contacto con humanos significando un potencial riesgo de trasmisión a humanos y animales. En Bogotá existe reporte de presencia de brucelosis y leptospirosis en caninos y humanos. Bogotá realiza la vigilancia epidemiológica de leptospirosis, confirmando los casos sospechosos. Aquí se presenta los serovares identificados en muestras de pacientes que ingresaron como parte de la vigilancia durante el 2021. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo con la información recopilada por el Laboratorio de Salud pública de Bogotá, de muestras que ingresaron como parte de la vigilancia epidemiológica de la leptospirosis durante el 2021, en 159 pacientes considerados casos sospechosos, con sueros pareados y se confirmaron por la prueba de microaglutinación (MAT) para 27 serovares de *Leptospira* en el Instituto Nacional de Salud. **Resultados.** La reactividad a los serovares de *Leptospira* fue del 5,03% (IC95% 1,6%-8,4%) que corresponde a 8 de las muestras analizadas. La mediana de la edad fue de 40,5 años con el mismo número de hombres como de mujeres. Correspondieron a *Autumnalis* (serovar autumnalis y rachmati), *Balum* (serovar ballum), *Bataviae* (serovar bataviae), *Grippotyphosa* (serovar grippotyphosa), *Pomona* (serovar pomona). **Conclusiones.** Los datos de este estudio demuestran la presencia de serovares de *Leptospira* en Bogotá, y la importancia de fortalecer el diagnóstico y la vigilancia epidemiológica para favorecer la prevención.

PRESENTACIONES EN POSTER

INFECCIÓN POR VIH/SIDA

65. Modelo pronóstico de falla virológica en personas que viven con VIH en el departamento de Antioquia.

Pérez-Casanova A, Martínez-Vega R, Zapata-Serna J, Álzate-Ángel J. Universidad de Santander. Corporación Para Investigaciones Biológicas. Bucaramanga. marcelo9110@hotmail.com

Introducción. La falla virológica es la incapacidad para mantener la supresión de la replicación viral (ARN de Virus de Inmunodeficiencia Humana (VIH) <200 copias/mL) después de 6 meses de Tratamiento Antirretroviral de Gran Actividad (TARGA). El objetivo fue desarrollar un modelo pronóstico de falla virológica en personas que viven con VIH en Antioquia, Colombia. **Materiales y métodos.** Se desarrolló un modelo pronóstico a partir de un estudio de cohorte histórica. Se incluyeron pacientes VIH de cualquier sexo mayores de 13 años atendidos en la IPS CIB salud que iniciaron su primer esquema de TARGA entre el 1/julio/2016 y el 31/diciembre/2019. Se empleó regresión logística múltiple para desarrollar los modelos, se determinó calibración (prueba de Hosmer-Lemeshow) y discriminación (área bajo la curva operador del receptor - AUC). **Resultados.** Se incluyeron 211 pacientes VIH. Se realizaron cinco modelos evaluados de acuerdo a su calibración, discriminación, y conforme a un criterio de parsimonia recomendamos el modelo cuatro con un AUC 0,9363 (IC95% 0,9018-0,9709), y Hosmer-Lemeshow 0,9959, y el modelo cinco con AUC 0,9355 (IC95% 0,9037-0,9673), y Hosmer-Lemeshow 0,9962. En los modelos se incluyeron seis variables, donde se tuvo en cuenta para el modelo

cuatro la relación linfocitos TCD4+/CD8+ y para el modelo cinco el recuento de linfocitos TCD4+. **Conclusiones.** Es posible predecir la falla virológica en personas viviendo con VIH en Colombia a partir de datos clínicos. Si bien nuestros modelos tienen buena calibración y discriminación, es importante plantear su validación externa para poder entregar un modelo que pueda ser utilizado en los diferentes programas.

66. Barreras para la implementación de PrEP desde las perspectivas de mujeres transgénero y gay/bisexuales -Estudio PrEP-COL.

Bolívar-Rocha M, Alvarado-Llano B, Martínez-Cajas J, Camargo-Plazas P, Gómez S. Corporación de Lucha Contra el Sida. Queen's University. Pontificia Universidad Javeriana. Cali.
mariacamila.bolivar@javerianacali.edu.co

Introducción. La Profilaxis preexposición a VIH (PrEP) es una estrategia innovadora para prevenir el VIH. Consiste en la toma diaria de medicamentos antirretrovirales por personas no infectadas con el fin de reducir sus probabilidades de adquirir tal infección. El objetivo es describir las barreras para la implementación de la PrEP desde las perspectivas de mujeres transgénero y gay/bisexuales en Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio cualitativo, basado en el modelo SAT (Social Action Theory). Se realizaron 35 entrevistas y seis grupos focales, con mujeres transgénero y con hombres gay/bisexuales de Medellín, Bogotá y Cali durante el año 2021. **Resultados.** Se identificaron siete barreras en la implementación de PrEP: 1) Bajo conocimiento de la PrEP como estrategia de prevención. 2) Contextos sociales vulnerables que dificultan adherencia a estrategias de prevención. 3) Consumo de SPA y alcohol que disminuye la persistencia del uso de la PrEP. 4) El uso de antirretrovirales como estrategia de prevención genera estigma relacionado con VIH. 5) La desaprobación del uso de la PrEP por parte de parejas permanentes. 6) La falta de capacitación de los profesionales de la salud sobre PrEP disminuye acceso. 7) Discriminación por parte de funcionarios sanitarios, copagos del sistema de salud y barreras administrativas. **Conclusiones.** Para acelerar la implementación de la PrEP, se necesitan esfuerzos para aumentar su conocimiento entre la población objetivo, disminuir los riesgos que generan los contextos de vulnerabilidad por violencia y consumo y disminuir las barreras de acceso del sistema de salud. Financiado por Minciencias código:334780762872.

67. Impacto de la pandemia de COVID-19 en el acceso a la atención de las personas que viven con VIH en Colombia.

Moreno-Ramírez L, Patiño-Aldana A, De La Pava-Cortés I, Hernández-Vargas J, Acuña-Merchán L. Cuenta De Alto Costo. Bogotá.
ipava@cuentadealtocosto.org

Introducción. La pandemia por COVID-19 ha generado afectaciones directas e indirectas en la atención de las personas viviendo con el VIH (PVV). El objetivo de este estudio fue identificar los cambios en la incidencia, el acceso a la atención y la mortalidad. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo de las PVV reportadas en el registro nacional de la Cuenta de Alto Costo (CAC) (1). Se analizaron las atenciones prestadas en 2019 (periodo pre pandemia) y se compararon con el 2020 (periodo de pandemia). Se realizaron comparaciones de datos crudos y los resultados se presentaron utilizando la diferencia porcentual. **Resultados.** De los datos reportados la incidencia descendió a nivel nacional (25,2%), siendo la región Pacífica la de mayor disminución (35,8%). La oportunidad en el inicio de atención de las PVV y en el inicio de la TAR se mantuvieron constantes. En las regiones Caribe y Pacífica se observó una disminución en atenciones por médico infectólogo, mientras que se encontró un aumento en la región Oriental, Amazonía/Orinoquía y en Bogotá D.C. La realización de la carga viral de seguimiento disminuyó en los primeros meses, pero luego fue compensado. Según los datos reportados, la mortalidad aumentó en un 24,3%. **Conclusiones.** La pandemia por COVID-19 modificó la atención en los programas de VIH en Colombia, sin embargo, el sistema se adaptó manteniendo la oportunidad de atención, de tratamiento y el seguimiento de los pacientes. El impacto varía según las regiones, por lo cual debe ahondarse en la identificación de estrategias particulares.

68. Prevalencia de la mutación CCR5-Δ32 en población universitaria saludable.

Cárdenas-Ruidiaz M, Andre-Agudelo M, Acosta-Galvis M, Uribe-Echeverry P. Universidad de Manizales. Manizales.
mariajosecardenas62@gmail.com

Introducción. CCR5-Δ32 consiste en la pérdida de 32 nucleótidos, generando resistencia parcial o total a la infección por VIH-1, esta información ha sido poco estudiada en la población Colombiana. El objetivo del estudio fue identificar la frecuencia de la mutación CCR5-Δ32 en la población universitaria saludable con rango de edad entre 18 y 30 años en la ciudad de Manizales y visualizar los tres genotipos asociados con la mutación. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de corte transversal. Criterios de inclusión saludables, universitarios, entre 18 y 30 años. Criterios de exclusión personas con nivel de consanguinidad y/o individuos de descendencia extranjera. Se realizó PCR, utilizando los primers CCR5-Δ32 F/R para visualizar los genotipos; homocigotos (137 pb), heterocigotos (137 – 169pb) y silvestre. **Resultados.** Se obtuvo un total de 109 muestras. Población procedente de Caldas, Tolima, Huila, y Valle del Cauca. Se encontraron 83 silvestres (80%), 13 homocigotos (12%) y 8 heterocigotos (8%). **Conclusiones.** Se encontró una frecuencia de mutación de un 20% (homocigotos-heterocigotos) se requieren más estudios para comprobar esta frecuencia por medio de un estudio poblacional.

69. Descripción clínica asociada a una tercera coinfección en población VIH - *Cryptococcus* sp. en un hospital clínico de alta complejidad de la ciudad de Medellín.

Calle-Estrada M, Medina-Correa A, Berrio-Medina I. Hospital General de Medellín. Prosalco. Medellín.
matcalle9102@gmail.com

Introducción. La coinfección VIH y *Cryptococcus* tiene una asociación clínicamente descrita y con relación al estado inmunológico, esta sigue siendo una enfermedad grave y potencialmente mortal que requiere un alto índice de sospecha en el médico. Su asociación con otras coinfecciones es en muchos casos subvalorada y poco descrita. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de corte transversal realizado a partir de pacientes hospitalizados con diagnóstico o antecedente de VIH y con evidencia microbiológica de coinfección *Cryptococcus* y que concomitantemente tuvieron otras coinfecciones documentadas. Los datos fueron tomados en el Hospital General de Medellín (HGM) centro de alta complejidad del 1 de enero de 2012 al 31 de diciembre de 2017. **Resultados.** Se detectaron 55 pacientes con coinfección VIH y *Cryptococcus*, de los cuales 18 (32,7%) tuvieron cultivos positivos y 38 (69,1%) antígeno positivo. Edad promedio 38,78 años. El 94,5% fueron hombres. El 67,9% tenía coinfección por otro oportunista, siendo los principales: tuberculosis 27%, CMV 16,4% y *Toxoplasma* 14,6%. Los principales síntomas generales fueron pérdida de peso (60%) y fiebre 63,3%. Los principales síntomas neurológicos fueron cefalea 70,9% y convulsiones (36,4%). El recuento de CD4 < 50 cell/mm³ se presentó en el 69,1%. El 21,8% presentó fungemia. La mortalidad general fue 30,9%. **Conclusiones.** La infección por *Cryptococcus* siempre debe ser sospechada en población VIH dada su alta prevalencia y potencial mortalidad. Su comportamiento arribista explica la mayor probabilidad de coinfección con otros oportunistas, siendo tuberculosis la opción más probable en nuestro medio.

70. COVID-19 y coinfección VIH una experiencia clínica en un centro de alta complejidad de la ciudad en Cali, 2020-2022.

Álvarez J, Hazzi S, Matta-Cortés L, Universidad del Valle. Cali.
lorena.matta@correounivalle.edu.co

Introducción. El Hospital Universitario del Valle "Evaristo García" E.S.E reporta un número importante de admitidos por COVID-19. Una gran proporción de las personas con infección por VIH tienen una o más comorbilidades que significan mayor riesgo para un curso más severo de COVID-19. La evidencia actual sobre una asociación entre la infección por el VIH y los resultados relacionados con COVID-19 es mixta. El propósito de este estudio es describir factores asociados a la coinfección. **Materiales y métodos.** Estudio de corte transversal en 75 adultos atendidos en el HUV durante 2020-2022, comparando pacientes con diagnóstico de COVID-19 y pacientes con coinfección COVID-19/VIH. Se calcularon frecuencias relativas, promedios y medidas de tendencia central. Se usaron test de Chi², Fisher y t-student de acuerdo a las variables. Se tomó un valor de significancia estadística de p<0,05 **Resultados.** El (72%) de ambos grupos coinfectados y solo COVID-19 eran de sexo masculino, tenían un promedio de 40,7 ± 16,4 años en pacientes solo COVID-19 y coinfectados 42,04 ± 14,41 años (p=0,74). El 16,6% de los pacientes con coinfección reportaron más de 2 comorbilidades. El consumo de SPA fue mayor en el grupo de coinfectados (33,3%) en comparación con solo COVID-19 (9,8%). El promedio de estancia en UCI fue de 14 ± 15 días en pacientes solo COVID-19,

en coinfectados fue de $19,62 \pm 32,81$ días ($p=0,51$). Los días de hospitalización tuvieron un comportamiento similar, con 27 y 35 días, respectivamente ($p=0,26$). **Conclusiones.** Es necesario conocer más sobre el comportamiento del COVID-19 en pacientes con VIH.

71. Factores asociados a mortalidad en pacientes con VIH ingresados a la unidad de cuidados intensivos de un hospital de tercer nivel de Bogotá durante 2017-2019.

Palencia-Boada M, Mahecha Bohórquez J, Ortiz-Ruiz G. Hospital Santa Clara, Bogotá.
angelicapalenciab@gmail.com

Introducción. Se describe el comportamiento de los pacientes con diagnóstico de VIH en una UCI **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte retrospectiva, se realizó estadística descriptiva, pruebas de asociación entre variables categóricas y R.R, con intervalos de confianza del 95% (IC 95%). Las variables cuantitativas se analizaron con el estadístico correspondiente. **Resultados.** N: 110, edad promedio 41,61%, 83,6% eran hombres. 66% tenía diagnóstico previo de VIH. En aquellos pacientes sin diagnóstico previo al 18,7% se le documentó en urgencias y al 12,3% en la UCI. En cuanto a la evolución de la enfermedad, el 85,5% presentaba estadio clínico de SIDA, el 88,8% presentaba un recuento de linfocitos CD4 < 200 mm³ y el 91,7% tenía una carga viral ≥ 50 mm³. 31,8% de los pacientes se encontraban con TARGA. Con respecto a las comorbilidades, se observó una mayor frecuencia de neoplasia asociada a SIDA (12,8%), enfermedad cardíaca (6,4%) y EPOC (5,5%). El 44,5% tenía índice de Charlson ≥ 6 , el 41% presentaba dependencia a sustancias psicoactivas. Los diagnósticos de ingreso fueron choque séptico (62,8%) e infección del sistema nervioso central (41%). El 70% de los pacientes requirió soporte vasopresor, el 70,9% soporte ventilatorio y el 61% coma farmacológico. La principal complicación en la UCI fue la lesión renal aguda (56,4%). El 70,6% recibió tratamiento profiláctico, 41,8% recibieron tratamiento anti TB. Se documentó infección por oportunistas en el 70,4 % de los casos, mortalidad del 58,2%. **Conclusiones.** Este estudio realizado en UCI, evaluó los factores asociados a mortalidad en esta población.

72. Características de una población venezolana adulta, con VIH/Sida, atendidos en urgencias y consulta externa de un programa de VIH, de la red pública de Bogotá.

Palencia-Boada M, Bonilla-González P, Russi-Lozano J, Quintero-García D, Hospital Santa Clara. Clínica Shaio, Bogotá.
angelicapalenciab@gmail.com

Introducción. Debido a la crisis humanitaria en Venezuela, el número de migrantes en Colombia, sin afiliación al sistema de salud ha aumentado, sin embargo, no existen reportes oficiales publicados. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo, retrospectivo. Se evaluaron datos de pacientes adultos venezolanos con VIH/Sida atendidos en el servicio de urgencias de medicina interna y consulta externa del programa de VIH. Las variables categóricas se analizaron por proporciones, las variables continuas se describen por la medida de tendencia central. **Resultados.** Se recolectaron datos de 75 pacientes, el 93% eran hombres, la mediana de edad fue 31 años, el 71% estaba afiliado al FFD, las comorbilidades no infecciosas más frecuentes fueron la gingivitis y la desnutrición. 16% fumaba de forma activa, el 9,5% consumía sustancias psicoactivas, el 63% tenía orientación homosexual. La mediana de edad al diagnóstico fue a los 28 años, el 16% usaba condón siempre en las relaciones sexuales, el 81% no tenían TARGA al ingreso y el 89% no tenía ningún tipo de profilaxis, la mediana de CD4 fue de 181 células/mm³, la mediana de la carga viral de VIH fue 28.432 copias/ml, el 57% fue captado por el servicio de consulta externa, las oportunistas más frecuentes fueron sífilis, tuberculosis y candidiasis esofágica. **Conclusiones.** Esta población, es vulnerable, consecuencia de la migración irregular, la baja escolaridad, la alta tasa de desempleo y el no acceso a la TARGA ni profilaxis para oportunistas. El 22% se encuentra en enfermedad avanzada, asociada a infecciones oportunistas.

RESISTENCIA BACTERIANA

73. Evaluación del efecto de cecropinas de *Scarabaeidae* sobre la expresión del gen *stx2* en *Escherichia coli* productora de toxinas Shiga (STEC).

Quiquianás-Guarín E, Ramírez-Tabares Y, Padilla-Sanabria L, Téllez-Ramírez G, Castaño-Osorio J. Universidad del Quindío. Armenia.
esquiquianasg@uqvirtual.edu.co

Introducción. Las toxinas Shiga (Stx1 y Stx2) son el principal factor de virulencia de *E. coli* STEC, actúan inhibiendo la síntesis proteica y están asociadas con el desarrollo del Síndrome Urémico Hemolítico. El tratamiento de STEC con antibióticos induce la producción de Stx, por esta razón, es importante buscar moléculas como alternativa a ese tratamiento. En este trabajo se evaluó el efecto de 3 cecropinas, a nivel de actividad antibacteriana, citotoxicidad y expresión del gen *stx2*. **Materiales y métodos.** La actividad antibacteriana se midió por microdilución en placa; la citotoxicidad de sobrenadantes STEC se evaluó en células Vero y los niveles de expresión de *stx2* por RT-qPCR. Adicionalmente, se evaluó la interacción de las cecropinas con un modelo lipídico sintético de membrana de *E. coli* por espectroscopía infrarroja. **Resultados.** Las tres cecropinas tuvieron actividad antibacteriana con CMI y CMB de 12,5 µg/mL. Sobrenadantes STEC tratados con cecropinas mostraron menor citotoxicidad en células Vero después de 48h de incubación comparadas con el control (Mitomicina C). La expresión del gen *stx2* disminuyó entre 0,2 - 0,5 veces al tratar STEC con cecropinas a 40 min, en comparación a la expresión basal del gen (1) y al tratamiento con ciprofloxacina (1,5 - 2). Finalmente, una de las cecropinas mostró interacción con un modelo lipídico de la membrana de *E. coli*. **Conclusiones.** Notablemente, las cecropinas inhiben el crecimiento de STEC y disminuyen la expresión del ARNm y producción de Stx2; de este modo, se proporcionan nuevos conocimientos sobre el uso de cecropinas para desarrollar una posible alternativa terapéutica.

74. Evaluación del Sistema Vitek MS® en la identificación de *Enterobacteriaceae* productoras de carbenemasas tipo KPC.

Montaño-Céspedes A, Robledo-Restrepo C, Galvis J, Jiménez-Quiceno N, Brunel R, Robledo-Restrepo J, Laboratorio Médico de Referencia: Medellín. Línea de Epidemiología Molecular Bacteriana, Grupo de Microbiología Molecular: Universidad de Antioquia. Biomérieux Colombia SAS. Copacabana.
aleyda.montano@gmail.com

Introducción. La identificación rápida de aislamientos productores de carbenemasas es crucial para un tratamiento oportuno y para el control de la diseminación intrahospitalaria. Objetivo: Determinar la validez diagnóstica del sistema Vitek MS® en la detección de carbenemasas tipo KPC mediante la identificación del pico característico 11.109 Da. **Materiales y métodos.** Estudio de validación de un método diagnóstico, realizado entre los años 2020-2022. Se evaluaron 210 aislamientos, formados por 34 *Klebsiella pneumoniae* positivas para el gen blaKPC, el plásmido pKpQIL y el transposón Tn4401a, 30 aislamientos de *Enterobacteriaceae* blaKPC positivas, pero de fondo plasmidico desconocido y 146 controles negativos. Se estableció acuerdo entre el Vitek MS®, RAPIDEC® CARBA NP y Método modificado de Inactivación de Carbenemasas (mCIM) en unión con eCIM ($p < 0,05$) (IC95%); para cada prueba se realizó curva ROC y posterior comparación. **Resultados.** Se obtuvieron valores de sensibilidad del 100% (IC 98,53 - 100), especificidad del 94,78% (IC 90,64 - 98,92), VPP de 82,93% (IC 70,19 - 95,66), VPN de 100% (IC 99,61 - 100) y RVP de 19,14% (IC 9,31 - 39,37). Se obtuvo un acuerdo entre las tres pruebas del 92,3% y un índice Kappa de 0,8877 (IC 0,8112-0,9642). La comparación de las curvas ROC mostró AUC de 0,9714, 0,9786 y 0,971 para Vitek MS®, RAPIDEC® CARBA NP e inactivación respectivamente. **Conclusiones.** La detección del pico 11.109 Da confirma la presencia de carbenemasas tipo KPC simultáneamente con la identificación; un resultado negativo no descarta la presencia de la enzima. La circulación de transposones diferentes al Tn4401a obliga a la utilización de pruebas adicionales.

75. Detección de *Shigella sonnei* multidrogoresistente a los antibióticos en Colombia.

Rodríguez-Cárdenas E, Montilla-Escudero E, Montaño-Valencia L, Ospina-Ríos E, Duarte-Valderrama C. Instituto Nacional De Salud. Bogotá.
erodriguezc@ins.gov.co

Introducción. Debido al incremento de infecciones causadas por *Shigella sonnei* extremadamente resistente en hombres que tienen sexo con hombres (HSH) en Reino Unido, en marzo de 2022 la OMS generó un comunicado para reforzar acciones de vigilancia. El objetivo del estudio es presentar los resultados de la vigilancia nacional por laboratorio de *S. sonnei* del Instituto Nacional

de Salud. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo con aislamientos de *S. sonnei* recibidos entre 2020 y marzo 2022 mediante la vigilancia nacional por laboratorio. Se confirmó la sensibilidad antimicrobiana a tetraciclina, trimetoprim/sulfametoxazol (SXT), ácido nalidixico (NA), ciprofloxacina (CIP), ampicilina (AMP), cefotaxima, ceftazima y azitromicina (AZI). Se realizó secuenciación de genoma completo (SGC) por Miseq (Illumina) a un aislamiento que presentó multidrogoresistencia, los datos crudos fueron analizados por Resfinder, Plasmidfinder y se realizó alineamiento por referencia para identificación de plásmido. **Resultados.** Un total de 56 aislamientos de *S. sonnei* fueron evaluados frente a azitromicina, de los cuales se identificó un aislamiento con resistencia a cuatro familias de antibióticos: AMP, SXT, AZI, NA, CIP recuperado de materia fecal de un paciente de masculino de 36 años HSH, este aislamiento fue confirmado por SCG y se identificaron dos replicones Col (BS512) y Incl1-I (Alpha); similar al plásmido pKRS100, con genes de resistencia a aminoglicósidos (aadA5), macrólidos (mphA), penicilinas (bla-TEM), sulfonamidas (dfrA). La resistencia a quinolonas fue codificada en cromosoma. **Conclusiones.** La vigilancia por laboratorio nacional de *Shigella spp.* permitió confirmar la presencia de un aislamiento de *S. sonnei* multidrogoresistente en un paciente HSH con características genómicas similares a las reportadas previamente.

76. Reposicionamiento de fármacos comerciales como agentes antivirulentos para atenuar la formación de biopelículas y tres factores de virulencia regulados por el quorum sensing de *Pseudomonas aeruginosa*.

Angarita-Angarita M, Gómez V, Pabón-Baquero L. Universidad de La Salle. Bogotá.
mangarita49@unisalle.edu.co

Introducción. El desarrollo de altos niveles de resistencia ha dificultado la erradicación completa de *Pseudomonas aeruginosa*, por tanto, el uso de fármacos ya sea solos o en combinación con un antibiótico, ha surgido como una nueva alternativa a procesos tradicionales para el control de infecciones asociadas a microorganismos resistentes. El objetivo de este estudio fue evaluar la actividad de fármacos comerciales sobre la formación de biopelículas y la producción de tres factores de virulencia en *Pseudomonas aeruginosa*. **Materiales y métodos.** Se realizaron ensayos *in vitro* para determinar el efecto de los fármacos rubitecan, rimonabant, azilsartan, panobinostat y lufenuron a concentraciones subinhibitorias, sobre la formación de biopelículas, la producción de elastasas, proteasas y piocianina en *Pseudomonas aeruginosa* (PAO1) (ATCC BAA-47). **Resultados.** El porcentaje de inhibición de los fármacos sobre la formación de biopelículas fue de 85,7±4,5, 68,5±14,0 y 44,1±14,4 para lufenuron, azilsartan rimonabant (6,25 µg/mL), respectivamente; de 53,8±8,2 para rubitecan (25 µg/mL) y 69,2±6,1 para panobinostat (0,78 µg/mL). Respecto a los factores de virulencia el efecto inhibitorio se vio principalmente sobre elastasas con un porcentaje de 79,6±7,5 para el azilsartan a 1,56 µg/mL y del 39,3±3,9 en piocianina por el rimonabant a 6,25 µg/mL. En cuanto a proteasas ninguna de las moléculas presentó un efecto significativo. Las diferencias significativas fueron calculadas mediante el análisis estadístico ANOVA simple y test de tuckey. Siendo, * = P≤0,05, **=P≤0,01, ***=P≤0,001. **Conclusiones.** Usar fármacos como azilsartan para inhibir los factores de virulencia de *Pseudomonas aeruginosa* puede ser una nueva alternativa para el control de microorganismos resistentes.

77. Caracterización molecular de carbapenemasas en bacilos Gram negativos aislados de muestras de hisopado rectal de pacientes portadores.

Josa-Montero D, Leal R, Rojas J, Abril-Riaño D, Escobar-Pérez J, Torres I, Martínez D, Silva-Monsalve E, Osorio-Moncada J, Sánchez M, Arévalo D, Bustos G, Lozada J, Cortés F, Esparza G, Reyes L. Fundación Clínica Shaio. Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana: Universidad El Bosque. Fundación Cardioinfantil. Hospital San José Infantil. Clínica Universidad de la Sabana. Proasecal. Facultad De Medicina: Universidad de la Sabana. Bogotá.
diego.josa@shaio.org

Introducción. El tracto gastrointestinal es el principal reservorio de bacilos Gram negativos productores de carbapenemasas y la colonización rectal es el mayor factor de riesgo para el desarrollo de infecciones. Nuestro objetivo fue realizar la caracterización molecular de carbapenemasas en bacilos Gram negativos de hisopados rectales de pacientes portadores. **Materiales y métodos.** Estudio prospectivo, descriptivo, de corte transversal. Se analizaron 102 aislamientos productores de carbapenemasas recuperados en muestras de hisopado rectal de 102 pacientes de 4 instituciones hospitalarias de Bogotá,

D.C., entre el periodo de 2018 a 2022. Se realizó PCR para las carbapenemasas (blaKPC, blaNDM, blaVIM, blaIMP, blaOXA-48) en 60 aislamientos y 42 aislamientos por PCR e hibridación por kit AMR Flow Chip en plataforma HybriSpot (Vitro Master Diagnostica®). **Resultados.** La carbapenemasa detectada con mayor frecuencia fue: KPC (n= 68/102), NDM (n=9/102) y VIM (n=1/102). Se detectaron diferentes coproducciones como KPC y NDM (n= 19/102), KPC, VIM (n= 3/102), y KPC, NDM y VIM (n= 2/102). La mayoría de estas coproducciones se presentaron en aislamientos obtenidos durante y post pandemia COVID-19. **Conclusiones.** Este es el primer estudio en Colombia que muestra la distribución de carbapenemasas a nivel rectal gracias a la caracterización molecular. Es de gran importancia las estrategias de tamización rectal para la detección oportuna de estos pacientes portadores para un rápido aislamiento y prevenir su diseminación. Se evidencia la influencia que tuvo la pandemia por COVID-19 por el aumento de coproducciones de carbapenemasas en pacientes portadores.

78. Actividad antimicrobiana de antibióticos de uso pediátrico inhibidores de la síntesis de proteínas: comparación de productos innovadores vs. genéricos.

Ramírez-García M, Torres-Morales S, López-García A, Arbeláez-Quintero I, Cruz-Palacio M, García-Cepero A. Universidad de Antioquia. Tecnoquímicas S.A. Medellín.
ana.garciac@udea.edu.co

Introducción. El uso de productos genéricos es una alternativa viable siempre y cuando se garantice su calidad comparativa con los medicamentos innovadores, estos últimos, de alto costo, dificultan el acceso responsable a la terapia con antimicrobianos, sin el cual se propicia el desarrollo de resistencia a los antibióticos. El objetivo de este trabajo fue evaluar y comparar la actividad antimicrobiana *in vitro* de productos pediátricos genéricos e innovadores de azitromicina, claritromicina y ácido fusídico. **Materiales y métodos.** Se evaluó y comparó la actividad antimicrobiana de los antibióticos inhibidores de la síntesis de proteínas, azitromicina, claritromicina y ácido fusídico, tanto genéricos como innovadores, frente a las cepas de *Streptococcus pyogenes* ATCC® 19615, *Streptococcus pneumoniae* ATCC® 49616 y *Staphylococcus aureus* ATCC® 29213. Para este fin se realizó ensayo de difusión en disco según el manual M-100 del CLSI. Para estimar la significancia estadística entre los datos obtenidos se realizó prueba de ANOVA. Las diferencias estadísticamente significativas fueron definidas como aquellas que presentaron valores de p<0,05. **Resultados.** Los antibióticos ensayados presentaron actividad sobre todas las bacterias evaluadas y no se observó diferencia estadísticamente significativa entre la actividad antimicrobiana de los productos genéricos vs los innovadores, con halos de inhibición equivalentes en todos los casos. **Conclusiones.** Los productos genéricos evaluados poseen actividad antimicrobiana equiparable a los productos innovadores evaluados, por lo cual representan 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 ensayada.

79. Aislamiento y caracterización de bacteriófagos líticos frente a *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos del GC 28.

Tellez-Carrasquilla S, Salazar-Ospina L, Roncancio-Villamil G, Franco L, Vanegas-Múnera J, Hoyos J, Jiménez-Quiceno N. Línea de Epidemiología Molecular y Resistencia Bacteriana, Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada MICROBA: Universidad de Antioquia. Clínica Cardiovid. Universidad Pontificia Bolivariana. Oncólogos de Occidente. Medellín.
sara.tellez@udea.edu.co

Introducción. Ante la crisis de la resistencia bacteriana se ha renovado el interés en los bacteriófagos como una alternativa de gran potencial para el manejo de bacterias resistentes a los antibióticos. Este trabajo describe el aislamiento y caracterización de bacteriófagos líticos frente a *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos. **Materiales y métodos.** Estudio experimental. Para el aislamiento de los bacteriófagos, las muestras fueron obtenidas de agua residual hospitalaria y la detección se realizó utilizando la técnica de agar en doble capa. El rango de hospedero se determinó mediante la prueba de la gota en 27 aislados de diferentes géneros y especies (*P. aeruginosa*, *A. baumannii*, *E. coli*, *S. aureus*, *Aeromonas spp.*, *S. marcescens* y *C. freundii*) y en 58 aislados de *K. pneumoniae*; 45 resistentes a carbapenémicos con diferentes características clonales (ST258 [n=18], ST512 [n=5], ST11 [n=1], ST307 [n=13]

y ST14 [n=8]) y 13 aislados sensibles. **Resultados.** En total se aislaron 8 bacteriófagos y ninguno de ellos mostró actividad frente a géneros diferentes a *Klebsiella spp.* Dos bacteriófagos (BG-KP3, BG-KP4) fueron activos contra el 26,6% de las cepas resistentes evaluadas (12/45) y presentaron actividad frente al 45,8% (n=11) de aislados pertenecientes al GC-258 (ST258, ST512). Ningún bacteriófago evaluado presentó actividad contra *K. pneumoniae* del ST-307 y siete bacteriófagos tuvieron actividad a un único aislado de *K. pneumoniae* del ST14. Dos bacteriófagos diferentes (BG-KP1, BG-KP2) tuvieron actividad contra el 30,7% (n=4) de las cepas sensibles. **Conclusiones.** Este trabajo permitió el aislamiento de bacteriófagos con alta especificidad frente a *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos del CG258, clon de gran importancia a nivel local y mundial. MIINCIENCIAS código 111589785393

80. Evaluación de la actividad anti-biopelícula de péptidos antimicrobianos sobre aislados de *Pseudomonas aeruginosa* con resistencia a carbapenémicos.

Ibáñez-Álvarez L, Moreno-Salgado C, Castañeda-Ramírez J, Patarroyo M, Barreto-Santamaría A, Arévalo-Pinzón G. Universidad Colegio Mayor De Cundinamarca. Hospital Universitario Erasmo Meoz. Fundación Instituto de Inmunología De Colombia. Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá.
lsibanez@unicolmayor.edu.co

Introducción. *Pseudomonas aeruginosa* es catalogada como patógeno prioritario para la investigación y desarrollo de nuevos antibióticos por la OMS. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue evaluar la capacidad de péptidos antimicrobianos para degradar la biopelícula de aislados clínicos de *P. aeruginosa* resistentes a carbapenémicos provenientes del Hospital Universitario Erasmo Meoz-HUEM de Cúcuta. **Materiales y métodos.** Este estudio tiene dos componentes: un componente transversal donde se caracterizó fenotípica y genotípicamente la presencia de carbapenemasas en *P. aeruginosa* aisladas durante el primer semestre del 2022 en el HUEM mediante el uso de pruebas de sinergia, Carba NP y X-pert Carba-R. Así mismo, se caracterizó la capacidad de formación de biopelículas usando MBEC. El segundo componente, involucró un estudio experimental *in vitro* donde se evaluó la capacidad de péptidos antimicrobianos para degradar la biopelícula de tres aislados clínicos de *P. aeruginosa* multidrogaresistente-MDR. **Resultados.** Se recolectaron 200 aislados de *P. aeruginosa* provenientes principalmente de secreción bronquial y orina de pacientes de la unidad de cuidados intensivos y de urgencias del HUEM, siendo COVID-19 el principal diagnóstico en estos pacientes. Los principales genes hallados en aislados resistentes fueron blaVIM, seguido de la presencia dual de blaVIM y blaKPC y finalmente blaKPC. La caracterización de la formación de biopelículas permitió la clasificación de los aislados en fuerte, moderado, leve y no formador de biopelícula y un péptido antimicrobiano mostró actividad anti-biopelícula. **Conclusiones.** Un péptido antimicrobiano fue capaz de degradar parcialmente la formación de la biopelícula en tres aislados *P. aeruginosa* MDR provenientes del HUEM.

COVID-19

81. Lesión miocárdica asociada a la infección grave por SARS-CoV-2 como predictor de mortalidad.

Quevedo L, López O, Franco A, Gutiérrez I, Terreros L, Moreau N, Rivero A. Clínica Meta. Pontificia Universidad Javeriana. Universidad Cooperativa De Colombia. Villavicencio.
ricardogutierrezp@hotmail.com

Introducción. Las complicaciones cardiovasculares asociadas a SARS-CoV-2 incrementan la mortalidad asociada a niveles de troponina. Identificar la lesión miocárdica, buscando observar si hay relación con el grado de estado inflamatorio del paciente y mortalidad. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional analítico de cohorte retrospectivo con datos de pacientes hospitalizados en unidades de cuidados intensivos con diagnóstico de COVID-19 desde el 01 de agosto del 2020 al 01 de julio del 2021 incluyendo mayores de 15 años a quienes se realizó troponina en las primeras 48 horas. **Resultados.** Recolectamos 326 pacientes con mediana de edad de 61 años (RI 52-73), fallecidos fueron 59%(n=193) y sobrevivientes 41%(n=133). El pro-

medio del valor de troponina en pacientes fallecidos fue 15,25 (RI 1,9-89,4) el promedio de troponina en sobrevivientes 9,8 (ri 1,65-33,75) con significancia estadística asociada a mortalidad (p 0,0034) al categorizar la variable se encontró el 57,37% presentó valor positivo (n=109) y el 45,45% (n= 60) de los sobrevivientes tuvo un valor positivo con asociación estadística significativa (p: 0,035) con mortalidad, del total 229 se realizó ecocardiograma; de ellos 23 presentaron trastorno de contractilidad y 17 fallecieron, la FEVI reducida (menor 40%) en 81,22% y de ellos 61% fallecieron con significancia estadística (p=0,069) y el compromiso ventricular derecho predominó en los pacientes fallecidos (p=0,064). **Conclusiones.** La anomalía cardíaca más frecuente en COVID-19 es la lesión cardíaca aguda. El estudio confirma que se asocia a mayor mortalidad, así como disfunción ventricular derecha FEVI reducida asociada a mortalidad sin evidencia de trastornos de contabilidad.

82. Retirado por presentación duplicada

83. Ver presentación oral 132

84. Ver presentación oral 3

85. Desenlaces clínicos en pacientes con sobrepeso y obesos hospitalizados por COVID-19 en dos UCI de la Ciudad de Medellín.

Vera C, Ortega O, Vargas C, Asela C, Torres V, Betancur P, Molina F. Universidad Pontificia Bolivariana. Universidad de Antioquia. Clínica Universitaria Bolivariana. Medellín.
cristian.vera@upb.edu.co

Introducción. Obesidad y COVID-19 son dos epidemias mundiales de gran importancia en salud pública. Se caracterizaron pacientes con diagnóstico de COVID-19, según el IMC y desenlaces clínicos de la infección. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo en dos instituciones de Medellín, abril de 2020-abril de 2021, con adultos no-vacunados contra SARS-CoV-2, en UCI por COVID-19, clasificados según IMC. Se registraron variables microbiológicas y clínicas, especialmente, disfunción renal, hepática y neurológica, necesidad y duración de ventilación mecánica y muerte por SARS-CoV-2. El análisis fue mediante métodos descriptivos. **Resultados.** 167 pacientes incluidos con COVID-19, Me:64 años (RIQ: 51-73) de edad, clasificados en peso normal (13,8%), sobrepeso (45,5%) y obesidad (40,7%). En grupo sobrepeso, los niveles de ferritina, PCR, AST, ALT fueron mayores, respecto los grupos peso normal y obesidad. Los días de ventilación mecánica fueron mayores en pacientes con sobrepeso y obesidad (Me:14 [9-30] y Me:12 [6-27], respectivamente), respecto al grupo con peso normal (Me:9[3-16]). El 30,7%(35/114) tenían al menos un resultado positivo para cultivo o FilmarrayÒ para virus respiratorios, en donde se encontró uno, dos y tres microorganismos co-infectantes en: 18/35 (51,4%), 9/35 (25,7%) y 8/35 (22,8%), respectivamente. De los tres grupos, la disfunción renal, neurológica y hepática fue mayor en el grupo con sobrepeso (48,0%, 48,1% y 65,5%, respectivamente). La mortalidad general fue de 48,5% (79/163) y predominó en pacientes con sobrepeso (51,8% [41/79]) y obesos (26,5% [21/79]). **Conclusiones.** Los pacientes con sobrepeso presentaron mayores proporciones de desenlaces de morbi-mortalidad atribuida clínicamente a COVID-19. Son necesarios estudios analíticos que demuestren el riesgo adicional en el paciente con sobrepeso, con COVID-19 moderada o grave y no-vacunado contra SARS-CoV-2.

86. Desistir del uso de mascarilla en espacios cerrados ¿es el momento?

Fuertes-Bucheli J, Aguilar-González A, Martínez-Niño M, Peláez-Martínez J, Ferro B, Pacheco R. Semillero de Investigación de Microbiología y Salud Pública, Facultad de Ciencias de la Salud: Universidad ICESI. Cali.
jose.fuertes1@u.icesi.edu.co

Introducción. En marzo 01 de 2022, Cali alcanzó el 70% de vacunados con esquema completo contra COVID-19 y se eliminó la obligatoriedad de usar mascarillas en espacios abiertos. Luego, en mayo 14 se alcanzó el 40% con primer refuerzo y se eliminó la orden de usar mascarillas en espacios cerrados. Este estudio describe el comportamiento de la incidencia de COVID-19 luego de los cambios en la orden de usar mascarillas. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo longitudinal. Tomando los datos abiertos de

reportes web de casos COVID-19 en Cali entre el 01 de marzo y 02 de junio de 2022 (<https://www.datos.gov.co/Salud-y-Proteccion-Social/Casos-positivos-de-COVID-19-en-Colombia/gt2j-8ykr>). Se construyó una línea de tendencia de incidencia de COVID-19 y se marcaron dos hitos temporales: desistir de mascarillas en espacios abiertos y cerrados. Para evaluar la tendencia temporal se aplicó la prueba no paramétrica de Mann-Kendall y pronósticos con Microsoft Excel®. **Resultados.** Antes del 14 de mayo de 2022, la incidencia acumulada de COVID-19 para 14 días fue de 6,42/100.000 habitantes, con tendencia negativa. Tras desistir del uso de mascarilla en espacios cerrados, la incidencia acumulada para 14 días fue de 22,98/100.000, con tendencia positiva. **Conclusiones.** El desistir del uso de mascarillas en espacios abiertos luego del 70% de vacunados con esquema completo no afectó la incidencia de COVID-19 en Cali. Sin embargo, hacerlo en espacios cerrados tras el 40% de primer refuerzo mostró, con significancia estadística, tendencia al aumento, lo que invita a estrechar los procesos de vigilancia del momento epidemiológico, contexto social y estrategia educativa detrás de cada medida.

87. Prevalencia de reinfección y factores asociados en una cohorte de trabajadores de salud entre 2020 y 2022 en un hospital de tercer nivel en Bogotá.

Montealegre-Díaz J, Molineros-Barón C, Bonilla-Sánchez C, Martínez-Vernaza S, Valderrama-Beltrán S. Hospital Universitario San Ignacio. Bogotá.
jmontealegred@unal.edu.co

Introducción. La prevalencia de reinfección por SARS-CoV-2 se ha descrito entre 1,1 y 4%. El objetivo de este estudio fue describir la prevalencia de reinfección y los factores asociados en trabajadores de salud de un hospital de tercer nivel en Bogotá. **Materiales y métodos.** Estudio observacional analítico de cohorte retrospectiva en el que se incluyeron trabajadores de salud con RT-PCR positiva para SARS-CoV-2 entre abril de 2020 y Enero de 2022 que consultaron por aparición de síntomas relacionados con COVID-19 o por ser contactos estrechos. Se realizó un análisis bivariado y un modelo multivariado de regresión logística evaluando los factores de riesgo asociados a reinfección. **Resultados.** Un total de 591 trabajadores con al menos una RT-PCR positiva se incluyeron con una mediana de edad de 33 años (RIQ= 28-40) de los cuales 75,1% fueron mujeres. 75 (12,7%) trabajadores presentaron reinfección documentada con mayor frecuencia durante enero 2022 (n=59; 78,9%) de los cuales 24% contaba con refuerzo de vacunación. La mediana entre episodios fue 13,6 meses (RIQ= 11,1-17,3). En el análisis multivariado controlando por sexo, edad y vacunación, se encontró una asociación entre trabajadores pertenecientes a estratos socioeconómicos altos y menor probabilidad de presentar reinfección OR=0,55; IC 95% (0,28-1,08). **Conclusiones.** Este estudio evidencia una alta frecuencia de reinfección en trabajadores de la salud particularmente en la 4ta ola epidémica probablemente relacionada a la disminución de la protección de la vacuna y la evasión inmune de la variante ómicron. La vulnerabilidad de personas en estratos bajos lleva a un mayor riesgo de reinfección por SARS-CoV-2 incluso posterior a la vacunación.

88. Desenlaces clínicos de pacientes pediátricos con COVID-19 ingresados a la unidad de cuidados intensivos en un centro de alta complejidad del suroccidente colombiano.

Pérez-Camacho P, Torres-Canchala L, Sandoval-Calle L, Lasso-Palomino R, Galvis-Blanco I, Patiño-Niño J. Fundación Valle del Lili. Cali.
paola.perez.ca1@fvli.org.co

Introducción. La pandemia por COVID-19 ha dejado consecuencias sin precedentes. Si bien se ha conocido, tiene menos impacto en población pediátrica con respecto a los adultos, la información sobre el desarrollo de COVID-19 en pacientes pediátricos críticos es aún controversial. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo. La información fue obtenida del registro institucional de COVID-19 pediátrico. Se incluyeron los pacientes menores de 18 años con PCR o prueba de antígeno positivo para SARS-CoV-2 que ingresaron a la unidad de cuidados intensivos pediátricos (UCIped). Las variables cualitativas se presentaron como porcentajes y las continuas con medianas y rangos intercuartílicos. **Resultados.** Entre marzo-2020 y diciembre-2021, 40 pacientes con COVID-19 ingresaron a UCIped. El 50% eran de sexo masculino. La mediana de edad fue 5,8 años (rango intercuartílico [RIC] 1,3-11,7). El 80% tenían el plan ampliado de inmunización completo para la edad. Siete (17,5%) habían sido hospitalizados por infección respiratoria aguda no COVID en el último año. La fiebre (52%) y la disnea (43%) fueron los síntomas más frecuentes

al ingreso. Catorce (35%) pacientes tuvieron coinfección bacteriana siendo el *Staphylococcus aureus* la bacteria más frecuentemente aislada (6 de 14). Cinco (12,5%) tenían co-infección viral siendo el rinovirus el más frecuente (2 de 5). La mediana de ventilación mecánica invasiva fue de 7,5 días (RIC 3-13). Dos pacientes (5%) murieron por causa directa de COVID-19. **Conclusiones.** Se evidencia que factores como un esquema de vacunación incompleto para la edad y coinfecciones tanto bacterianas como virales pueden incidir en los desenlaces clínicos de pacientes pediátricos ingresados en la UCIped.

EPIDEMIOLOGÍA CLÍNICA, INFECCIONES INTRAHOSPITALARIAS Y CONTROL DE INFECCIÓN

89. Factores asociados a Infección del Sitio Operatorio (ISO) en pacientes sometidos a cirugías colorrectales con patología oncológica, intervenidos en dos instituciones del eje cafetero.

Correa-Correa L, Hoyos-Pulgarín J, Agudelo-García G. Oncólogos de Occidente. Confa Salud. Manizales.
gloripa@gmail.com

Introducción. Objetivo: Determinar los factores asociados al desarrollo de infección del sitio operatorio en pacientes oncológicos sometidos a cirugía colorrectal en dos instituciones de mediana y alta complejidad del eje cafetero. **Materiales y métodos.** Estudio de casos y controles, retrospectivo, analítico. Los pacientes con ISO fueron emparejados 1:3 con los controles. Se incluyeron todos los pacientes intervenidos quirúrgicamente de cirugía colorrectal desde enero de 2019 a junio de 2022. Se incluyeron 164 pacientes (41 casos y 123 controles). Los factores asociados fueron evaluados por medio de análisis bivariado (OR) y multivariado (regresión logística). **Resultados.** Se evidenció una mayor proporción de hombres en los casos (65,8%) en comparación a los controles (47,2%), la mediana de edad fue muy similar para los dos grupos de estudio (64 años); el procedimiento más frecuente fue la hemicolectomía. Los factores más significativos fueron: Soporte nutricional (OR 24,9; IC del 95% 8,9-69,5), hipoalbuminemia (OR 4,3; IC del 95% 2,05 -9,15), catéter central (OR 5,82; IC del 95% 2,72-12,5). El 13,4% presentó infección de herida de órgano/espacio, 6,1% profunda y 5,5% superficial. El aislamiento de mayor predominio fue *Escherichia coli* 22%. La resistencia bacteriana BLEE 17%. **Conclusiones.** La ISO es una de las complicaciones frecuentes, por lo que se hace necesario intervenir los factores como son: requerimiento nutricional, tiempo quirúrgico mayor a 120 minutos, el uso de invasivos (catéter central y ventilación mecánica), hipoalbuminemia y las estancias hospitalarias prolongadas. Se debe fortalecer el programa de medicina perioperatoria, con el fin de llevar al paciente en las mejores condiciones al procedimiento quirúrgico.

90. Tamizaje y caracterización genómica de *Enterobacteriales* resistentes a carbapenémicos de hisopados rectales de pacientes de UCI en un hospital de tercer nivel en Colombia.

Castro B, Parada A, Carvajal L, Pacheco M, Martínez J, Vega S, Alfonso V, Rincón S, Ordoñez K, Díaz L, Reyes J. Unidad de Genética Molecular y Resistencia Antimicrobiana: Universidad El Bosque. Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. ESE Hospital Universitario San Jorge de Pereira. Bogotá.
castrobetsy@unbosque.edu.co

Introducción. Las infecciones por ERC son un problema de salud asociada a una mayor morbi-mortalidad. La colonización intestinal por estos patógenos puede aumentar el riesgo de infección en otros sitios corporales especialmente en pacientes en Unidad de Cuidados Intensivos (UCI). Este estudio realizó la caracterización de ERC recuperados de hisopados rectales de pacientes de UCI en un hospital de tercer nivel en Colombia. **Materiales y métodos.** Se analizaron 181 hisopados rectales de pacientes adultos de UCI (2019-2022). La recuperación de ERC se realizó empleando CHROMagar-orientation y agar MacConkey suplementado con ertapenem-0,5 µg/mL. La confirmación de especie y detección de carbapenemasas se realizó por PCR. El resistoma y ST se determinó a partir de la secuenciación del genoma completo (Illumina). **Resultados.** A partir de 28 hisopados rectales se identificaron 39% *Klebsiella pneumoniae*, 25% *Enterobacter cloacae*, 25% otras especies y 11% *Enterobacter spp.* Se seleccionaron 18 ERC para secuenciación encontrando 7 *K. pneumoniae* (ST54 el más frecuente), 6 presentaron KPC-3 y 1 CTXM-15, SHV-28 y SHV-106. De 10 *Enterobacter spp.*, observamos 2 *E. cloacae*-NDM-1, 4 *E. cloacae* con AmpC, 2 *Enterobacter spp.* KPC-2 y 2 OXA-10. Adicionalmente, en los 18

ERC, se detectó fosA (72%), aac(6''')-Ib-cr (33%) y qnr (33%). Un aislamiento de *K. aerogenes* no presentó genes de resistencia. **Conclusiones.** Los ERC predominantes identificados fueron *K. pneumoniae* y *Enterobacter spp* productores de KPC-2 y KPC-3 fueron prevalentes confirmando la importancia del tamizaje de pacientes en UCI. La colonización gastrointestinal con estos ERC se ha asociado con mayor riesgo de infección. Financiación: Minciencias CT776-2018 Cod:130880764152, Universidad El Bosque.

91. Estimación de la fracción atribuible a poblacional global, regional y por país de la infección por *Toxoplasma gondii* en enfermedad mental y suicidio.

Nessim-Salazar J, Luna-Ramírez J, Moreno G, Galvis-Soto D, Gómez-Marín J, Universidad del Quindío. Universidad Tecnológica de Pereira. Cali. jennifer.nessins@uqvirtual.edu.co

Introducción. *Toxoplasma gondii* es un parásito intracelular neurotrópico con efectos en dopamina, serotonina, glutamato y el sistema GABAérgico en estadios crónicos de la infección. Recientemente la infección crónica ha sido reportada en al menos nueve diagnósticos psiquiátricos incluyendo suicidio. **Materiales y métodos.** Para estimar la FAP en esquizofrenia, trastorno bipolar y conducta suicida en individuos seropositivos a *T. gondii* se desarrollaron los pasos descritos en las Guías para la agudeza y transparencia de estimación de reportes de la OMS. 1. Se realizó meta-análisis de cada uno de los diagnósticos mentales con metodología PRISMA. 2. Se aplicó la fórmula para la estimación de FAP por país, regional y global. 3. Se desarrolló un modelo matemático para estimar la FAP en los países que no presentan publicaciones. **Resultados.** La prevalencia de *T. gondii* en enfermedad mental es elevada en los países en los que la infección se considera un problema de salud pública perinatal resuelto. Se encuentra en elevada prevalencia en China, Alemania, Rusia y países africanos en relación con esquizofrenia y trastorno bipolar. **Conclusiones.** Los pacientes mentales seropositivos presentan el mayor número de recaídas, trastornos cognitivos, ingresos por urgencias, menor eficacia en el tratamiento farmacológico con estadias hospitalarias más prolongadas e intentos suicidas que los seronegativos a la infección con la misma patología.

92. *Candida auris*: reporte de 10 casos de fungemia y revisión de la literatura.

Ospina S, Ramírez M, Pérez J, Barreto Y, Becerra G, Pizano L. Universidad de Antioquia. Hospital San Vicente Fundación Medellín. Hospital San Vicente Fundación Rionegro. Medellín. doctorsigifredo@gmail.com

Introducción. *Candida auris* es una levadura considerada como emergente y de preocupación mundial, debido a su frecuente multirresistencia a los antifúngicos disponibles, a su relación con brotes de infecciones asociadas a la atención en salud, y a su dificultad de identificación por los métodos convencionales. El objetivo de este estudio es presentar las características demográficas, epidemiológicas y clínicas de una serie de 10 casos de fungemia por *C. auris* en pacientes atendidos en dos hospitales de alta complejidad. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo de una serie de pacientes con candidemia por *C. auris* atendidos en los Hospitales San Vicente Fundación de Medellín y Rionegro, Antioquia, Colombia, en el período comprendido entre 2019 y 2021. Se realizó un análisis descriptivo y se revisó la literatura. **Resultados.** Se describen diez pacientes con fungemia por *C. auris*, cuya edad promedio fue de 54,4 años (0-74), la mayoría del sexo masculino (7/10). La comorbilidad más común fue la enfermedad renal (5/10), seguida de la diabetes mellitus y la sepsis por otros gérmenes (4/10 cada uno). Otros factores de riesgo identificados fueron: el uso de antibióticos de amplio espectro durante la hospitalización (9/10), la inserción de catéter venoso central (9/10), sonda vesical (7/10), ingreso a unidad de cuidados intensivos (6/10), y ventilación mecánica (5/10). El promedio días estancia fue de 55,5 días. La mortalidad fue del 50%. **Conclusiones.** *C. auris* es un hongo oportunista con capacidad de ocasionar enfermedad sistémica en el paciente hospitalizado con factores de riesgo, el cual se acompaña de una alta mortalidad

93. Implementación de una estrategia de prevención de las infecciones de torrente sanguíneo asociadas a catéter venoso central (ITS-AC) durante la pandemia por COVID-19.

Linares C, Gualtero-Trujillo S, González P, Sastoque Y, Roa O, Triana L, Moran M, Valderrama-Beltrán S. Hospital Universitario San Ignacio. Bogotá. cjlinares@husi.org.co

Introducción. Durante la pandemia por COVID-19 se evidenció un aumento en las ITS-AC en la unidad de cuidados intensivos adulto. El presente estudio tiene como objetivo presentar la implementación de una estrategia de prevención de ITS-AC basada en la educación teórico-práctica con simulación en una unidad de cuidados intensivos en Bogotá-Colombia. **Materiales y métodos.** Durante el primer semestre del 2021, adicional a la supervisión del cumplimiento del paquete de medidas de ITS-AC, se desarrolló un curso dirigido al grupo de enfermería, con un componente teórico virtual, acompañamiento en campo, evaluación práctica mediante simulación y certificación en medidas de prevención de ITS-AC finalizando en junio 2021. **Resultados.** 41 enfermeras profesionales aprobaron el curso teórico, asistieron a un taller práctico, recibieron acompañamiento con aplicación de listas de chequeo y fueron certificadas. El cumplimiento en el ítem del paquete referente a curación limpia y seca incremento del 84% al 91% y la tasa de ITS-AC desde marzo del 2020 a junio del 2021 fue de 6,1 por mil días dispositivo y de julio 2021 a abril del 2022, posterior a la implementación de la estrategia fue de 1,3 por mil días dispositivo. De los pacientes con ITS-AC, 84,6% presentaron SARS-CoV-2. El principal microorganismo aislado fue *Klebsiella pneumoniae* (30,8%) y la mortalidad fue del 27,7%. **Conclusiones.** Se obtuvo una reducción de las ITS-AC después del inicio de esta estrategia. Para lograr la sostenibilidad de los resultados es importante mantener las actividades de educación con apoyo en simulación, retroalimentación, certificación y vigilancia activa.

94. Comportamiento de aislamientos de *Stenotrophomona maltophilia* en cultivos de secreción bronquial de una red hospitalaria pública de Colombia.

Osorio-Rodríguez E, Patiño-Patiño J, Pinto-Ibañez L, Aldana-Roa J, Andrade-Theran N, Aldana-Roa M, Bustillos-Marrugo S, Algarín-Lara H. Mired Barranquilla IPS. Universidad Metropolitana de Barranquilla. Barranquilla. osorioelver@gmail.com

Introducción. La *Stenotrophomona maltophilia* es una bacteria oportunista que afecta con mayor frecuencia a pacientes con hospitalización en cuidados intensivos. Se ha descrito que la población más susceptible son los pacientes con inmunosupresión, requerimiento de ventilación mecánica invasiva y uso de terapia con corticoides. El objetivo del trabajo fue determinar la frecuencia de aislamientos microbianos de *S. maltophilia* en muestra de aspirado bronquial de pacientes con ventilación mecánica invasiva. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal con aislamientos de *S. maltophilia* en cultivos de secreción bronquial desde el 1 de junio del 2020 al 31 de diciembre del 2021. Se determinó la frecuencia de aislamientos y su perfil de resistencia. En el análisis de los datos se realizaron medidas de tendencia central y x2 cuadrado. **Resultados.** Se recolectaron 22 aislamientos. El 50% (n=11) de los pacientes correspondió al sexo masculino y el 50% (n=11) a pacientes femeninas. El promedio de ventilación mecánica fue de 14 días. Una vez identificado la presencia de *S. maltophilia* se ajustó terapia antibiótica con trimetopim sulfametoxazol. El 95,24% de los pacientes terminaron en desenlace fatal después de ajustes de terapia antibiótica. **Conclusiones.** En nuestros cultivos de secreción bronquial se encontró una baja frecuencia de aislamientos de *S. maltophilia*. Sin embargo, existió una alta mortalidad en nuestros pacientes estudiados.

95. Efecto de un programa de control de antibióticos en el consumo de antibióticos de amplio espectro en una unidad de cuidados intensivos pediátricos. Medellín-Colombia.

Díaz A, Jaramillo J, Arango D, Echavarría A, Mesa-Monsalve J, Hospital General de Medellín. Envigado. alejodiaz81@gmail.com

Introducción. Los programas de uso racional de antibióticos (PROA) han demostrado un impacto positivo en el control del uso hospitalario de antimicrobianos. El objetivo fue evaluar el efecto de la implementación del PROA, en el consumo de antibióticos de amplio espectro en una unidad de cuidados intensivos pediátricos. **Materiales y métodos.** Estudio unicéntrico, observacional, retrospectivo. Se comparó el consumo de antibióticos de amplio espectro (meropenem, cefepime, piperacilina tazobactam y vancomicina) durante tres periodos: Período 1: 2015-2017 (inicio e implementación del PROA); Período 2: 2018-2019 (PROA establecido); y Período 3: 2020-2021 (primeras olas de la pandemia por COVID-19). La implementación del PROA, incluyó la medición del consumo en días de terapia (DDT)/1000 días paciente (DP), la actualización de guías de prác-

tica clínica y la realización de una ronda semanal de antibióticos liderada por el especialista en enfermedades infecciosas. **Resultados.** La mediana del consumo general de antibióticos de amplio espectro en el período 1, 2 y 3 fue 432 DDT, 311 DDT y 311 DDT, respectivamente. Al comparar el consumo por períodos, la reducción fue significativa ($p < 0,01$), meropenem se mantuvo estable (25 vs. 36,9 vs 22,6 DDT; $p = 0,4$), y piperacilina tazobactam aumentó durante el P3 (22,3 vs. 19 vs. 60,3 DDT; $p = 0,01$). **Conclusiones.** La implementación del PROA, redujo el consumo de antibióticos de amplio espectro. El efecto logrado hacia el segundo periodo no se vio afectado por la pandemia.

96. Implementación del plan control de infecciones en tuberculosis en instituciones prestadoras de servicios de salud en Cali.

Serna-Trejos J, Espinosa-Arana M, Pacheco-López R, Rojas-Zúñiga C, Manzano K, Luna-Miranda L, Castro-Osorio C, Puerto-Castro G. Instituto Nacional de Salud. Universidad Libre. Secretaría Distrital De Salud De Cali. Sopó.
ccastro@ins.gov.co

Introducción. La tuberculosis es una enfermedad infectocontagiosa de alta carga, durante 2020, de acuerdo con la Organización Mundial de la Salud, la incidencia global fue de 127 casos por 100.000 habitantes. Para disminuir y prevenir la transmisión de tuberculosis al interior de las instituciones prestadoras de servicio de salud se requiere la implementación, evaluación y ajuste de los planes institucionales de control de infecciones en tuberculosis. Objetivo: Evaluar la implementación del plan de intervenciones para el control de infecciones en enfermedades transmitidas por vía aérea con énfasis en tuberculosis en instituciones de salud de Cali. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional descriptivo en el cual se evaluó el cumplimiento mediante encuesta de la implementación de las medidas administrativas, ambientales y respiratorias durante el año 2019 en instituciones prestadoras de servicios de salud (IPS) de Cali. **Resultados.** Se aplicó la encuesta en 37 de 55 IPS convocadas. Solo el 35% de las IPS cumplieron con la implementación de más del 80% de las medidas de control administrativo, el 30% de control ambiental y el 78% para las medidas de control respiratorio. **Conclusiones.** A pesar de haber voluntad política institucional, existe deficiencia en los seguimientos a la implementación de las medidas de control administrativo y ambiental del plan control de infecciones en tuberculosis en las IPS de Cali evaluadas en este estudio. Se debe sensibilizar a la alta gerencia y al personal de salud sobre la importancia en la implementación del plan de control de infecciones como medida para prevenir la transmisión por TB en IPS.

MEDICINA TROPICAL, ZONOSIS Y MEDICINA DEL VIAJERO

97. Situación de la Malaria en Caldas (2015-19). Un prólogo de las amenazas desatendidas por venir.

Aristizábal-Narváez A, Salazar-Ospina J, Aguirre-García L, Echeverri-Morales J, Gram. Manizales.
juan9508182@gmail.com

Introducción. La malaria es considerada una enfermedad desatendida de alto impacto en la salud pública, especialmente en países tropicales de escasos recursos. Para el 2020 en Colombia se notificaron un total de 76.958 casos, el 98,5% se consideraron casos de malaria no complicada. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo, de corte transversal. Se incluyeron pacientes diagnosticados con malaria en el departamento de Caldas entre los años 2015 a 2019, se revisaron las variables demográficas, clínicas y paraclínicas consignadas en la historia clínica, se clasificó la severidad de los casos según criterios OMS. **Resultados.** se obtuvo un total de 167 historias clínicas, de los cuales 62% correspondieron al sexo masculino y el 73% de los casos se presentaron en adultos. De los casos analizados el 51% fueron casos importados y el 44% fueron autóctonos del departamento; de estos últimos, el 22% fueron Procedentes del Kilómetro 41. La mayoría de casos fueron causados por *Plasmodium vivax* (69%), seguido por *Plasmodium falciparum* (17%). El 23% de las malarías se clasificaron como complicadas. El hallazgo clínico más frecuente fue la fiebre y astenia/adinamia, presentes en el 87% y 62% de los casos, respectivamente. **Conclusiones.** Este es el primer estudio descriptivo de la prevalencia y comportamiento clínico de la malaria en Caldas, se encontró una alta proporción de complicación comparado con el promedio nacional. Además del primer brote autóctono reportado de casos en el Kilómetro 41. Se requieren más estudios que evalúen el comportamiento de la malaria en zonas de baja transmisión y una estandarización en el diligenciamiento de historias clínicas.

98. Prevalencia de *Rickettsiales* transmitidos por garrapatas en especies domésticas y silvestres en la región del Atlántico, Colombia.

De La Rosa-Jaramillo S, Badillo-Viloria M, Mattar Velilla S. Universidad Simón Bolívar. Grupo de Investigaciones Biológicas del Trópico: Universidad de Córdoba. Barranquilla.
sdelarosa11@unisimon.edu.co

Introducción. Las garrapatas son responsables de transmitir una gran variedad de microorganismos patógenos involucrados en muchas enfermedades zoonóticas. Las TBD generan un impacto en salud pública y costos en explotaciones pecuarias. El objetivo del estudio fue establecer la distribución y prevalencia de patógenos transmitidos por garrapatas de animales domésticos y silvestres en la región del Atlántico-Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio transversal. Se recolectaron garrapatas en todos los estadios de animales domésticos, silvestres y usando el método de arrastre en 40 granjas del departamento del Atlántico, desde enero de 2020 a marzo de 2022. Se identificaron por género, especie y estadio usando claves taxonómicas. Se realizó extracción de ADN y se empleó una PCR, utilizando cebadores para identificar garrapatas y patógenos del orden *Rickettsiales*. **Resultados.** Se colectaron 3.084 garrapatas pertenecientes a los géneros *Rhipicephalus*, *Dermacentor* y *Amblyoma*. La especie más abundante fue *R. microplus* con 1.591 individuos (51,6%) y *D. nitens* con 1.093 (35,4%). La prevalencia de infestación general en animales fue de 52,3%. La mayor tasa de infestación se encontró en reptiles 12/517 (70,6%) seguido de équidos 33/50 (66%). Un total de 96/ 509 pooles de garrapatas muestreadas (18,9%; IC95% 15,0-22,0%) fueron positivas para *Rickettsiales*. 34 muestras positivas para *Rickettsia spp* (6,7%; IC95% 5,0-9,0%) y 65 para *Anaplasmataceae* (12,8%; IC95% 10,0-16,0%). Los análisis filogenéticos revelaron 100% de identidad con *Candidatus Rickettsia colombianensis* MG563769.1. **Conclusiones.** Los resultados obtenidos indican una alta circulación de *Rickettsiales* en el área de estudio y se identificó molecularmente la presencia de garrapatas no reportadas en la región.

99. Age, poverty and inequity are key determinants of dengue severity in Colombia.

Acevedo-López D, Molton M, Rojas-Gallardo D, Álvarez-Amaya V, Díaz-Henao W, Ramírez D, Castañeda C, Rodríguez-Morales A, Collins M, Cardona-Ospina J. Institución Universitaria Visión de las Américas. Emory University. Pereira.
domenica.acevedo@uam.edu.co

Introducción. Age has been a major risk factor for death and complication due to dengue infection (DENV). Although antibody-dependent enhancement (ADE) has been proposed as an explanation, other variables could shape disease outcomes. We aimed to analyze the role of age as a risk factor for disease severity across departments (first administrative level), and epidemic years in Colombia considering poverty and inequity indexes. **Materiales y métodos.** We conducted a retrospective study analyzing DENV epidemiological data from Colombia between 2012 to 2017, and monetary poverty, extreme poverty, and GINI indexes. Total cases, incidence, incidence of severe DENV, mortality, case fatality rates (CFR), and complication rates (CR) were calculated for each department and year. The effect of age, department, year of infection, monetary poverty, extreme poverty, and GINI on CR and CFR was evaluated by using a generalized additive model. After adjustment, age ($p < 0,001$), GINI ($p < 0,001$). **Resultados.** Our results revealed a first peak of CR in patients younger than 5 years old, the second peak in patients between 27 to 34 years old, and a third peak after 45 years old. **Conclusiones.** Our work has important implications for future designing of human cohorts analyzing the risk of complications in adults and provides evidence for improving clinical DENV risk assessment. Our findings are consistent with similar observations linking ADE with severe DENV in childhood and suggest protective antibody decay during adulthood. The interplay of biological and socioeconomic factors shaping clinical outcomes in DENV is complex and should be further analyzed

100. Comparación de factores sociodemográficos, climáticos y geográficos entre las epidemias de dengue de 2010 y 2019 en Palmira, Valle del Cauca.

James-Giraldo I, Gil-Artunduaga M, Martínez-Rico J, Vallejo-Giraldo L, Gómez-Urrego J, Rojas-Hernández J, Seccional Cali: Universidad Libre. Armada Nacional De Colombia. Sede Medellín: Universidad Nacional de Colombia. Cali.
ingarajames@gmail.com

Introducción. dengue constituye un problema de salud pública en regiones tropicales. Palmira, Valle del Cauca-Colombia se considera zona endémica con comportamiento hiperendémico. Este trabajo evalúa factores sociodemográficos, climáticos y geográficos relacionados con las epidemias 2010 y 2019. **Materiales y métodos.** Estudio ecológico evaluando la relación de casos con densidad poblacional, altitud, precipitación, fuentes hídricas y temperatura. **Resultados.** Para ambos años los casos correspondieron al centro urbano, comunas 1, 2 y 7, entre 921 y 2.200 metros sobre el nivel del mar, en periodos de sequía y temperaturas entre 17 y 25 grados centígrados. Las dos epidemias tuvieron comportamiento similar. La comuna 5 una de las mayormente afectadas en 2010, presentó una reducción significativa de los casos en 2019 atribuible a programas de educación comunitaria. **Conclusiones.** Varios factores intervienen en el comportamiento hiperendémico del dengue en Palmira. Su ubicación geográfica, localizada en un área donde sobrevive el vector, siendo de mayor riesgo el centro urbano, comunas 1, 2, 5 y 7, presentaron focos de criaderos debido a cuerpos de agua, mal manejo de residuos y control de zonas verdes. La comuna 5 mediante programas educativos logro reducir los casos en el 2019. Se presentaron casos hasta 2.200 metros de altura. Existe mayor riesgo en épocas de sequía por lo cual se requiere continuar educación frente al manejo de agua almacenada. Este último factor es el más importante y el único modificable con educación comunitaria.

101. Garrapatas y patógenos bacterianos detectados en garrapatas recolectadas en animales domésticos y medio ambiente en la Sierra Nevada de Santa Marta-Colombia.

Miranda J, López Y, García A, Mattar-Velilla Salim. Universidad de Córdoba. Montería.
jluismiranda@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. Las garrapatas son los segundos artrópodos vectores más eficientes después de los mosquitos. La Sierra Nevada de Santa Marta (SNSM) es un lugar turístico por lo que el flujo de extranjeros y nacionales es constante durante año. Además, de la presencia de comunidades indígenas, que estarían en riesgo de contraer enfermedades transmitidas por garrapatas. **Objetivo:** Determinar la presencia de Anaplasma, Ehrlichia y Rickettsia en garrapatas de la familia Ixodidae recolectadas de animales domésticos y vegetación. **Materiales y métodos.** Entre julio del 2014 y julio de 2016 se recolectaron en Guachaca, Calabazo (Magdalena), garrapatas Ixodidae en hospederos; caninos, bovinos, humanos y vegetación. Estas fueron identificadas y posteriormente se les realizó extracción de ADN (QIAamp DNA Mini-Kit, Qiagen). Para la detección de la familia Anaplasmataceae (Anaplasma y Ehrlichia), se amplificó el gen 16s ARNr. Para la detección de Ehrlichia se amplificó el gen dsb (Thio-Disulfido Oxireductasa). Para Rickettsia se detectó el gen citrato sintasa gltA y el gen ompB. **Resultados.** Se recolectaron 362 garrapatas de diferentes especies: ADN de Anaplasmataceae fue encontrado en un 25% (15/60); Ehrlichia sp. en 9,7% (7/72) y Rickettsia sp. en un 5,3% (5/93). Rh. sanguineus tuvo el mayor porcentaje de infección (44%), seguida de Rh. microplus (33%) y el complejo A. cajennense (18%). **Conclusiones.** Altos porcentajes de infección por Anaplasma, Ehrlichia y Rickettsia sp detectados en Rh. sanguineus, Rh. microplus y el complejo A. cajennense representan un riesgo para la transmisión de estos microorganismos a la población.

102. Comportamiento epidemiológico de la malaria en el departamento del Amazonas durante los años 2018 a 2021.

Oña-Montoya S, Peñaranda-Parada J. Particular. Leticia.
aracnido1980@hotmail.com

Introducción. La malaria es una patología infecciosa de interés en salud pública a nivel global y nacional, por lo cual se hace prioritario caracterizar de forma periódica su comportamiento a nivel regional. El presente estudio tiene por objetivo determinar el comportamiento epidemiológico de la malaria en el departamento del Amazonas entre el período comprendido del año 2018 al 2021. **Materiales y métodos.** Se realizó un análisis descriptivo y retrospectivo de enfoque cuantitativo sobre los casos de malaria presentados en el departamento del Amazonas durante los años 2018 a 2021. Para el análisis de la información se utilizó Excel 2013, en donde se calcularon las medidas de tendencia central, las incidencias y los indicadores para la vigilancia del evento. También se elaboró un canal endémico de la malaria para el departamento del Amazonas para el período evaluado. **Resultados.** Durante el período de estudio se registraron 8.201 casos de malaria en el departamento del Amazonas, con un promedio anual de 2.050 casos. El 56,58% de los casos se registró en el géne-

ro masculino. La especie de *Plasmodium* más frecuente fue *P. Vivax* (92,45%). **Conclusiones.** El departamento del Amazonas para el período evaluado presentó un IPA mayor a 10, lo que se traduce en un riesgo elevado de contraer la infección en esta zona y se evidenció una mayor circulación del *Plasmodium Vivax*, siendo este el causante del mayor número de casos complicados de malaria en el departamento.

103. Identificación del agente infeccioso *Helicobacter pylori* en afluentes superficiales de abastecimiento de agua en el departamento del Quindío.

Muñoz-Sánchez G, Triviño-Valencia J, Lora-Suárez F, Loango-Chamorro N, Gómez Marín J. Universidad del Quindío. Calarcá.
gdmu2016@gmail.com

Introducción. En los últimos años, se ha apuntado a la detección de *H. pylori* en todo tipo de aguas, ya sea en pozos, ríos, biofilms asociados a tuberías y a redes de distribución. También se ha indicado la presencia de *H. pylori* en agua potable de consumo humano detectando el ADN de la bacteria por medio de técnicas moleculares como la PCR, lo que indica que este entorno podría actuar como un depósito para esta bacteria. Diversos estudios epidemiológicos determinan que la prevalencia de *H. pylori* se asocia con el tipo de fuente de agua, apoyando fuertemente la idea de que esta puede actuar como una vía de transmisión. **Materiales y métodos.** Se tomaron 10 litros de agua en diferentes puntos de muestreo de la fuente superficial, fueron transportados en recipientes estériles, almacenados a 4°C hasta su análisis en el laboratorio. Las muestras se concentraron hasta obtener un volumen final de 1 ml, a este volumen se le realizó extracción de ADN y análisis molecular por PCR. **Resultados.** se procesaron 6 muestras de agua de superficie con sus respectivas variables físico-químicas y niveles de precipitación en periodos de lluvia. Posteriormente se realizó las extracciones de ADN correspondientes a las 6 muestras procesadas y su posterior amplificación por medio de la técnica de PCR y visualización usando un gel de agarosa al 1,5%. **Conclusiones.** se realizó un levantamiento de la información de las afluentes superficiales en el departamento del Quindío. Obteniendo un total de 6 muestras procesadas por biología molecular.

104. Vigilancia integrada en salud pública de leishmaniasis en el nivel nacional años 2017-2021.

Gómez-Gómez J, Bautista-Silva J, Cortés-Cortés L, Ayala-Sotelo M, Fuya-Oviedo O. Instituto Nacional de Salud. Madrid.
leogomezg89@gmail.com

Introducción. La leishmaniasis es una enfermedad tropical desatendida vinculada a la pobreza y a factores ambientales y climáticos que favorecen la presencia de los vectores, de los parásitos y reservorios. Sumado a esto, fenómenos como la migración, el conflicto armado y las condiciones de la vivienda, circunscriben el evento a un escenario rural. El objetivo de este estudio consistió en analizar la información nacional del evento leishmaniasis, teniendo en cuenta los datos provenientes de los componentes de vigilancia epidemiológica, entomológica y parasitológica. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo analítico, a partir de la información epidemiológica, entomológica y por laboratorio del evento leishmaniasis, generada por las entidades territoriales, en el periodo 2017-2021. **Resultados.** En el análisis descriptivo se tuvieron en cuenta los casos notificados al Sivigila, la información de la distribución y comportamiento de los vectores, reportados por la Red Nacional de Entomología y las muestras parasitológicas recibidas en el marco de control de calidad. En 2017 a 2019, los casos notificados de leishmaniasis cutánea disminuyeron, en los dos años posteriores se presentó una tendencia al aumento. Para las otras dos formas clínicas, se evidenció un descenso progresivo a lo largo de los cinco años. No obstante, en el último año se presentó una mortalidad por leishmaniasis visceral, después de dos años sin muertes. **Conclusiones.** Para intervenir el impacto de morbilidad y mortalidad del evento se deben mantener y fortalecer las acciones de vigilancia desde un abordaje integrado.

VIROLOGÍA

105. Actividad antiviral *in vitro* e *in silico* de compuestos di-halogenados derivados de L-tirosina contra el virus de la Inmunodeficiencia Humana 1 (VIH-1).

Serna-Arbeláez M, Loaiza-Cano V, Martínez-Gutiérrez M, Galeano E, Zapata W. Universidad de Antioquia. Universidad Cooperativa de Colombia. Marinilla.
suleny.serna@gmail.com

Introducción. La infección causada por el VIH-1 se considera uno de los principales problemas de salud pública a nivel mundial. Es necesario continuar con la búsqueda de nuevos agentes antivirales. En este estudio se evaluó la actividad antiviral *in vitro* e *in silico* contra el VIH-1 de compuestos di-halogenados derivados de la L-tirosina. **Materiales y métodos.** Se evaluó *in silico* el acoplamiento molecular de 16 compuestos con cinco proteínas virales y la modelación toxicológica. La citotoxicidad *in vitro* fue determinada por MTT en la línea celular TZM-bl. Por último, se evaluó la actividad antiviral de los compuestos en células TZM-bl infectadas con el VIH-1 (cepas X4 y R5) y el VIH-1 recombinante (HIV-GFP-VSV-G), mediante la cuantificación de la actividad luciferasa o de GFP por citometría de flujo. **Resultados.** Se observó una menor toxicidad *in silico* e *in vitro* de los compuestos derivados de las L-tirosinas con el OH libre. Los compuestos TODB-2M, TODC-2M y TODC-3M demostraron actividad inhibitoria entre el 26,7-99,6% frente a la cepa X4, del 45,8 - 61% contra la cepa R5 y del 19,7 - 44,2 % contra el HIV-GFP-VSV-G. Finalmente, estos tres compuestos mostraron una energía de unión favorable, principalmente con la proteasa y la transcriptasa reversa (TR) *in silico*. **Conclusiones.** Tres compuestos di-halogenados presentaron actividad antiviral *in vitro* e *in silico* contra el VIH-1 por posible interacción con la proteasa o la TR. COLCIENCIAS (141577757439).

106. Susceptibilidad a arbovirus endémicos en una muestra de gestantes de Risaralda, Colombia, 2017 – 2019.

Trujillo-Cifuentes A, Jiménez-Posada E, Sepúlveda-Arias J, Tabares-Villa F, Altieri-Rivera J, Monsalve A, Restrepo-Chica J, Osorio D, Espinoza D, Zhu Y, Castrillón-Spitiá J, Henao-Sanmartín V, Murillo-García D, Millán N, Olaya S, Valencia-Montoya A, Bedoya-Arias H, Villamizar-Peña R, Gutiérrez-Ocampo E, Holguín-Rivera Y, Cortés-Bonilla I, Rodríguez-Morales A, Collins M, Bonilla-Aldana D, Cardona-Ospina J. Instituto Para la Investigación en Ciencias Biomédicas Scihelp. Universidad Tecnológica de Pereira. Baylor College Of Medicine. Fundación Universitaria Autónoma de las Américas. Emory University School Of Medicine. ESE Hospital San Pedro y San Pablo. Hospital Universitario San Jorge. Pereira.
a.trujillo@utp.edu.co

Introducción. Se han reportado importantes eventos adversos materno-purinatales ante la infección gestacional por dengue, Zika o chikungunya. Aunque los tres arbovirus continúan circulando en Colombia, se desconoce cuándo re-emergerán. Así, se evaluó la susceptibilidad a estos tres arbovirus en una muestra de pacientes embarazadas de Risaralda-Colombia. **Materiales y métodos.** Este es un estudio observacional, analítico, de corte transversal, en centros de salud en La Virginia y Pereira del 2017 al 2019. Se incluyeron mujeres entre 18 y 35 años en trabajo de parto. Se caracterizaron variables socio-demográficas y epidemiológicas, y se evaluó la susceptibilidad a dengue y Zika mediante anticuerpos de neutralización y a chikungunya mediante ELISA IgG. Se evaluaron asociaciones entre grupos usando pruebas paramétricas y no paramétricas. **Resultados.** Entre las 114 pacientes embarazadas, 83,3% fueron seropositivos para DENV por ELISA IgG, y 86,8% fueron seropositivos para ZIKV IgG ELISA. La seroprevalencia de CHIKV fue 29,6%. El análisis del perfil de anticuerpos reveló circulación de múltiples serotipos de DENV, y susceptibilidad a ZIKV en al menos el 20%. Se encontró una asociación entre el lugar de residencia, la historia de viaje fuera de Colombia, y la presencia de servicio de acueducto y alcantarillado con el perfil de anticuerpos neutralizantes. **Conclusiones.** Más del 80% de las mujeres en este estudio han tenido al menos una infección previa por flavivirus. Sin embargo, una proporción sustancial de pacientes sigue siendo susceptible a Zika o dengue. Es necesario continuar con la vigilancia de estos arbovirus ante el riesgo de re-emergencia.

107. Identificación y evaluación de la actividad antiviral frente al virus dengue de compuestos de origen natural, con interacción sobre la proteína NS5.

García-Ariza L, González-Rivillas N, Díaz-Aguirre C, Rocha-Roa C, Castaño-Osorio J, Padilla-Sanabria L. Universidad del Quindío. Armenia.
llgarcia@uniquindio.edu.co

Introducción. El dengue es una enfermedad transmitida por el virus dengue (DENV), que hasta el momento no tiene tratamiento específico con efecto sobre el ciclo viral. La proteína NS5 del DENV es un blanco terapéutico para la búsqueda de antivirales. Previamente se ha demostrado el potencial antiviral de compuestos de origen natural. El objetivo es identificar, mediante herramientas computacionales, compuestos de origen natural con posible actividad frente a DENV y evaluar su actividad *in vitro*. **Materiales y métodos.** Se realizó tamizaje virtual de compuestos de origen natural disponibles en ZINC database (DrugDiscovery@TACC) sobre NS5 de DENV, y se seleccionaron 15 compuestos por energías de unión, propiedades fisicoquímicas y farmacológicas. La citotoxicidad de 10 de ellos se evaluó (desde 12,5 a 100 μ M) sobre células Huh-7 (tras 24 y 48 horas), usando resazurin. El efecto antiviral en DENV2 se determinó de manera indirecta a través de la evaluación de viabilidad celular por tinción con cristal violeta. Posteriormente se realizó detección de proteína NS1 y NS5 (ELISA y Western Blot) y cuantificación de ARN viral por RT-qPCR. **Resultados.** Se identificó la CC50 de los 10 compuestos evaluados. Se encontró que el compuesto M78 no afectó la viabilidad celular tras los tratamientos realizados en las células Huh-7 infectadas, y se presentó reducción de los niveles de producción de NS1 y NS5, posterior al tratamiento, así como también sobre la síntesis de ARN viral. **Conclusiones.** El compuesto M78 afectó el ciclo viral de DENV2, interviniendo, posiblemente, sobre la replicación y/o expresión de material genético del virus.

108. Incremento de niveles séricos de histamina en dengue pediátrico.

Arturo J, Castellanos-Parra J, Velandia-Romero M, Calvo-Tapiero E, Pinzón-Redondo H. Inmugen Corporation. Instituto de Virología: Universidad El Bosque. Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja: Cartagena. Bogotá.
inmugen@gmail.com

Introducción. La infección por el virus dengue (DENV) desencadena una compleja respuesta multicelular inflamatoria que compromete órganos y tejidos. Los mastocitos producen citoquinas y también se degranulan durante la infección. La histamina es uno de los componentes de los gránulos mastocitarios y basófilos con reconocidas funciones fisiológicas, pero también inflamatorias y vasodilatadoras, relacionadas con la fuga plasmática. **Materiales y métodos.** 183 sueros de niños con dengue confirmado del Hospital Napoleón Franco Pareja de Cartagena durante el 2019 y 2020 fueron procesados para identificación de Arbovirus (DENV, CHIKV, ZIKV) mediante RT-PCR. Se seleccionaron únicamente pacientes con DENV en grupos homogéneos de 25 pacientes con dengue sin signos de alarma (DSSA), con signos de alarma (DCSA) y dengue grave (DG), comparados con niños asintomáticos sin historia de dengue y RT-PCR negativo. Se cuantificaron los niveles séricos de histamina usando kit de ELISA de Novus Biologicals. **Resultados.** Los niveles promedio de histamina en el grupo control fueron 31,85 ng/ml (Rango 11-62), mientras que en los niños con DSSA fue de 69,89 ng/ml (Rango 50-108 ng/ml, $p < 0,0001$), de 74,63 ng/ml (Rango 8-162 ng/ml $p < 0,0001$) en el grupo DCSA, y de 76,23 ng/ml (Rango 5-106 ng/ml, $p = < 0,0001$) en el grupo DG. **Conclusiones.** Se encontró una asociación significativa entre los niveles séricos de histamina y la severidad en niños con dengue de Cartagena, con niveles más altos en el grupo de DCSA, los cuales en conjunto con proteasas mastocitarias previamente reportadas pueden ser consideradas como potenciales nuevos biomarcadores pronósticos de severidad en dengue. Financiación VRI-Univ. El Bosque PCI-2018-10272.

109. Plantas nativas de la familia Solanaceae, son fuente potencial de moléculas con actividad antiviral frente a arbovirus.

Jiménez-Posada E, Robledo S, Mosquera-Martínez O, Martínez-Gutiérrez M. Grupo de Investigación En Ciencias Animales GRICA: Universidad Cooperativa de Colombia. Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales PECET, Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada MICROBA: Universidad de Antioquia. Grupo de Biotecnología-productos Naturales: Universidad Tecnológica de Pereira. Medellín.
vanessa.jimenez1@udea.edu.co

Introducción. A partir de fuentes naturales, se han obtenido un número importante de moléculas con actividad antiviral. El objetivo de este trabajo fue evaluar el potencial antiviral *in vitro* de plantas nativas de la región cafetera colombiana pertenecientes a la familia Solanaceae, contra los arbovirus DENV, ZIKV y CHIKV. **Materiales y métodos.** Se seleccionaron ocho plantas del gé-

nero *Solanum* y *Cestrum* y se determinó la concentración no citotóxica de sus extractos metanólicos por MTT. El tamizaje de la actividad antiviral frente a CHIKV/Col, ZIKV/Col y DENV-2/S16803 se realizó en células VERO usando una estrategia combinada (pre, trans y post-tratamiento). La inhibición se determinó por el método de plaqueo de los sobrenadantes. Adicionalmente, los extractos más promisorios fueron fraccionados por gradiente de polaridad y evaluados de nuevo para biodirigir la búsqueda de moléculas con mayor actividad antiviral. **Resultados.** Cinco especies tuvieron actividad antiviral frente a CHIKV y DENV-2 y cuatro frente a ZIKV, siendo los extractos *Cestrum sp* y *Solanum ovalifolium* Dunal los de mayor actividad, con porcentajes de inhibición de la infección superiores al 94% frente a los tres arbovirus. Tres fracciones de cada una de estas dos especies se evaluaron a 125ug/mL, siendo la fracción C de *Solanum ovalifolium* la de mayor actividad antiviral, pues inhibió la infección de los tres arbovirus en porcentajes superiores al 60%. **Conclusiones.** Las especies *Cestrum sp* y *Solanum ovalifolium* son una fuente promisoriosa de moléculas con actividad antiarbovirus. Estudios en curso nos permitirán identificar las moléculas específicas con potencial antiviral.

110. Evaluación de tres métodos estadísticos para optimizar una ELISA IgG casera para dengue.

Escobar-Pereira P, Rojas-Gallardo D, Restrepo-Chica J, Tabares-Villa A, Padilla-Sanabria L, Collins M, Cardona-Ospina J. Universidad del Quindío. Universidad Visión De Las Américas. Universidad Tecnológica de Pereira. Emory University. Pereira.
pmescobarp06@gmail.com

Introducción. El anticuerpo 4G2 ha sido empleado en ELISAs in-house para la detección de anticuerpos IgG anti-dengue. El punto de corte de absorbancia de esta prueba varía entre experimentos, lo cual afecta su desempeño. El presente trabajo evaluó tres métodos estadísticos para la definición de este punto de corte y optimizar la prueba. **Materiales y métodos.** Se evaluó un ELISA IgG previamente estandarizado. Se analizaron 40 sujetos cuyo estado serológico era conocido por anticuerpos de neutralización. Se evaluaron tres métodos para establecer el punto de corte de la ELISA: análisis de punto de cambio, predicción del límite superior, y el cálculo de la media más 3 desviaciones standard (3SD) del control negativo. Se comparó el AUC, sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo (VPP) y negativo (VPN) e índice kappa. **Resultados.** El AUC de la ELISA fue 0,851 (IC95% 0,689 a 1,000), sensibilidad del 100% y especificidad del 64% (índice kappa = 0,636) al compararlo con los ensayos de neutralización. La predicción del límite superior tuvo el mejor desempeño en el análisis de concordancia y el menor número de falsos positivos (sensibilidad 100%, especificidad 30%, índice kappa= 0,506), al compararlo con los demás métodos estadísticos. **Conclusiones.** El uso de métodos estadísticos para establecer el punto de corte en ELISAs puede reducir el número de falsos positivos, al compararse con el método más ampliamente empleado (control negativo +3SD). Considerando la seroprevalencia de dengue en nuestro medio, la prueba de ELISA presenta un excelente VPN (100%) y buen VPP (85,11%). Min ciencias: Código: 799784467706, Contrato No. 419-2020.

111. Actividad anti-flavivirus de sales de amonio cuaternarias de derivados halogenados de tirosina y tiramina.

Restrepo L, Loaiza-Cano V, Arroyave A, Pastrana M, Galeano E, Martínez-Gutiérrez M. Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA: Universidad Cooperativa de Colombia. Grupo de Investigación en Productos Naturales Marinos, Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada MICROBA: Universidad de Antioquia. Medellín.
acarolina.arroyave@udea.edu.co

Introducción. Hasta la fecha no existe un antiviral aprobado para DENV y ZIKV. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto antiviral *in vitro* de compuestos derivados de la tiramina o tirosina contra la infección de DENV-2/S16803 y ZIKV/Col. **Materiales y métodos.** La viabilidad celular se determinó mediante ensayo MTT. Se realizó una estrategia combinada y estrategias antivirales individuales contra la infección de DENV-2/S16803 y ZIKV/Col en células VERO. Se recolectaron los sobrenadantes para cuantificar las UFP/mL mediante ensayo de placa. La interacción de los compuestos con proteínas virales y celulares se evaluó mediante acoplamiento molecular con AutoDockVina®. Las interacciones se visualizaron con PyMol y LigPlot+2. **Resultados.** La viabilidad celular fue superior al 80% a 250 µM, concentración de uso. En la estrategia combinada los compuestos TODB-3M, YODC-3M y YODB-3M inhibieron partículas virales infecciosas de DENV-2/S16803, mientras que para

ZIKV/Col solo fue el compuesto TODC-3M. En la estrategia PRE-tratamiento, el compuesto YODC-3M inhibió partícula viral infecciosa en DENV-2/S16803. No hubo inhibición de partícula viral infecciosa en la estrategia POST o TRANS-tratamiento en este modelo viral. Para ZIKV/Col, el compuesto TODC-3M inhibió partícula viral infecciosa en la estrategia TRANS-tratamiento frente a la infección por ZIKV/col, mas no en la estrategia PRE o POST-tratamiento. Se obtuvieron energías favorables en la interacción de los compuestos con las proteínas virales y celulares. **Conclusiones.** Los compuestos di-clorados derivados de la tiramina y tirosina mostraron potencial antiviral frente a DENV y ZIKV. Este proyecto fue financiado por MINCIENCIAS 141577757439.

112. *Nectandra acutifolia* (Lauraceae) inhibe la infección *in vitro* de dos flavivirus.

Jiménez-Posada E, Mosquera-Martínez O, Martínez-Gutiérrez M. Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA: Universidad Cooperativa de Colombia. Grupo de Biotecnología-productos Naturales: Universidad Tecnológica de Pereira. Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada MICROBA. Universidad de Antioquia. Medellín.
vanessa.jimenez1@udea.edu.co

Introducción. El potencial biológico de la familia *Lauraceae* ha sido ampliamente estudiado, incluido su actividad antiviral, sin embargo, frente a flavivirus como DENV y ZIKV existen pocos estudios. El objetivo de este trabajo fue evaluar la actividad antiviral de *Nectandra acutifolia* nativa de Colombia (Lauraceae) frente a estos dos virus. **Materiales y métodos.** La toxicidad del extracto metanólico se evaluó por el método de MTT (500ug/mL - 15,6ug/L) y el tamizaje de la actividad antiviral frente a las cepas ZIKV/Col y DENV-2/S16803 se realizó con la estrategia combinada en células VERO, cuantificando el número de partículas virales infecciosas en los sobrenadantes. Adicionalmente, se caracterizaron las familias químicas presentes el extracto por CCD. Todos los ensayos *in vitro* se hicieron por triplicado de dos experimentos independientes. **Resultados.** Para los ensayos antivirales se usó una concentración del extracto de 250ug/mL de *Nectandra acutifolia* (viabilidad celular superior al 80%) obteniendo un porcentaje de inhibición de la infección frente a estos dos flavivirus DENV y ZIKV fue del 100%. En la caracterización química se encontraron compuestos fenólicos, flavonoides, alcaloides, saponinas y cumarinas. *Nectandra acutifolia* (Lauraceae) es nativa de la región andina, desde Colombia hasta Bolivia y aunque su composición química es poco estudiada, otras *Nectandra sp.* son utilizadas por comunidades para el tratamiento de afecciones del sistema nervioso central, lo que podría deberse a la presencia alcaloides, que, para esta familia, podrían ser del tipo pirrolidina acetofenonas. **Conclusiones.** *Nectandra acutifolia* nativa de Colombia posee una potente actividad antiviral anti arbovirus, siendo este el primer estudio en reportarlo.

MICOLOGÍA

113. Identificación molecular y evaluación de la susceptibilidad *in vitro* de aislamientos de *Malassezia spp.* frente a antifúngicos de uso clínico.

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

Introducción. La identificación de las levaduras del género *Malassezia* se ha realizado tradicionalmente mediante pruebas fenotípicas. Sin embargo, el desarrollo de diversas técnicas moleculares ha contribuido a resolver sus desventajas. Por su condición lipodependiente, los métodos de referencia para evaluar la susceptibilidad antifúngica no son directamente aplicables. El objetivo del estudio fue identificar a nivel molecular aislamientos de *Malassezia spp.* y establecer su perfil de susceptibilidad frente a antifúngicos de uso clínico. **Materiales y métodos.** Estudio experimental *in vitro* ejecutado en el laboratorio de Biología Molecular y Biotecnología de la Universidad Tecnológica de Pereira. Veintiséis aislamientos de *Malassezia spp.* que tenían identificación fenotípica previa, fueron confirmados mediante amplificación de genes ribosomales por PCR convencional, secuenciación y análisis filogenéticos. Se realizaron pruebas de susceptibilidad antifúngica por microdilución en caldo de acuerdo con el documento M27-A3 del CLSI con modificaciones para cumplir los requerimientos nutricionales del género *Malassezia*. **Resultados.** En el 62% de los aislamientos hubo concordancia entre la identificación molecular y fenotípica. El 54% fueron identificados como *M. furfur*, el 19% como *M. sympo-*

dialis, el 12% como *M. pachydermatis* y el restante pertenecieron a otras especies del género. El 81% de los aislamientos fueron resistentes a anfotericina B, el 42% a voriconazol, el 31% a fluconazol, el 23% a itraconazol y el 15% a ketoconazol. **Conclusiones.** Se recomienda el uso de técnicas moleculares para identificar a nivel de especie levaduras del género *Malassezia*. Los antifúngicos del grupo de los azoles, especialmente ketoconazol, fueron más activos contra este hongo de importancia en la Medicina humana y animal.

114. Resistencia a antifúngicos en aislamientos clínicos de *Malassezia furfur* provenientes de pacientes con VIH.

Ehemann-Guerrero K, Contreras-Carreño A, Celis-Ramírez A. Universidad de los Andes. Bogotá.
k.ehemann10@uniandes.edu.co

Introducción. *Malassezia* es un género de levaduras lipofílicas y lipido-dependientes perteneciente a la microbiota de la piel de humanos y otros animales. No obstante, debido a procesos de disbiosis u otros factores en el hospedero, esta levadura puede llegar a causar diferentes patologías desde cutáneas como dermatitis seborreica a fungemias. Por otro lado, en pacientes VIH positivo se ha reportado el aislamiento de *M. furfur* en individuos con o sin lesiones cutáneas. Por su carácter oportunista y la variable sensibilidad a compuestos antifúngicos en esta especie, es relevante conocer los perfiles de sensibilidad. Con esto en mente, el objetivo de este estudio es determinar la sensibilidad de aislamientos clínicos de *M. furfur* obtenidos de pacientes VIH positivo o negativo con o sin dermatitis seborreica a diferentes antifúngicos. **Materiales y métodos.** La determinación de la sensibilidad de los aislamientos ante ketoconazol, itraconazol, voriconazol, fluconazol y anfotericina B se realizó mediante dos técnicas: microdilución en caldo mediante el protocolo M27-A3 de la CLSI con modificaciones (2) Pruebas en agar mediante tiras E-test. **Resultados.** Los aislamientos obtenidos de pacientes con VIH muestran un aumento en la concentración mínima inhibitoria al fluconazol, voriconazol y anfotericina B en comparación a los pacientes sin VIH. Por otro lado, el itraconazol y el ketoconazol son los antifúngicos que evidencian menor CMI en la mayoría de los aislamientos, independientemente de la entidad clínica. **Conclusiones.** Hay diferencias en los perfiles de sensibilidad de los aislamientos según el contexto del paciente y elevadas CMI de antifúngicos usados comúnmente en este tipo de patologías como el fluconazol

115. Identificación molecular y susceptibilidad a antifúngicos de aislamientos colombianos del complejo *Sporothrix schenckii*.

Sánchez-Cifuentes E, Uran-Jiménez M, Mcween-Ochoa J, De Bedout-Gómez C, Velásquez-Rojas M, Molina-Colorado D, Jiménez-Álzate M. Universidad de Antioquia. Corporación Para Investigaciones Biológicas CIB. Medellín.
erikaa.sanchez@udea.edu.co

Introducción. La esporotricosis es la micosis subcutánea más frecuente en Colombia. Esta enfermedad es causada por especies del complejo *Sporothrix schenckii*. El diagnóstico preciso del agente causal de la esporotricosis es necesario para elegir un tratamiento adecuado, debido a que, las especies del complejo presentan diferentes perfiles de susceptibilidad a los antimicóticos, que en Colombia no se conocen. **Materiales y métodos.** El grupo de micología medica cuanta con 105 aislamientos de *Sporothrix spp.* a los que se les extrajo ADN para PCR Específica de Especie (PCR-EE). Los resultados de la PCR-EE se compararon con los resultados de la secuenciación del gen parcial de calmodulina. Las pruebas de susceptibilidad antifúngica se realizaron de acuerdo con el M27-A3 del Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). Se determinó la Concentración Mínima Inhibitoria (MIC) para: itraconazol, voriconazol, posaconazol, fluconazol, anfotericina B y terbinafina. **Resultados.** Se identificaron 89 (83,8%) *S. schenckii* ss. str. y 16 (15,2%) *S. globosa*, con una concordancia del 100% entre los resultados de secuenciación y PCR-EE. Respectivamente para *S. schenckii* y *S. globosa*, el rango de MIC en mg/ml para itraconazol fue: 0,03-0,125 y 0,03-0,25, voriconazol: 0,06-4 y 0,5-2, posaconazol: 0,03-0,125 y 0,06-0,25, fluconazol: 8->64 y 16->64, anfotericina B: 0,03-0,25 y 0,03-0,25 y terbinafina: 0,06-0,125 y 0,03->0,0 **Conclusiones.** Los perfiles de susceptibilidad de estas especies son similares a los reportados en otros países. Es el primer estudio en el que se evalúan seis antimicóticos para aislamientos colombianos del complejo *Sporothrix schenckii*.

116. Genómica comparativa del clado terminal de *Fusarium*.

Lizcano-Salas A, Duitama J, Restrepo-Restrepo S, Celis-Ramírez A. Grupo de Investigación Celular y Molecular de Microorganismos Patógenos, Tecnologías de Información y Construcción de Software, Laboratorio de Micología y Fitopatología (lamfu): Universidad de los Andes. Bogotá.
af.lizcano@uniandes.edu.co

Introducción. El Clado Terminal de *Fusarium* está constituido por una variedad de especies de importancia agrícola y clínica. El estudio de los genomas permite comprender las características propias de cada especie y como estas logran adaptarse a diferentes ambientes, así como generar infecciones en diferentes hospederos. Por lo tanto, el objetivo de este estudio es describir y comparar características genómicas de algunas especies del Clado Terminal de *Fusarium*. **Materiales y métodos.** Se usaron 89 genomas correspondientes a aislamientos ambientales, clínicos y asociados a plantas depositados en GenBank. Se predijeron los genes por medio de Braker2 y se anotaron funcionalmente por medio del pipeline de trinotate. Se definieron los ortogrupos por medio de OrthoFinder2 y se analizaron por medio de micropan. Finalmente, se predijeron los clusters de genes de biosíntesis (BGCs) de metabolitos secundarios con antiSMASH. **Resultados.** Se encontró que existe una gran variación dentro del grupo en el tamaño del genoma y la cantidad de genes codificantes de proteínas preservando proporciones similares en la función de los genes de cada uno de los genomas. Por otro lado, este grupo presenta un pangenoma cerrado estimado en 24.325 ortogrupos y un coregenoma de 6.105 ortogrupos. Finalmente, se encontró una gran variación en el número de BGCs presentes en cada especie siendo los principales los PKS de tipo 1, NRPS y terpenos. **Conclusiones.** Las especies del Clado Terminal de *Fusarium* presentan diferencias a nivel del tamaño del genoma, aunque existen similitudes funcionales entre los mismos. Asimismo, existen diferencias en los BGCs presentes. Financiación: Universidad de los Andes, proyecto: INV-2021-127-2.

117. Estudio del efecto de lípidos en el modelo de infección de queratinocitos con *Malassezia spp.*

Mora-Restrepo F, Ríos-Navarro A, Celis Ramírez A. Universidad de los Andes. Bogotá.
f.morar@uniandes.edu.co

Introducción. En la epidermis residen especies de *Malassezia*, que logran penetrar el estrato córneo llegando al folículo piloso donde interactúan con las glándulas sebáceas. Al ser especies lipodependientes, estas levaduras se ven favorecidas por los lípidos secretados en la piel, estableciendo un nicho que les permite su proliferación, y en ciertos casos causando enfermedades dermatológicas. Los mecanismos por los cuales *Malassezia* exhibe un comportamiento patogénico son desconocidos. El objetivo de esta investigación fue determinar el papel de lípidos de la piel en la interacción entre especies de *Malassezia* y queratinocitos. **Materiales y métodos.** Se determinó el efecto de los lípidos sobre el crecimiento de *M. furfur*, *M. restricta* y *M. symyodialis*, y se implementó el modelo de infección de queratinocitos en un medio suplementado con lípidos y con diferentes concentraciones de *Malassezia*. Se evaluaron diferentes parámetros de la infección como porcentaje de invasión, viabilidad celular, expresión de citoquinas, entre otros. **Resultados.** Se encontró que para *M. furfur* la combinación de los tres lípidos (ácido oleico, ácido esteárico y escualeno 0.5 mM) le permite un mayor crecimiento respecto a los lípidos por separado a lo largo de 168 horas. Además, las especies de *Malassezia* logran infectar los queratinocitos y disminuir su viabilidad cuando se encuentran en una mayor concentración y con suplementación lipídica, estimulando la expresión de citoquinas proinflamatorias, y revelando la activación de la respuesta inmune innata de las células de la piel al estar expuestas a *Malassezia*. **Conclusiones.** La composición lipídica de la piel parece tener un papel protagonista en la interacción con *Malassezia*.

118. Assessment of unusual plant-extract based media for the differentiation between the species of *Candida albicans* complex.

Morales S, Torres Y, Ustate K, Pedrozo Z. Universidad Popular del Cesar. Laboratorios Nancy Flórez García S.A.S. Valledupar.
sorayaeugeniam@hotmail.com

Introduction. *Candida albicans* is the most common agent in human fungal infections; nevertheless, in the last decades, the closely related yeasts *Candida dubliniensis* and *Candida africana* have emerged as pathogens. These new sister-yeasts were reported as "atypical species", since they shared phenotypic

characteristics with the type species. The routine discrimination between the closely related species has been problematic, and the most accurate method for their identification are the PCR-based tests. **Materials and methods.** The purpose of this study was to compare tobacco agar with another five agars prepared from plant extracts (*Origanum vulgare*, *Rosmarinus officinalis*, *Solanum rudgeanum*, *Solanum oblongifolium* and *Brugmansia arborea*) on the differentiation of *C. albicans* complex. The hyphae and chlamyconidia formation and the color and margin of the colonies of 155 clinical isolates of *C. albicans*, *C. dubliniensis* and *C. africana* were evaluated. **Results.** After seven days of incubation at 28 °C, Tobacco agar, *S. rudgeanum* and *B. arborea* agars allowed the differentiation of *C. dubliniensis*. Additionally, all of *C. africana* isolates produced brownish colonies in the medium prepared from *Rosmarinus officinalis* (rosemary) extract. **Conclusions.** These results indicate that *S. rudgeanum*, *B. arborea* and rosemary agar could be used as screening for the phenotypic differentiation between the species of *C. albicans* complex. Rosemary agar could be used to differentiate *C. albicans* from *C. africana*. These culture media based on plants, could be used as simple and inexpensive screening methods in the phenotypic differentiation of *C. dubliniensis* and *C. africana*. Projects 052 (Internal-call 2019) UPC and Contract 80740-359-2021 Min Ciencias.

119. *Galleria mellonella* como modelo de piel *in vivo* de infecciones superficiales causadas por *Malassezia globosa*.

Díaz Ortiz J, Torres-Moreno M, Celis-Ramírez A. Universidad de los Andes. Bogotá.
j.diaz15@uniandes.edu.co

Introducción. *Malassezia globosa* es una levadura lípido dependiente que es comensal de la piel humana. Sin embargo, bajo determinadas condiciones, es causante de entidades dermatológicas de alta prevalencia. Con el fin de ampliar el conocimiento acerca de la patogenia de este tipo de infecciones, es necesario realizar estudios en modelos *in vivo*. Por ende, el objetivo de este trabajo es implementar una metodología que permita utilizar a las larvas de *Galleria mellonella* como modelo *in vivo* de infecciones superficiales causadas por *M. globosa*. **Materiales y métodos.** Para esto, se determinó el efecto de la infección con *M. globosa* sobre las larvas a través de una metodología de abrasión procuticular, inoculación tópica y evaluación del curso de infección mediante histología, conteo de hemocitos y melanización con análisis de imágenes en ImageJ. En este sentido, se diseñó un dispositivo con el que se logró estandarizar la lesión de la cutícula. **Resultados.** En este estudio, fue posible comprobar el éxito de la infección, ya que se evidenció la formación de biopelículas de *M. globosa* asociadas a la pérdida de continuidad del integumento y al retraso en el proceso de cicatrización. Además, el grupo de larvas sometido a abrasión e inoculación presentó melanización significativamente mayor a diferencia de los grupos control. Finalmente, se estableció un nuevo puntaje de melanización basado en el gradiente de luminosidad de la lesión. **Conclusiones.** En conclusión, fue posible establecer, por primera vez, infección con *M. globosa* en el integumento de *G. mellonella* y determinar los indicadores adecuados para evaluar la interacción hospedero-*Malassezia* en este modelo.

120. Onicomicosis por *Candida spp* en un grupo de pacientes de la ciudad de Medellín.

Duque-Restrepo C, Vélez-Restrepo M, Quiros M, Gaviria-Núñez A. Grupo de investigación Biociencias: IU Colegio Mayor de Antioquia. Medellín.
clara.duque@colmayor.edu.co

Introducción. Las onicomicosis son un problema frecuente en dermatología, *Candida spp* es un importante agente causal. Objetivo: Describir las características de las onicomicosis por *Candida* en un grupo de personas de Medellín. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo en el cual se incluyeron 100 individuos con onicomicosis por *Candida*, procesados en el laboratorio de la IUCMA durante 2018 a 2021. Previo consentimiento informado se tomó a cada individuo una muestra de uñas, a las cuales se les realizó examen directo con KOH, cultivo en Sabouraud Dextrosa Agar (Merck) y Agar Cromogénico (Oxoid), empleando Vitek 2® (BioMérieux, Inc.). Se realizó identificación y perfil de sensibilidad de los aislamientos. **Resultados.** El 53% de los participantes fueron mujeres, 68% mayores de 50 años. El 75% presentaron lesiones en uñas de pies, 21% en manos, 4% en manos y pies. El 95% de las lesiones fueron de la forma distal lateral. El KOH fue positivo en el 70% de los casos y el cultivo en el 100%. De las especies identificadas *albicans* correspondió al 58%, *parapsilosis* 23%, *guilliermondii* 3% y *glabrata* 2%. En cuanto al perfil de

sensibilidad *albicans*, *parapsilosis* y *guilliermondii* fueron 100% sensibles a FCZ y VRC, *guilliermondii* 87% sensible FCZ y VRC, *glabrata* 100% resistente a FCZ y 100% sensible a VRC. **Conclusiones.** Aunque la sensibilidad encontrada fue alta, es necesario realizar la correcta identificación y pruebas de sensibilidad de *Candida spp* causante de onicomicosis para iniciar un adecuado tratamiento.

MICOBACTERIAS

121. Seropositivity against NDO-LID in a group of household contacts of leprosy patients. Is real the elimination of this disease in Colombia?

Serrano-Coll H, Muñoz M, Beltrán C, Cardona-Castro N, ICMT-CES. Sabaneta.
ncardona@ces.edu.co

Introducción. Leprosy is a chronic infectious disease caused by two mycobacteria (*Mycobacterium leprae* and *Mycobacterium lepromatosis*). The household contacts (HHC) of leprosy index cases are at higher risk of being infected with these mycobacteria. Leprosy in Colombia is considered in the post-elimination stage, however, 250-400 new cases per year are reported. Therefore, serological testing in HHC would be an effective strategy to eliminate leprosy in Colombia. **Materials and methods.** To determine the seroprevalence and factors associated with the infection by *M. leprae* in HHC, an observational study was conducted in 428 HHCs located in the Colombian Caribbean, Andean, Pacific, and Amazonian regions. We evaluated the seropositivity and kinetics of IgM, IgG, and protein A against NDO-LID. **Results.** The evaluated HHC showed high seropositivity, precisely 36,9% anti-NDO-LID IgM, 28,3% anti-NDO-LID IgG, and 47,7% protein A. Furthermore, Protein A showed a greater capacity to detect infected individuals than other anti-NDO-LID conjugates (p 0,05). Higher seropositivity for IgM was evidenced mainly in HHC located in the Colombian Pacific region (p 0,001). This research did not show differences in the seropositivity for these serological tests between HHC of PB or MB leprosy patients (p>0,05). **Conclusions.** Leprosy transmission is still active between Colombian HHC. Consequently, controlling leprosy transmission in this population is fundamental to eradicating this disease.

122. Diferencias en el éxito del tratamiento de tuberculosis previamente tratada.

Ortiz-Medina J, García-Moreno P, Pacheco-López R, Varela-Chaverra L. Seccional Cali: Universidad Libre. University Of Colorado. Cali.
jimeortizmed@hotmail.com

Introducción. La no adherencia al tratamiento en tuberculosis tiene relación directa con el no éxito del tratamiento farmacológico, dada por factores modificables y no, por lo que es importante evaluar las diferencias clínicas, sociodemográficas y programáticas de pacientes previamente tratados en el programa para lograr mayor control del éxito de su tratamiento. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional analítico de cohortes con información retrospectiva perteneciente al programa de micobacterias de la Secretaría de Salud de Santiago de Cali, en la que se evaluó el NO éxito del tratamiento de 5.936 pacientes con TB pulmonar, de los que se tomaron por cumplir criterios de inclusión 605 registros reportados en el período de 2015 -2019. **Resultados.** Con análisis bivariado se evaluó asociación entre variables de exposición (clínicas y demográficas) con el desenlace de interés (tratamiento Exitoso/No exitoso), obteniendo una frecuencia de pacientes que reingresaron al programa del 10,2%, resultado similar a los reingresos en diagnóstico de TB nacional. El 60% de los reingresos se clasificaron como pérdida en el seguimiento al tratamiento y el 40% como recaída, mayor reingreso en hombres y mayor riesgo de No éxito al tratamiento farmacológico pos-reingreso en personas en situación de calle, población farmacodependiente e hipertensos. **Conclusiones.** Existen causas asociadas al no éxito del tratamiento farmacológico vinculadas al entorno sociodemográfico del paciente. La entrevista previa al tratamiento es un factor que permitiría predecir el éxito al tratamiento, dando importancia a las estrategias de manejo y la aplicación de un enfoque diferencial acorde a la caracterización previa de la población.

123. Conocimientos, prácticas y actitudes de la atención de pacientes con tuberculosis en estudiantes de medicina en Colombia.

García-Goez J, Tello-Cajiao M, Montes-Tello S, Serrano-Tejada L, Rodas-Morales Á. Fundación Valle del Lili. Universidad ICESI. Cali.
jose.garcia.go@fvf.org.co

Introducción. El manejo programático de la tuberculosis en Colombia, debe ser competencia del médico general de atención primaria quien debe tener los conocimientos, prácticas y actitudes frente a tuberculosis para garantizar el desenlace exitoso. El estudio evalúa los conocimientos del manejo programático de los estudiantes de medicina en Colombia en el 2020. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo transversal, el cual implementa un cuestionario online, dirigido a los estudiantes de medicina que cursan prácticas formativas asistenciales y que estuvieran inscritos en la reunión anual de la Asociación de Sociedades Científicas de Estudiantes de Medicina de Colombia (ASCEMCO) durante el año 2020. Se realizó de forma virtual debido a las restricciones de la emergencia sanitaria por COVID-19. **Resultados.** Se evidenció que los estudiantes con experiencia en la atención de pacientes con tuberculosis tienen mayor puntaje en la evaluación, comparado a los estudiantes que no tuvieron esta experiencia, $p: 0,0246$. La percepción de riesgo de contagio por tuberculosis en estudiantes está relacionada a mayor puntaje en la evaluación, comparado a los estudiantes que no perciben el riesgo, $p: 0,0293$. Los estudiantes de 9 a 12 semestre tienen 4 veces la oportunidad de aprobar correctamente el módulo de conocimientos clínicos comparado a los estudiantes de 5 a 8 semestre (IC:95%1,19-14,7). **Conclusiones.** Es indispensable involucrar a los estudiantes en el manejo programático de la tuberculosis en la práctica clínica como principal estrategia que integra los conocimientos evaluados. Financiación del estudio por parte del Centro de Investigaciones Clínicas de Fundación Valle del Lili.

PRESENTACIONES ORALES

INFECCIÓN POR VIH/SIDA

124. Profilaxis pre-exposición al VIH y su relación con el deseo de tomarla: estudio en mujeres transgénero.

Mueses-Marín H, Bolívar-Rocha M, Torres-Isasiga J, Gómez-Peñalosa S, Camargo-Plazas P, Martínez-Buitrago E, Martínez-Cajas J. Corporación de Lucha Contra el Sida. Departamento de Salud Pública y Epidemiología Pontificia Universidad Javeriana-Cali. Montefiore Medical Center: Moses Division. Albert Einstein College of Medicine. School Of Nursing, Division of Infectious Diseases, Department of Medicine: Queens University. Hospital Universitario del Valle Evaristo García. Universidad del Valle. Grupo VIHCOL. Cali. centroinvestigaciones@cls.org.co

Introducción. Describir factores psicosociales, motivacionales y de información en mujeres transgénero (MTG), y su relación con el deseo de usar la PrEP. **Materiales y métodos.** Estudio transversal realizado entre octubre 2020 y febrero 2021 en 158 MTG reclutadas a través de asociaciones comunitarias. Se analizaron características sociodemográficas, conocimiento, motivaciones, autoeficacia para uso de PrEP y antecedentes de violencia familiar frente al deseo de uso de la PrEP, a través de un modelo de regresión logística multivariado. **Resultados.** Se encontró que al 62,7%, le gustaría usar la PrEP en los siguientes 12 meses; 26,6% había escuchado de PrEP. Las participantes reportaron dificultades para asistir a los controles médicos y pagar la PrEP, resaltaron preocupaciones con cambio de comportamientos sexuales y efectividad de la PrEP. Se observó actitudes positivas hacia PrEP y menos del 20% consideran que la PrEP les puede generar estigma de familia, amigos o parejas. Los principales factores relacionados con el deseo de usar la PrEP fueron: antecedente de vivir en calle en el último año (OR:6,48; IC95%:(1,90-22,21)), normas subjetivas positivas (OR:1,27; IC95%:(1,04-1,55)), actitudes positivas hacia la PrEP (OR:1,40; IC95%:(1,09-1,80)) y antecedente de violencia en el hogar (OR:3,13; IC95%:(1,34-7,30)). **Conclusiones.** Nuestros resultados apuntan a la necesidad de incrementar el acceso a la PrEP en poblaciones de MTG en alto contexto de vulnerabilidad, en quienes además necesitan información precisa sobre la PrEP y a abordar aspectos que fomenten actitudes positivas hacia la PrEP. MINCIENCIAS (Código 334780762872).

125. Efectividad del primer esquema antirretroviral en Colombia.

Álzate-Ángel J, Alzamora D, Mueses-Marín H, Botero M, Segura S, Hernández B, Arévalo-Mora L, Martínez-Buitrago E. VIHCOL. Vivir bien Cartagena. CorpoSIDA. Todomed. Hospital Universitario San Ignacio, Infectoclinicas, CEPAIN, Universidad del Valle. Medellín. jucalan10@gmail.com

Introducción. El objetivo es evaluar la efectividad de la primera línea de tratamiento antirretroviral en los pacientes infectados con el VIH en Colombia, de acuerdo con los regímenes recomendados por la guía de práctica clínica (GPC) colombiana de 2014. **Materiales y métodos.** Estudio observacional analítico, tipo cohorte histórica, a partir del inicio del tratamiento, con el fin de valorar efectividad dependiendo del esquema de inicio. Se calculó un tamaño de muestra de 996 individuos, estratificada por sexo y los grupos de edad: 13-18 años, 18-50 años y mayores de 50 años. El estudio se lleva a cabo a partir de datos de pacientes seleccionados aleatoriamente de 21 centros que apoyan al grupo VIHCOL, provenientes de 14 ciudades del país. **Resultados.** Se presentaron resultados de primera prueba piloto, con el 10% de la muestra. 40 pacientes presentaron datos válidos para su análisis. Se dividieron en 3 grupos, según el tercer fármaco del esquema antirretroviral. 20% iniciaron con inhibidor de integrasa (INSTI), 65% con inhibidor de nucleósido de la transcriptasa reversa (ITRNN) y 15% con inhibidor de proteasa (IP). A los 24 meses, el 5% presentaba carga viral mayor a 200 copias/ml (todos con ITRNN). A 24 meses, la mediana de CD4 pasó de 236 a 529 con INSTI, 189 a 440 con ITRNN y 189 a 458 con IP. **Conclusiones.** Se presentan datos preliminares de prueba piloto del estudio. Se anticipa tener datos completos y análisis en dos meses.

126. Percepciones de la Profilaxis pre-exposición al VIH y su relación con el deseo de tomarla: Estudio en hombres gay/bisexuales.

Mueses-Marín H, Alvarado-Llano B, Bolívar-Rocha M, Galindo-Orrego X, Torres-Isasiga J, Arrivillaga-Quintero M, Martínez-Cajas J. Corporación de Lucha Contra el Sida. Public Health Science: Queens University. Departamento de Salud Pública y Epidemiología: Pontificia Universidad Javeriana-Cali. Montefiore Medical Center, Moses Division: Albert Einstein College of Medicine. Division Of Infectious Diseases, Department of Medicine: Queens University. Cali. centroinvestigaciones@cls.org.co

Introducción. Identificar factores relacionados con el deseo de usar la PrEP usando el modelo de información, motivación y habilidades. **Materiales y métodos.** Estudio transversal realizado en Bogotá, Medellín y Cali, entre abril de 2020 y febrero de 2021 en 552 hombres gay/bisexuales (301 reclutados a través de internet y 251 a través de asociaciones comunitarias). Se analizaron características sociodemográficas, conocimiento, motivaciones y autoeficacia para uso de PrEP, y su relación con el deseo de usar la PrEP, a través de un modelo de regresión logística ordinal multivariada. **Resultados.** Un 57,4%, le gustaría usar PrEP en los siguientes 12 meses. Se encontró que el 58,3% había escuchado de PrEP y se observó poco conocimiento específico sobre cómo funciona. Los participantes reportaron dificultades para pagar la PrEP, actitudes positivas hacia la PrEP y menos del 25% consideran que PrEP puede generar estigma de familia, amigos o parejas. Los principales factores relacionados con el deseo de usar la PrEP fueron: vivir con la familia (OR:2,19; IC95%:(1,29-3,74)) o amigos (OR:3,47; IC95%:(1,42-8,48)), auto percibirse en riesgo de VIH (OR:1,15; IC95%:(1,05-1,26)), normas subjetivas positivas hacia la PrEP (OR:1,26; IC95%:(1,10-1,43)) y actitudes positivas hacia la PrEP (OR:1,36; IC95%:(1,19-1,55)). Participantes reclutados por organizaciones presentaron menor deseo de uso de la PrEP (OR:0,25; IC95%:(0,15-0,41)). La percepción de estigma hacia la PrEP se relacionó con menos deseo de usar la PrEP (OR:0,83; IC95%:(0,72-0,96)). **Conclusiones.** Nuestros resultados apuntan a la necesidad de incrementar la información precisa sobre la PrEP, abordar aspectos que disminuyan el estigma y que fomenten actitudes positivas hacia la PrEP. MINCIENCIAS (Código 334780762872).

127. Proyección epidemiológica de la transmisión del VIH/Sida en Colombia en un escenario de 25 años.

Duitama A, Arenas N, Lozano-Guarnizo D, Castellanos R. Universidad El Bosque. Universidad Antonio Nariño. Politécnico Granacolombiano. Bogotá. dlozano79@uan.edu.co

Introducción. Los modelos epidemiológicos aplicados al Virus de la Inmunodeficiencia Humana (VIH) permiten evaluar la diseminación y estrategias de control del síndrome de inmunodeficiencia adquirida (Sida). Nuestro objetivo fue modelar la propagación del VIH/Sida en Colombia a partir de un sistema basado en ecuaciones diferenciales ordinarias, junto con los datos de infectados por VIH/Sida en Colombia. **Materiales y métodos.** Se obtuvieron los datos del programa de VIH/Sida del Instituto Nacional de Salud (INS) y del Ministerio de Salud y Protección Social de Colombia entre 1986 y 2011. Se

desarrolló un algoritmo en Python con un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias usando el método de Runge - Kutta de 4to orden. Los datos fueron integrados para la proyección de casos y variables asociadas en una línea de tiempo. **Resultados.** Se generó un modelo matemático que considera el número de personas infectadas con VIH, personas infectadas que aún lo desconocen y personas con SIDA. Nuestro modelo permite optimizar el cálculo de las tasas de predicción para detección de pacientes seropositivos nuevos, personas VIH con diagnóstico desconocido, pacientes VIH positivos que desarrollan Sida, nuevas infecciones por VIH por seropositivos detectados y no detectados, y mortalidad de la población sexualmente activa y con Sida. La comparación con los datos observados presentó un alto grado de correlación ($\geq R=0.8$). **Conclusiones.** El modelamiento del comportamiento del VIH/Sida permitiría planear acciones preventivas incluyendo la búsqueda activa de los portadores asintomáticos VIH seropositivos, evitando la progresión sin vigilancia a Sida y fortaleciendo el programa de control del VIH en Colombia.

128. Retos y recomendaciones para la implementación de PrEP desde las perspectivas de mujeres transgénero y gay/bisexuales -Estudio PrEP-COL.

Bolívar-Rocha M, Alvarado-Llano E, Mueses-Marín H, Arrivillaga-Quintero M, Torres-Isasiga J. Corporación de Lucha Contra el Sida. Queens University. Pontificia Universidad Javeriana-Cali. Montefiore Medical Center Moses Division. Cali.
maricamila.bolivar@javerianacali.edu.co

Introducción. La profilaxis preexposición al VIH (PrEP) es una estrategia eficaz en la prevención del VIH. INVIMA aprobó la combinación TDF/FTC para su uso en PrEP en 2019 y en diciembre del 2021 el gobierno nacional la incluyó para provisión gratuita a personas que pudieran beneficiarse. Ante esta posibilidad, surge la necesidad de describir los retos y recomendaciones para la implementación de la PrEP en Colombia desde la óptica de las poblaciones a riesgo. **Materiales y métodos.** Enfoque cualitativo, se realizaron seis grupos focales, 3 con mujeres transgénero (n=30) y 3 con gay/bisexuales (n=31) de Medellín, Bogotá y Cali. **Resultados.** Se identificaron seis retos/recomendaciones: 1) Mejorar el acceso al conocimiento relacionado con efectividad, formas de uso y acceso de PrEP, se recomienda hacerlo a través de organizaciones y líderes comunitarios. 2) Facilitar la financiación de la PrEP e integrarla con los programas de prevención de ITS en la EPS o en clínicas especializadas. 3) Capacitar profesionales de atención primaria y urgencias en la prescripción de la PrEP. 4) Hacer educación masiva sobre PrEP y la necesidad de usar preservativo para prevenir otras ITS. 5) Diseñar estrategias para la autoidentificación de candidatos a la PrEP, y 6) Diseñar intervenciones que disminuyan el estigma de profesionales de salud hacia las poblaciones a riesgo. **Conclusiones.** Estrategias de educación, mercadeo social, e integración de servicios de prevención del VIH surgen como las más aceptables alternativas para el incremento de la adopción de la PrEP en Colombia. Financiado por MinCiencias código: 334780762872.

129. Caracterización epidemiológica y demográfica de pacientes con VIH atendidos en un hospital universitario de alta complejidad, Cali-Colombia, entre el 2019 y 2021.

Álvarez-Payares J, Ramírez-Velasco M, Mejía-Arcila D, Matta-Cortes L, Martínez-Buitrago E, Hospital Universitario del Valle. Cali.
mariaocr_09@hotmail.com

Introducción. La presentación tardía con Sida avanzado por recuento de linfocitos CD4+ ≤ 200 céls/mm³ asociada a infecciones oportunistas es un reconocido diagnóstico de la situación actual del VIH en Colombia (CAC, 2021). El presente reporte busca determinar las características sociodemográficas, epidemiológicas, de morbilidad y mortalidad de un hospital público de tercer nivel de referencia del suroccidente colombiano en la población atendida con infección por VIH. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, retrospectivo, con la población de pacientes ingresados consecutivamente desde el 2019 al 2021 con diagnóstico de VIH, con atención hospitalaria o ambulatoria en la institución. **Resultados.** Se incluyeron 884 pacientes en la cohorte, 263 con diagnóstico de novo. Las principales condiciones clínicas asociadas fueron tuberculosis (17%), toxoplasmosis (15,1%), neumocistosis (14%). criptococosis meníngea (13,5%) e histoplasmosis (12,1%), observando una mayor tendencia de neumocistosis para el año 2021. El recuento de linfocitos CD4+ y carga viral fueron en promedio 169/mm³ y 96.000 copias/mL, respectivamente, con una estancia hospitalaria promedio de 19,8 días. La tasa de mortalidad fue 176/1000 en la cohorte. **Conclusiones.** En un escenario del mundo real, es

aún una realidad en los pacientes hospitalizados con VIH/Sida, la presentación tardía, las condiciones trazadoras de Sida con recuentos bajos de LT CD4+ y alta mortalidad asociada. Por el período de evaluación de la cohorte, no se descarta un impacto secundario a la coexistencia de la pandemia de COVID-19.

130. Factores asociados a la infección por COVID-19 en personas que viven con el VIH. Un estudio de casos y controles anidado en una cohorte colombiana.

Álzate-Ángel J, Gutiérrez-Gómez M, Mueses-Marín H, Fonseca N, Segura S, Hernández B, Martínez-Buitrago E. VIH-COL. CIB. CorpSIDA. Asistencia Científica de Alta Complejidad. Hospital Universitario San Ignacio. Infectoclínicos. Hospital Universitario del Valle. Medellín.
jucalan10@gmail.com

Introducción. Las personas que viven con el VIH (PVV) pueden ser especialmente vulnerables a los efectos del SARS-CoV-2 y a la COVID-19. Nuestro objetivo fue evaluar cuáles son los factores que se asocian a su presentación y severidad. **Materiales y métodos.** Estudio de casos y controles anidado en una cohorte, donde los casos fueron PVV con diagnóstico de COVID-19 y los controles PVV sin este diagnóstico al momento de la identificación de los casos. Se evaluaron 476 personas entre el 1 de mayo de 2020 y el 28 de febrero de 2021. Se realizó un análisis univariado y se construyeron modelos de regresión logística binaria para el desenlace de COVID-19 y entre quienes presentaron esta infección, para el desenlace de hospitalización vs. manejo ambulatorio. **Resultados.** Entre 238 PVV diagnosticadas con COVID-19 y 238 controles, el recibir tratamiento con inhibidores de integrasa o inhibidores de proteasa fueron factores que disminuyeron la posibilidad de presentar COVID-19. De los 238 casos, 196 (82,35%) fueron atendidos ambulatoriamente y 42 (17,64%) requirieron hospitalización. En este caso, la edad mayor de 50 años y la obesidad fueron factores que aumentaron la posibilidad de ser hospitalizado, mientras que el recibir tratamiento antirretroviral o haber recibido previamente vacunación contra influenza, disminuyeron esta posibilidad. **Conclusiones.** Factores relacionados con la edad, tipo de antirretrovirales recibidos, vacunación previa con influenza y comorbilidades como la obesidad, tienen un posible rol como factores de riesgo aumentado o disminuido para estos desenlaces en esta población.

131. Caracterización de los recién nacidos expuestos a madres con VIH gestacional en 3 centros de referencia entre 2017-2020 en Cúcuta, ciudad colombiana con alta prevalencia de migrantes.

Escobar-Cortés L, Zapata-González A, Díaz A, Arias-Sánchez A. Infectoped S.A.S. Clínica Santa Ana. Clínica Medical Duarte. Hospital General de Medellín. Hospital Universitario Erasmo Meoz. Cúcuta.
leoesc98@gmail.com

Introducción. A pesar de los esfuerzos direccionados a disminuir la transmisión materno-infantil (TMI) del VIH en nuestro país, continúan reportándose casos de niños infectados. El objetivo fue caracterizar los neonatos expuestos al VIH materno en 3 hospitales de Cúcuta, ciudad con la mayor atención al migrante. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo de corte transversal comprendido entre el 2017-2020 en 3 hospitales de tercer nivel en la ciudad de Cúcuta, Norte de Santander. Se incluyeron 29 gestantes con diagnóstico confirmado de VIH y 32 recién expuestos, productos de 31 gestaciones (un embarazo gemelar). **Resultados.** La ausencia de controles prenatales, ausencia y/o falla en el tratamiento antirretroviral durante la gestación y el diagnóstico materno tardío (62,06%) fueron los principales factores de riesgo identificados para TMI del VIH. En 12 de 31 gestaciones (38,70%) se obtuvo carga viral (CV) en las 8 semanas previas al parto. En 11 (91,6%) la CV materna fue indetectable. En el 59,3% de los expuestos hubo errores en la posología de la profilaxis antirretroviral. En 3/32 expuestos se diagnosticó VIH, con una tasa de TMI de 9,3%, mayor a la meta de la OPS ($\leq 2\%$). El 33,4% de las gestantes eran venezolanas, el 66,6% de los infectados fueron hijos de madres venezolanas. **Conclusiones.** La migración pareciera estar vinculada con un aumento en la TMI del VIH según los datos recolectados en nuestro estudio. Se debe fortalecer el diagnóstico y tratamiento prenatal oportuno, así como la atención postnatal en regiones de atención al migrante.

COVID-19

132. EXPERIENCIA CON EL TAMIZAJE PARA SARS-COV-2 EN UNA UNIDAD DE TRASPLANTE DE MÉDULA ÓSEA EN COLOMBIA.

López-Mora M, Mora-Figueroa E, Guarín A, Pinzón P, Peña O, Figueroa J, Pedraza E, Gómez C, Lamadrid C, López G, Villegas A. Clínica De Marly. Bogotá.
mjlopezun@hotmail.com

Introducción. Para continuar con los trasplantes a pesar del COVID-19 se implementó el tamizaje pretrasplante con PCR. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo, desde mayo de 2020 a marzo de 2022. Se realizó PCR para SARS-CoV-2 en hisopado nasofaríngeo 72 horas pretrasplante para donantes y receptores asintomáticos. **Resultados.** Se realizaron 492 hisopados con 35 resultados positivos en 34 pacientes (en un caso fueron positivos donante y receptor) -prevalencia del 6,9%. Fueron 11 donantes positivos, dos no se usaron por recaída en el paciente, uno está pendiente para ingreso y 8 fueron movilizados. Entre estos únicamente hubo un caso de COVID-19 posttrasplante, diagnosticado en el día +12, (39 días después de la prueba positiva en el donante), se consideró no relacionado. Un donante se movilizó en el día 8 de la PCR positiva por tratarse de un segundo trasplante urgente sin donante alternativo, no se presentaron complicaciones en el donante ni receptor. Hubo 24 receptores positivos, entre estos cuatro trasplantes no se realizaron (uno por secuelas de COVID-19 moderado, dos por recaída de la enfermedad de base y uno por falla en la movilización). Dos pacientes están pendientes por ingresar y 18 trasplantes fueron llevados a cabo, 11 autólogos (media prueba positiva-trasplante de 37 días) y 7 alogénicos (media prueba positiva-trasplante de 42 días) sin complicaciones en ninguno de ellos. Adicionalmente encontramos una tasa de recaída del 11,8% asociada al retraso del trasplante en casos positivos. **Conclusiones.** El tamizaje es efectivo, pero hay una alta tasa de recaída al diferir el procedimiento.

133. Uso de antibióticos y su asociación a ingreso a UCI en pacientes con COVID-19 en hospitales colombianos.

Ortega-Quintero A, Cortés-Luna J, Morantes-Caballero J, Villalobos-Díaz M, Gómez-Rodríguez R, Sánchez-González S. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
aortegaq@unal.edu.co

Introducción. El COVID-19 que requiere manejo hospitalario tiene una baja frecuencia de coinfección, a pesar de lo cual el uso de antibióticos es alto. El objetivo del estudio fue evaluar el impacto del uso de los antimicrobianos en pacientes con COVID-19 sobre admisión a UCI. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva de pacientes hospitalizados por COVID-19 en instituciones prestadoras de salud de Bogotá. Incluidos adultos entre marzo 2020 y enero 2021. Se consideró exposición, el uso de antibiótico durante la hospitalización. El desenlace fue admisión a cuidado intensivo. El análisis se realizó utilizando la ponderación inversa de la probabilidad del tratamiento utilizando un puntaje de propensión sobre la probabilidad de uso de un antibiótico. Se realizó un modelo de regresión logística sobre la pseudopoblación, utilizando estimadores robustos. **Resultados.** Se siguieron 1.160 pacientes, con edad promedio de 56 años (DE16,8), 59,7% hombres, antecedente cardiovascular en 38%, diabetes en 20%, neumopatía en 17,4% y 34% con sobrepeso u obesidad. Se documentó sobreinfección bacteriana en 169 pacientes (14,6%), mientras que 892 pacientes (77%) recibieron antibióticos, siendo más frecuentes betalactámicos y macrólidos. 426 pacientes (36,8%) ingresaron a UCI, falleciendo 167 (14,4%). Después del ajuste con la ponderación inversa, los pacientes que recibieron antibiótico tuvieron una mayor probabilidad de ingreso a UCI (OR 1,64, IC95% 1,08-2,49). **Conclusiones.** La prescripción de antibióticos en pacientes con COVID-19 es elevada a pesar de la baja documentación de sobreinfección bacteriana. Su uso en la mayoría de los casos es innecesario y se asoció a un mayor riesgo de ingreso a UCI. Es posible que deba limitarse.

134. Coinfección dengue-SARS-CoV-2: experiencia en pacientes hospitalizados durante la pandemia de COVID-19 en la Fundación Valle del Lili, Cali-Colombia.

Rosso F, Zapata-Vásquez L, Agudelo-Rojas O, Rodríguez-Restrepo S, Martínez-Ruiz D, Robles-Castillo S, Tejada-Vega A. Servicio De Infectología, Departamento de Medicina Interna, Centro de Investigaciones Clínicas: Fundación Valle del Lili. Facultad de Ciencias de la Salud: Universidad ICESI. Cali.
frosso07@gmail.com

Introducción. La coinfección por dengue y COVID-19 plantea un desafío diagnóstico en áreas tropicales. El objetivo del estudio fue describir la coinfección entre estas. **Materiales y métodos.** Estudio transversal, incluyendo pacientes con coinfección por COVID-19/dengue atendidos en un hospital de cuarto nivel en Cali-Colombia, entre marzo de 2020 y marzo de 2021. La infección por SARS-CoV-2 se confirmó mediante RT-PCR o prueba rápida de antígeno a partir de hisopado nasofaríngeo y el dengue por anticuerpos NS1 y/o IgM contra dengue. Se compararon los desenlaces con pacientes con COVID-19. **Resultados.** Se incluyeron 90 pacientes, 72 pacientes con COVID-19 y 18 con coinfección. La mayoría de los pacientes eran hombres 46 (63,9%). Ningún paciente estaba vacunado contra el COVID-19 o dengue. La mediana de tiempo transcurrido entre el inicio de los síntomas y el diagnóstico fue de cinco días y la fiebre fue el síntoma más común para ambos grupos. Hubo diferencias significativas entre los pacientes con COVID-19 y los coinfectados en cuanto a la presencia de disnea (22,2% vs 61,1%; $p=0,003$), desaturación (13,4% vs 53,3%; $p=0,002$) y un mayor índice neutrófilos/linfocitos (3,84 vs 5,59; $p=0,038$). La coinfección se asoció con mayor severidad ($p=0,002$), mayor requerimiento inicial de oxígeno suplementario ($p=0,007$), ventilación mecánica ($p=0,0004$), manejo en la UCI al ingreso ($p=0,002$) y manejo final en la UCI ($p=0,002$). La mortalidad global en la coinfección fue del 44,4% frente al 6,9% en los pacientes con COVID-19 ($p<0,001$). **Conclusiones.** La coinfección dengue/COVID-19 se asoció con peores desenlaces clínicos.

135. Comparación de la tasa de detección y valores del cycle threshold (Ct) de tres protocolos de RT-qPCR SARS-CoV-2, Colombia.

Contreras-Martínez H, Gastelbondo-Pastrana B, Badillo-Viloria M, Mattar-Velilla S. Universidad de Córdoba. Universidad Simón Bolívar. Montería.
hectorcontrerasm@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. Algunas pruebas de PCR para la detección de SARS-CoV-2 muestran limitaciones en sensibilidad y especificidad. El presente estudio comparó tres protocolos de RT-qPCR para la detección molecular de SARS-CoV-2 en Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo entre junio y septiembre del 2020. Se analizaron 22 muestras clínicas de pacientes de diferentes hospitales de Montería, se compararon tres protocolos comerciales de RT-qPCR (A, B y C) disponibles en el mercado para detección molecular de SARS-CoV-2. **Resultados.** El protocolo A amplificó el gen N en 11/22 (50%; IC95 % Ct: 30,3 – 37,6) de las muestras, y el gen RdRP en 13/22 (59,1%; IC95% Ct: 29,9 – 37,1). El protocolo B amplificó el gen N en 14/22 muestras (63,6%; IC95% Ct: 27,2 – 35,9) y el gen RdRP 12/22 (54,5%; IC95% Ct: 30,3-37,8). El protocolo C amplificó en 22/22 el gen N (100%; 95% IC Ct: 24,4 – 32,6) y el gen ORF1ab en 21/22 (95,5%; 95% IC Cq: 25,6-33,7). **Conclusiones.** Los resultados mostraron que existe una variabilidad significativa entre los protocolos evaluados en términos de concordancia, sensibilidad y especificidad. Ministerio de Ciencia Tecnología e Innovación - SGR (Código BPIN: 20200000100090).

136. Expresión y localización de SARS-CoV-2 y eca2 en células epiteliales bucales de pacientes pediátricos COVID-19 positivos de la HOMI Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia.

Bohórquez-Ávila S, Pérez-Ramírez L, Díaz-Clavijo A, Reina-Marín M, Navarro-Saiz L, Bello-Aldana D, Bernal-Cepeda L, Castellanos-Parra J, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
lsperezr@unal.edu.co

Introducción. La transmisión de SARS-CoV-2 ocurre por gotas y aerosoles respiratorios, pero no es clara la participación de la cavidad oral en la infección y transmisión viral. Este trabajo se propuso caracterizar una cohorte de pacientes pediátricos SARS-CoV-2 positivos y evaluar la expresión y localización de SARS-CoV-2 y ECA2 en células epiteliales bucales. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo, de corte transversal, en pacientes pediátricos COVID-19 positivos hospitalizados en el HOMI, entre diciembre de 2021 y marzo de 2022. Se identificaron variables demográficas, manifestaciones de la infección, comorbilidades y complicaciones. Se tomaron dos muestras por citología oral. Una muestra se procesó para RT-qPCR Cuadruplex, usando sondas de hidrólisis Taqman® y primers para el gen N de SARS-CoV-2 y el gen de ECA2. La segunda muestra se procesó para inmunofluorescencia con los anticuerpos anti-N de SARS-CoV-2 y anti-ACE2. **Resultados.** Se incluyeron 24 pacientes, con síntomas de Infección Respiratoria Aguda; el 21% tenía comorbilidades y 3 presentaron complicaciones. Se detectó RNA de SARS-CoV-2 en el 67% de las muestras con expresión positiva de ECA2 en el 100%. El marcaje positivo para ACE2 y SARS-CoV-2 en células epiteliales de mucosa oral evidenció localización en membrana, citoplasma y núcleo, en 92% de las muestras.

Conclusiones. Mediante RT-qPCR e inmunofluorescencia se pudo establecer la expresión y colocalización de SARS-CoV-2 y ECA2 en células epiteliales de mucosa oral de pacientes pediátricos COVID-19 positivos, sugiriendo la ocurrencia de infección y replicación viral en estas células.

137. Reducción en la diversidad del microbioma nasofaríngeo en pacientes fatales por SARS-CoV-2.

Madroño J, Calvo E, Arturo J, Coronel C, Velandia M, Castellanos-Parra J, Universidad El Bosque. Bogotá.
lmdronero@unbosque.edu.co

Introducción. Las bacterias modulan la homeostasis de los individuos, sin embargo, es poco conocido el efecto de la infección del SARS-CoV-2, sobre el microbioma nasofaríngeo en pacientes fatales. Por lo tanto, en este estudio evaluamos las relaciones entre el microbioma nasofaríngeo y la severidad asociada al SARS-CoV-2. **Materiales y métodos.** Se seleccionaron 4 grupos: 1) Pacientes fatales con diagnóstico positivo para SARS-CoV-2. 2) Pacientes no fatales con diagnóstico positivo. 3. Pacientes fatales con diagnóstico negativo. 4) Pacientes no fatales con diagnóstico negativo. Se realizó extracción de ADN, amplificación de las regiones hipervariables v3-v4 del RNAr 16s bacteriana y secuenciación usando la plataforma miSeq de Illumina. **Resultados.** Se encontró que la riqueza, y la composición microbiana es notablemente reducida y homogénea en las muestras de pacientes fatales positivos para SARS-CoV-2 en relación a los demás grupos. Este grupo se encuentra representado principalmente por enterobacterias, incluyendo *Klebsiella pneumoniae*, y *K. variicola*. En los otros grupos se observó una mayor variabilidad en la composición microbiana, encontrándose grupos de pacientes que albergaron una diversidad alta y otros, una diversidad baja, en estos grupos predominaron las especies *Corynebacterium accolens*, *Staphylococcus epidermidis*, *Streptococcus peridonticum*. **Conclusiones.** En los pacientes fatales predominaron bacterias consideradas como patógenas oportunistas mientras que en los demás grupos, incluyendo el grupo de fatales no infectados, predominaron bacterias colonizadoras benignas, resaltando el papel que podría tener esta composición del microbioma en el desenlace de la infección por SARS-CoV-2.

138. Evaluación de la respuesta de anticuerpos a diferentes dosis de la vacuna COVID-19, en personas que laboran en el diagnóstico molecular para esta enfermedad en el departamento del Quindío.

Padilla-Sanabria L. Universidad del Quindío. Armenia
lpadilla@uniquindio.edu.co

Introducción. El virus del SARS-CoV-2, es un virus de la familia *Coronaviridae* responsable de la pandemia de COVID-19. La población colombiana recibió diferentes tipos de vacunas de marcas como Pfizer, Sinovac, Moderna, entre otras. El estudio tuvo como objetivo hacer una evaluación en el tiempo de la presencia de anticuerpos durante en las diferentes fases de la vacunación. **Materiales y métodos.** Se realizó un seguimiento a 20 personas durante más de un año, para evidenciar la presencia de anticuerpos antes de la vacunación y un mes después de la primera, segunda y tercera dosis. Se evaluó la presencia y concentración de anticuerpos frente a la proteína S, RBD, NP, de SARS-CoV-2 y NP de los coronavirus, 229E, NL63, OC43 y HKU1. Mediante Inmunoblot de la casa comercial MIKROGEN. **Resultados.** Previo a la vacunación el 35% presentaba anticuerpos SARS-CoV-2 y el 55% para otros Coronavirus. Un mes después de la primera dosis de la vacuna (Pfizer), todos excepto un (vacunado con Sinovac) presentaron anticuerpos frente a la proteína S y RBD del SARS-CoV-2. Un mes después de la segunda dosis, todos los individuos presentaron anticuerpos frente a la proteína S y hubo un aumento en el título de anticuerpos, 6 meses posteriores a la segunda dosis, permanecían los anticuerpos, pero los títulos eran menores, para la tercera dosis (vacunados con Moderna) todos presentaron un aumento del título de anticuerpos. **Conclusiones.** se determinó la importancia de las dos dosis y refuerzo para la presencia de anticuerpos en personas vacunadas frente al COVID-19.

139. Verificación del desempeño (validación secundaria) de la prueba molecular de PCR en tiempo real (RT-qPCR) en la plataforma Vivalytic one®* para la detección de SARS-CoV-2 en el punto de atención.

Díaz G, Castro M, Rueda D, Lasso A, Rosales-Chamorro A, Albornoza-Tovar L. Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas CIDEIM. Universidad ICESI. Centro de Investigaciones Clínicas, Departamento de Patología y Medicina de Laboratorio: Fundación Valle del Lili. Cali
diana.rueda@fvil.org.co

Introducción. La oportunidad en el diagnóstico de infección por SARS-CoV-2 es una necesidad reconocida para tomar decisiones clínicas, aislar y, potencialmente, reducir la transmisión de SARS-CoV-2. Las pruebas de diagnóstico en el punto de atención (POC) son una alternativa que minimiza la manipulación de muestras y genera resultados en corto tiempo. En este estudio evaluamos el desempeño de la prueba molecular POC de PCR Vivalytic® SARS-CoV-2 en Cali, Colombia. **Materiales y métodos.** Individuos > 18 años que asistieron a la Fundación Valle del Lili (FVL) con y sin sintomatología compatible con COVID-19 fueron elegibles para este estudio transversal (reclutamiento prospectivo entre octubre y noviembre, 2021). Estimamos sensibilidad, especificidad y concordancia de Vivalytic® SARS-CoV-2 frente al estándar de referencia RT-qPCR SARS-CoV-2 de VIASURE®. El estudio fue aprobado por el comité de ética de FVL. **Resultados.** Se incluyeron 33 muestras en el análisis. La prueba Vivalytic® SARS-CoV-2 presentó sensibilidad de 100% (IC95% de un lado: 100%-100%) y especificidad 100% (IC95% de un lado: 100%-100%). El Ct promedio en los pacientes positivos fue 20,2 (rango: 13,95-28,26) para el gen N y 19,18 (rango: 12,03-28,75) para el gen ORF1-ab en la prueba de referencia. **Conclusiones.** El desempeño de la prueba Vivalytic® SARS-CoV-2 en nuestra población de estudio es superior a lo descrito por el fabricante (sensibilidad: 96,7%, especificidad: 99%) y se ajusta a los lineamientos del Instituto Nacional de Salud de Colombia para pruebas moleculares de diagnóstico de COVID-19. Financiación: Los materiales para el estudio fueron provistos por BOSCH Colombia.

VIROLOGÍA

140. Efecto de inhibidores de enzimas deubiquitinadoras sobre el ciclo de replicación del virus chikungunya.

López L, Calvo E, Castellanos J, Universidad El Bosque. Bogotá
llopez@unbosque.edu.co

Introducción. La ubiquitinación es una modificación post-traduccional reversible por la acción de enzimas deubiquitinadoras (DUBs), estas modificaciones son importantes en la función, localización, estabilidad y actividad de proteínas celulares. Algunos virus como los herpesvirus, flavivirus y adenovirus usan enzimas DUBs durante su ciclo de replicación. En este estudio se evaluó el rol de las enzimas deubiquitinadoras durante la infección con virus chikungunya (CHIKV). **Materiales y métodos.** Este es un estudio desarrollado *in vitro*, para lo cual se usaron tres líneas celulares HEK293, Huh-7 y Vero. Las células fueron tratadas con inhibidores de enzimas deubiquitinadoras (PR-619 y WP1130) y posteriormente, infectadas con CHIKV. La producción viral se evaluó por ensayo de plaqueo y la infección por citometría de flujo; en adición, se evaluó la síntesis de proteínas virales por western blot y la síntesis de ARN viral por RT-qPCR. **Resultados.** Se encontró que, en todas las líneas celulares el tratamiento con WP1130 causó una disminución en la progenie viral en más de 1-log. Además, la infección viral se redujo en más del 50% en todas las células. Finalmente, se observó una reducción en los niveles de las proteínas virales E1 y nsP1 así como en los niveles de ARN viral intracelular por efecto de la inhibición. **Conclusiones.** El virus chikungunya requiere de la actividad de las enzimas deubiquitinadoras durante su ciclo de replicación. Ministerio de Ciencia y Tecnología. Proyecto 130871250759; 296-2016. Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque.

141. Revisión de aplicaciones móviles en dengue basada en la metodología MARS (Mobile App Rating Scale).

Corrales A, Betancur J, Galvis B, Canizales M, Campo A, Castellanos J, Rey A, Henao J. UCEVA. Tuluá.
ana.corrales01@uceva.edu.co

Introducción. El dengue es una enfermedad viral transmitida por mosquitos del género *Aedes* y cerca de 4 billones de personas están en riesgo de infección. Las Apps se consideran un mecanismo de divulgación para promover la prevención de algunas enfermedades infecciosas de impacto global. El objetivo fue realizar una revisión de Apps en dengue basada en la metodología MARS. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de Apps en las tiendas virtuales utilizando los descriptores: dengue/mosquito/*Aedes aegypti*. Se seleccionaron las aplicaciones que, por idioma, funcionalidad, y accesibilidad pudieran ser evaluadas con el instrumento internacional MARS (Mobile-App-Rating-Scale). **Resultados.** Se encontraron 138 aplicaciones, de las cuales 32 fueron seleccionadas para la evaluación, 53% pertenecían a iOS y 47% a Android. El 43% fueron juegos, 23% utilidades, 18% informativas, 9% juegos educativos, 6%

salud-bienestar y 1% herramientas gubernamentales. Además, se encontró que 73% de las aplicaciones son monolingües (inglés-83%), el 9% bilingües y el 18% multilingües. Teniendo en cuenta la valoración MARS, encontramos que las Apps en dengue se clasificaron como: inadecuadas 4%, bajas 24%, aceptables 24%, buenas 24% y excelentes 24%. **Conclusiones.** Las aplicaciones se caracterizaron por dar información poco exacta sobre la enfermedad, el vector y medidas de prevención. Cerca de la mitad de las aplicaciones fueron consideradas de aceptables a inadecuadas. Además, la falta de apps bilingües, exhibieron un alcance poco internacional y no inclusivo con las poblaciones afectadas. También, la mayoría de juegos no plantaron procesos educativos efectivos. Se desconoce el impacto y uso de las aplicaciones por las comunidades vulnerables en regiones endémicas de Colombia. Minciencias-890-82613.

142. Perfil epidemiológico del dengue en una zona endémica de Colombia. 2020-2022.

Ortega-Díaz Y, Marín-Velásquez K, Rivera-Pedroza L, Astrid-Ríos P, Morales-Mesa S, Restrepo-Jaramillo B, Arboleda-Naranjo M. Instituto Colombiano de Medicina Tropical. Sabaneta. kmarin@ces.edu.co

Introducción. El dengue sigue teniendo un alto impacto en Colombia a pesar de los esfuerzos de salud pública. La zona de Urabá es la que más casos aporta al departamento de Antioquia, por lo que es importante determinar el perfil epidemiológico de esta enfermedad en los municipios de Turbo y Apartadó, 2020-2022. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional, prospectivo, de corte. Se captaron pacientes con síndrome febril agudo, mediante búsqueda activa y pasiva en los municipios de Turbo y Apartadó en Antioquia, entre septiembre del 2020 y mayo del 2022. Se confirmó infección por dengue empleando métodos directos (ELISA NS1- RT-PCR) e indirectos (prueba rápida, ELISA IgM, e IgG). **Resultados.** De un total de 338 pacientes, 169 fueron diagnosticados con dengue, indicando una incidencia de infección del 48,2%; de área rural 52,1% vs. 49,7% de zona urbana. El promedio de edad de los pacientes con dengue fue 13,1 años (DS: 12,3 años). El 90,2% cursó con infección secundaria, el 55,8% de ellos presentaron signos de alarma y solo el 1,8% evolucionó a dengue grave. La incidencia de infección por año fue superior al 50% en el 2021 y lo que va del 2022, a diferencia del 2020 que fue del 8,5%. Se identificaron los serotipos DENV-1, 2 y 4, siendo el DENV-1 el que mayor frecuencia de infección registró. **Conclusiones.** dengue continúa siendo un diagnóstico importante en los casos de síndromes febriles en zonas tropicales. Se evidencia co-circulación de 3 serotipos e incremento en la incidencia de casos en zonas rurales. Financiación: MinCiencias código 325684267882.

143. Detección de virus chikungunya, dengue y Zika por PCR anidada durante el pico epidemiológico de virus dengue 2021-2022 en la ciudad de Cartagena-Colombia.

Castellar-Mendoza C, Castellanos-Parra J, Pinzón-Redondo H, Pinzón-Burgos E, Arturo J, Calvo-Tapiero E. Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja, Universidad El Bosque. Bogotá ccastellar@unbosque.edu.co

Introducción. El virus dengue es el arbovirus de mayor impacto a nivel mundial, causando 390 millones de nuevas infecciones anuales. Entre finales de 2021 y principios de 2022 en Cartagena se presentó un pico epidemiológico de virus dengue. En este estudio se determinó la presencia de otros arbovirus (chikungunya y Zika, aparte de dengue) en muestras de pacientes pediátricos con cuadros febriles que ingresaron al Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja (HINFP) de Cartagena- Colombia. **Materiales y métodos.** Este es un estudio descriptivo, donde se usaron muestras de suero (obtenido de sangre periférica) de 543 pacientes pediátricos, con por lo menos una prueba de laboratorio clínico para dengue, obtenidos entre noviembre de 2021 y enero de 2022 ingresados por el servicio de urgencias del HINFP. En el laboratorio de Virología de la Universidad El Bosque (Bogotá), se realizó extracción de ARN viral con kit comercial de estas muestras y amplificación mediante PCR anidada para la detección de virus chikungunya, dengue y Zika. **Resultados.** De un total de 543 muestras, se encontraron 78 muestras positivas para dengue (14,3%), 71 muestras positivas para chikungunya (13%) y 10 muestras con co-infección dengue y chikungunya (1,8%). El serotipo de dengue más frecuentemente detectado fue DENV2. No hubo muestras positivas para Zika. **Conclusiones.** El diagnóstico diferencial entre los arbovirus circulantes y serotipos de dengue, es importante en zonas endémicas para tener un diagnóstico certero, identificación de co-infecciones e información para datos epidemiológicos.

144. Efecto inhibitorio de la lovastatina sobre virus RNA de importancia en salud animal y humana.

Ruiz-Sáenz J, Martínez-Gutiérrez M, Loaiza-cano V, Gómez-Betancur D. Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia. Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada MICROBA. Universidad de Antioquia. Envigado. julian.ruiz@campusucc.edu.co

Introducción. Previamente se ha demostrado el efecto antiviral de la lovastatina frente a varios modelos virales, por lo que el objetivo de este trabajo fue evaluar su potencial antiviral frente a tres virus de genoma RNA: Virus del Distemper Canino (CDV), virus chikungunya (CHIKV) y virus Zika (ZIKV). **Materiales y métodos.** Se evaluó la viabilidad celular de la lovastatina en células Vero y Vero dog SLAMtag por MTT, usando concentraciones seriadas. Se realizó la evaluación antiviral mediante una estrategia combinada (tratamiento previo, durante y posterior a la infección) en los tres virus de interés, utilizando la ribavirina como control de inhibición. Se evaluó el porcentaje de inhibición utilizando diferentes metodologías de acuerdo con el modelo viral. **Resultados.** En presencia de lovastatina la viabilidad celular fue mayor al 70% en las dos líneas celulares a una concentración de 10 uM. Se obtuvo inhibición de la proteína viral de CDV de una manera dependiente de concentración, siendo significativa con un 68,9 % a 10 uM, 41,8 % a 5 uM y 30,6 % a 2,5 uM. Para CHIKV la inhibición de las partículas virales infecciosas fue de 100% a 10uM, del 96 % a 5uM y 87 % a 2,5 uM, mientras en ZIKV la inhibición a 10 uM fue de 85% y a 5uM del 50% **Conclusiones.** Los resultados evidencian que la lovastatina posee actividad antiviral potencial frente la infección *in vitro* por virus RNA diferentes a los reportados previamente, lo que demuestra la necesidad de realizar evaluaciones *in vivo*.

145. Actividad antiviral de la azatioprina y sus análogos derivados: una revisión sistemática de literatura con enfoque en segundo uso.

Ríos-Usuga C, Ruiz-Sáenz J, Martínez-Gutiérrez M, Universidad Cooperativa de Colombia Universidad de Antioquia. Medellín carolina.rios@udea.edu.co

Introducción. La azatioprina (AZA) es un profármaco que pertenece al grupo de las tiopurinas que se comportan como análogos de purinas. Por su mecanismo de acción se han realizado estudios *in vitro* e *in vivo* para evaluar su efecto antiviral en varios modelos virales. **Materiales y métodos.** Se realizó una revisión sistemática siguiendo los principios PRISMA evaluando la actividad antiviral de AZA y sus derivados, donde se evaluaron variables como: clasificación viral, compuesto y concentración evaluada, porcentaje de actividad antiviral, técnicas usadas y dosis efectivas. **Resultados.** De los 31 artículos seleccionados se encontró que el 90,3% de los virus evaluados eran genoma RNA y 9,7% DNA, los compuestos principales evaluados fueron: AZA (19,4%) , 6-MMP (25,8%) y 6-MP (19,5%). Los virus para los cuales se demostró efecto antiviral incluyen virus de las familias *Flaviviridae* (BVDV, HCV, DENV, YFV, WNV, ZIKV), *Paramyxoviridae* (CDV, RSV), *Herpesviridae* (HCMV, HSV, VZV), *Coronaviridae* (MERS-CoV, SARS-CoV), *Orthomyxoviridae* (IAV). Los porcentajes de actividad antiviral mas bajos (50%) se encontraron para los herpesvirus y coronavirus. Para los demás virus los porcentajes de actividad antiviral fueron mayores al 90%. Las dosis empleadas efectivas se encuentran entre 2µM-460µM **Conclusiones.** Los resultados obtenidos proporcionan evidencia sustancial del uso de AZA y sus derivados como antiviral, para múltiples agentes virales. Los resultados demuestran su potencial para ser llevado a modelos animales que permitan utilizarlos como potencial antiviral de amplio espectro para virus emergentes de diversas familias de virus de impacto en salud pública y salud animal.

146. Valores hematológicos: posibles marcadores para el diagnóstico diferencial entre dengue, COVID-19 y otras causas de fiebre en el trópico.

Restrepo-Chica J, Rojas-Gallardo D, Escobar-Pereira P, Lagos-Grisales G, Tabares-Villa F, Trujillo A, Jiménez-Posada E, Martínez-Gutiérrez M, Ruiz-Sáenz J, Waggoner J, Collins M, Rodríguez-Morales A, Cardona Ospina J, Piantadosi A. Institución Universitaria Visión de las Américas. Universidad Tecnológica de Pereira. Instituto para la Investigación en Ciencias Biomédicas Sci-Help. Universidad Cooperativa de Colombia. Emory University: Atlanta. Dosquebradas. jrc1009@outlook.com

Introducción. La búsqueda de marcadores que guíen el diagnóstico de fiebre en el trópico es una necesidad que se ha acentuado tras el COVID-19. Este trabajo evaluó las características epidemiológicas, clínicas y paraclínicas asociadas a la etiología de fiebre en pacientes de un área tropical en Colombia.

Materiales y métodos. Estudio de corte transversal de pacientes con fiebre menor a 7 días y sin foco aparente en Risaralda-Colombia. Se caracterizaron variables epidemiológicas, clínicas y paraclínicas. Se realizaron pruebas moleculares y serológicas. Se realizó gota gruesa para malaria e hisopado nasal para COVID-19 según criterio médico. **Resultados.** Se reclutaron 255 pacientes con síndrome febril. Más del 92% fueron del área metropolitana centro occidente de Risaralda. En el 7,5% (n=19) se diagnosticó dengue por RT-qPCR, en 10% (n=26) COVID-19, y en 17,5% (n=43) otras causas de fiebre identificables (malaria, neumonía, infección de vías urinarias, infección de tejidos blandos). En el 65% (n=160) no se identificó una causa, en 12 de ellos incluso después de metagenómica. No se encontró evidencia de circulación de virus de Zika o chikungunya. Después de ajustar por confusores el recuento bajo de leucocitos, neutrófilos, linfocitos, monocitos, plaquetas y plaquetocrito se asoció con dengue ($p < 0,05$) y el recuento alto de neutrófilos con fiebre causada por otras etiologías identificables ($p = 0,024$). **Conclusiones.** No fue posible identificar la causa de fiebre en la mayoría de los pacientes. Los valores hematológicos pueden ayudar en el diagnóstico diferencial de dengue con otras causas identificables de fiebre, incluido el COVID-19. Financiado MinCiencias Cod:799784467706 Contrato No. 419-2020.

147. Emergencia y caracterización genómica de circovirus canino en perros con síndrome diarreico en Medellín.

Gómez-Betancur D, Giraldo-Ramírez S, Correa J, Ruiz-Sáenz J. Universidad Nacional de Colombia. Universidad Cooperativa de Colombia. Visión de las Américas. Medellín.
diana.gomez@udea.edu.co

Introducción. Circovirus canino (CanineCV) es un virus emergente descrito por primera vez en 2011, infecta cánidos domésticos y silvestres relacionándose con enteritis hemorrágica, encontrándose también en animales sanos. En Colombia se demostró por primera vez la circulación del CanineCV en 2020, sin embargo, se desconoce su frecuencia en la población canina del país. El presente estudio, pretende determinar la frecuencia, y caracterización genómica de CanineCV en perros con diarrea atendidos en centros veterinarios de Medellín. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo mediante un muestreo de materia fecal de caninos que hayan consultado por diarrea en diferentes centros veterinarios de Medellín y de animales clínicamente sanos. Se realizó extracción de ADN con kit comercial, PCR convencional para detección y amplificación del genoma de CanineCV. Se realizaron análisis filogenéticos para evaluar el origen de la infección. **Resultados.** Se procesaron 90 muestras, 67 provenientes de animales con diarrea y 23 de sanos, siendo el 23,4% positivas para CanineCV, de las cuales el 65% corresponden a machos y 35% a hembras, de edades entre los 5 días y los 14 años. El 85% de positivos para CanineCV pertenece al grupo de animales con diarrea. Los resultados de los análisis filogenéticos evidencian similitud con las secuencias ya reportadas incluyendo las del estudio previamente realizado en el país. **Conclusiones.** Los resultados preliminares evidencian una alta frecuencia de CanineCV en animales con diarrea, sin distinción de grupo etario resaltando la necesidad de incluir esta infección en el panel diagnóstico.

MEDICINA TROPICAL

148. Asociación del SNP rs606231248 del gen MRC1 y la susceptibilidad a lepra en individuos de Norte de Santander-Colombia.

Gutiérrez-Castañeda L, Acosta C, García-Garay D, Bohada D, Bustos M, Guerrero M. Fundación Universitaria de Ciencias de la Salud. Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta. Universidad de Pamplona. Bogotá.
luz_dary2001@yahoo.com

Introducción. La lepra es una enfermedad infecciosa crónica. El gen MRC1 (Receptor de Manosa tipo C) codifica para el receptor de manosa tipo 1 C el cual ha sido implicado en la internalización de los antígenos de *M. leprae*. Variantes en este gen han sido asociados a la susceptibilidad a lepra per se. Evaluar si existe asociación entre la presencia del SNP rs606231248 en el gen MRC1 y el desarrollo de lepra en individuos que viven en Norte de Santan-

der-Colombia. **Materiales y métodos.** Se analizaron 114 pacientes con lepra y 456 individuos control sanos. Posterior a la extracción de ADN a partir de muestras de sangre periférica, se identificó la variante rs606231248 por qPCR mediante el uso de sondas TaqMan® prevalidas. Los análisis de equilibrio de Hardy Weinberg, las frecuencias alélicas y de asociación fueron realizados por el software SNPstats. **Resultados.** La frecuencia del alelo A fue de 41% en casos y 44% en controles. La frecuencia de los genotipos AA fue de 19% y 23%, el genotipo GA de 45% y 43% y el genotipo GG fue de 36% y 34% en casos y controles, respectivamente. El genotipo AA mostró ser un factor protector para el sexo femenino en el modelo codominante (OR: 0,26 , IC 95%: 0,11-0,65, $p = 0,013$), el modelo recesivo (OR: 0,32, IC 95%: 0,15-0,69, $p = 0,0047$) y en el modelo aditivo (OR: 0,53, IC 95%: 0,34-0,84, $p = 0,0062$). **Conclusiones.** El receptor de manosa tipo C 1 juega un papel importante en la protección para el desarrollo de lepra en los individuos.

149. Exposición de perros y gatos a SARS-CoV-2 en ocho municipios de la Región Caribe Colombiana.

Martínez-Bravo C, Calderón-Rangel A, Guzmán C, Mattar-Velilla S, Serrano-Coll H, Botero-Serna Y, Universidad CES. Universidad de Córdoba. Montería.
catymilenam@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. Desde el inicio de la pandemia por SARS-CoV-2 uno de los grupos de hospederos que más preocupación ha causado son los animales domésticos, debido al alto contacto con personas quienes representan el mayor número de casos positivos en el mundo y su variable susceptibilidad a este virus. **Objetivo:** Realizar un tamizaje serológico de los anticuerpos específicos contra SARS-CoV-2 en gatos y perros en el departamento de Córdoba-Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó una vigilancia serológica descriptiva de corte transversal, entre septiembre del 2020 y septiembre del 2021. Se tomaron proporcionalmente 279 muestras sanguíneas de perros y gatos de 8 municipios del departamento de Córdoba, los cuales fueron testeados mediante el test serológico comercial ELISA ID Screen® SARS-CoV-2 Double Antigen Multi-species. **Resultados.** Se detectaron anticuerpos contra la nucleocápside de SARS-CoV-2 en 11,5% de las muestras, de las cuales 37,5% pertenecían a mascotas que tuvieron contacto confirmado con personas COVID-19 positivas. El municipio de Montelíbano presentó una mayor seroprevalencia de SARS-CoV-2 (26,3%) en mascotas (gatos y perros), lo cual coincide con la alta seroprevalencia de casos humanos en el momento de la toma de muestra como fue reportado por otros autores. **Conclusiones.** Los resultados indican que la seroprevalencia de SARS-CoV-2 en mascotas puede estar directamente relacionada con la alta prevalencia en humanos, sin embargo, se deben considerar otros factores que puedan influir, como la dinámica de anticuerpos de cada especie contra este virus.

150. Circulación de SARS-CoV-2 en animales de vida silvestre en zoológicos y centros de atención y valoración del Caribe colombiano.

Paternina E, García A, Tique-Salleg V, Carrascal J, Álvarez G, Miranda J, Mattar-Velilla S. Universidad de Córdoba. Montería.
jluismiranda@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. La pandemia de COVID-19 ha demostrado la necesidad de basarse en el concepto moderno de "Una sola salud". La necesidad de realizar una vigilancia del nuevo coronavirus en animales silvestres es crucial para determinar el rol de los animales como portadores, reservorios y/o amplificadores del virus. **Objetivo.** Establecer la circulación de SARS-CoV-2 en animales de vida silvestre en zoológicos y centros de atención y valoración del Caribe colombiano. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal que incluyó especies de animales silvestres cautivos como: felinos, primates no humanos, mustélidos, cérvidos y cánidos salvajes pertenecientes a diferentes zoológicos y centros de atención y valoración silvestre en el Caribe colombiano. Se realizó un muestreo por conveniencia entre octubre de 2021 hasta mayo 2022. El diagnóstico se llevó a cabo con el test de SARS-CoV-2 multiplex RT-qPCR para los genes E, RdRP y N (Luna® Universal qPCR). **Resultados.** Se recolectaron 40 muestras de animales de diferentes especies. Se realizó la extracción del ARN por PCR en tiempo real, un perezoso didáctico (*Choloepus hoffmanni*) resulto positivo para Gen N y E (Ct: 32). **Conclusiones.** El ciclo epidemiológico del virus en las poblaciones de vida silvestre puede conducir a reservorios de la infección, convirtiéndose en un papel importante en la persistencia y propagación entre grupos de especie, pudiendo ocasionar un posible resurgimiento del SARS-CoV-2.

151. Caracterización molecular de *Borrelia* spp. en murciélagos del departamento de Córdoba-Colombia.

López-Mejía Y, Martínez-Bravo C, Guzmán-Terán C, Muñoz-Leal S, Calderón-Rangel A, Martínez-Martínez J, Galeano-Anaya K, Ramírez J, Muñoz M, Faccini-Martínez A, Mattar S. Universidad de Córdoba. Universidad de Concepción, Chillán: Chile. Universidad del Rosario. Instituto de Investigaciones: Fundación Universitaria de Ciencias de la Salud FUCS. Montería. yesicalopezm@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. Algunas especies del género *Borrelia* causan enfermedades zoonóticas de importancia en salud pública. **Objetivo.** Caracterizar *Borrelia* spp. en murciélagos del departamento de Córdoba. **Materiales y métodos.** Durante septiembre de 2020 y junio de 2021, se capturaron 205 murciélagos en seis municipios del departamento. Los especímenes se identificaron mediante claves taxonómicas y se extrajo ADN a partir de muestras de bazo. Se realizó una qPCR específica para el gen 16S rRNA del género *Borrelia*. A las muestras positivas se les amplificó fragmentos de los genes 16S rRNA y *flaB* mediante PCR. Los amplicones detectados fueron secuenciados por el método de Sanger. **Resultados.** Del total de muestras evaluadas el 10,2% (21/205) fueron positivas por qPCR, de esas, el 81% (17/21) y el 66,6% (14/21) fueron positivas para los genes 16S rRNA y *flaB*, respectivamente. Nueve muestras positivas para ambos genes fueron secuenciadas. El ADN de *Borrelia* spp. fue detectado en murciélagos insectívoros y frugívoros *Carollia perspicillata*, *Phyllostomus discolor*, *Artibeus lituratus*, *Glossophaga soricina* y *Uroderma* sp. Las secuencias del gen 16S rRNA presentaron una identidad entre un 97,66% y 98,47% con "*Borrelia* sp. clone Omi3", "*Borrelia* sp. RT1S" y "*Borrelia* sp. 2374"; y para el gen *flaB* con identidad entre un 94,02% y 98,04% con "*Borrelia* sp. Macaregua"; de las anteriores *Borrelia* spp. a la fecha su papel patógeno es desconocido. **Conclusiones.** Se obtuvo la primera caracterización molecular de *Borrelia* spp. en el departamento de Córdoba, la segunda descrita en Colombia, de diversas especies de murciélagos.

152. Búsqueda de *Coxiella burnetii* en humanos y ruminantes domésticos en el departamento de Córdoba.

Contreras-Cogollo V, Mattar-Velilla S, Gonzalez-Tous M, Calderón-Rangel A, Tique-Salleg V, Rangel-Torres L. Universidad de Córdoba. Montería veronicacotreras@gmail.com

Introducción. *Coxiella burnetii* es el agente causal de la zoonosis reemergente "fiebre Q", afecta a ruminantes domésticos y en humanos genera infección asintomática, síndrome febril indiferenciado, neumonía, hepatitis o endocarditis infecciosa. Estudios realizados hace 7 años, demostraron la presencia de *C. burnetii* en Córdoba, por lo que es importante continuar con su vigilancia. El objetivo de este estudio fue el de determinar la infección por *Coxiella burnetii* en humanos y bovinos en el departamento de Córdoba. **Materiales y métodos.** Entre noviembre del 2021 y mayo del 2022 en el Hospital San Jerónimo de Montería se realizó un estudio descriptivo-prospectivo a través de una vigilancia epidemiológica en pacientes con cuadro febril indiferenciado y neumonía adquirida en comunidad. Se recolectaron 43 muestras de sangre y 1 un líquido pleural. Además, se visitaron 13 fincas ganaderas en Montería n=8, Planeta rica n=2 y San Bernardo del viento n=1 de las cuales se tomaron datos de georreferenciación (GPS). Se recolectaron muestras de leche bovina recolectadas en tanques fríos (=8), cantinas (n=32) e hisopados vaginales de bovinos (n=154) y las muestras se analizaron mediante PCR tiempo real para detección del gen IS1111 de *Coxiella burnetii*. **Resultados.** Se detectó ADN de *C. burnetii* gen IS1111 en 2 muestras de leche de tanque frío (4%) de una ganadería lechera de Montería. No se detectó ADN de *C. burnetii* en pacientes. **Conclusiones.** *Coxiella burnetii* es un patógeno de importancia en salud pública por su potencial aerosolizable y se encontró infectando bovinos en el municipio de Montería Córdoba.

153. Molecular detection and sequencing of tick-borne pathogens in dogs of Pereira-Colombia.

Bonilla-Aldana D, Trejos-Mendoza A, Pérez-Vargas S, Valencia-Mejía L, Marín-Arboleda L, Martínez-Arboleda J, Reina-Mora M, Osorio-Navia D, Chacón-Peña M, Gutiérrez E, González-Colonia L, Cardona-Ospina J, Jiménez-Posada E, Díaz A, Salazar J, Sierra M, Muñoz F, Zambrano L, Ramírez-Vallejo E, Ramírez E, Álvarez J, Jaramillo I, Ramírez J, Paniz-

Mondolfi A, Faccini-Martínez A, Rodríguez-Morales A. Fundación Universitaria Autónoma de las Américas. San Lucas Centro Veterinario y Diagnóstico. Scihelp. Vitalcare. Universidad Nacional Autónoma de Honduras. IPS Cardiológica Eduardo Ramírez. Centro de Diagnóstico Especializado Testmol. Universidad del Rosario. The Mount Sinai Hospital-Icahn School of Medicine at Mount Sinai. University of Texas Medical Branch. Pereira. alfonso.rodriguez@uam.edu.co

Introducción. Accurate diagnosis of tick-borne infections (TBI) currently requires the use of nucleic acid amplification tests, such as the PCR. So far, given multiple limitations, studies using PCR for the diagnosis of TBI are limited in Latin America and Colombia. Then, molecular detection and genome sequencing studies are critical to understanding better the epidemiology and circulation of tick-borne pathogens. **Materials and methods.** A survey among 100 dogs from Pereira was done. Blood samples (1 mL w/EDTA) were tested using a standardized qPCR for detection of DNA of *Anaplasma* spp., *Ehrlichia* spp., *Hepatozoon* spp., *Dirofilaria* spp., *Babesia* spp. and *Mycoplasma* spp. Sequencing using MUSCLE and ClustalO alignment and phylogenetics with IQ-TREE was done. **Results.** PCR was positive for any organism in 64% of them, and 36% presented coinfections (23% two pathogens). The highest infection rate was observed for *Mycoplasma* spp., 33%, followed by *Dirofilaria* spp. and *Hepatozoon* spp., 28%, *Babesia* spp., 15%, and *Ehrlichia* spp. and *Anaplasma* spp., 6%. In those isolates sequenced the following pathogens were identified: *Hepatozoon canis* (9%), *Babesia canis vogeli* (6%), *Hepatozoon* spp (5%), *Candidatus Ehrlichia regneryi* (3%), *Babesia canis canis* (1%), and *Ehrlichia canis* (1%). Three genus-based phylogenetic trees were developed. **Conclusions.** This study represents a new description of the region, with a confirmed circulation of multiple tick-borne pathogens. No previous studies reported on hemotropic Mycoplasma infection in dogs, and there is a lack of them in Latin America, then is poorly understood in the region. Studies in febrile humans are also deserved.

154. Estudio de diversidad microbiana en muestras de tracto intestinal de paloma doméstica *Columba livia*.

González Flórez N, Cuervo-Soto L, Arenas-Suárez N, Acero V, Universidad Antonio Nariño. Asociación Nacional de Médicos Veterinarios de Colombia. Bogotá. ngonzalez06@uan.edu.co

Introducción. La paloma (*Columba livia*) es una especie sinantrópica e invasora de los entornos urbanos principalmente que eventualmente puede representar un reservorio de diferentes patógenos con potencial zoonótico. El objetivo general fue caracterizar la microbiota presente en el tracto intestinal de la paloma doméstica *C. livia* por metagenómica. **Materiales y métodos.** Se recolectaron muestras de materia fecal de 2 palomas capturadas en una plaza de mercado de Bogotá. Los ejemplares se inspeccionaron para evidenciar lesiones o cualquier signo de enfermedad. Las muestras se cultivaron en medios de cultivo primario y selectivo y se identificaron fenotípicamente. Se aisló el ADN con el Kit Stool DNA isolation (NORGEN) de acuerdo con las instrucciones del proveedor. Las muestras fueron utilizadas para experimentos de diversidad microbiana (Metataxonómica) para bacterias. La secuenciación profunda se realizó en la plataforma MiSeq de Illumina y el análisis de secuencias en el programa MOTHUR y MicrobiomeAnalyst. **Resultados.** El análisis meta taxonómico demostró la presencia de alta diversidad microbiana representada por los géneros *Allorhizobium*, *Neorhizobium*, *Pararhizobium*, *Rhizobium*, *Acetobacter*, *Lactobacillus*, *Enterobacteriaceae*, *Leuconostoc*, *Achromobacter*, *Gluconobacter*, *Burkholderia-Paraburkholderia* y *Tatumella*. Los resultados de las muestras cultivadas e identificadas por pruebas bioquímicas revelaron la presencia de *Escherichia coli* y *Salmonella* sp. Una de las palomas presentó un número alto (87,091) de lecturas de *Mycoplasmataceae* lo cual sugiere un proceso infeccioso. **Conclusiones.** *C. livia* podría hospedar una gran diversidad de patógenos con un alto riesgo de transmisión al humano y otros animales debido a su presencia en centros de almacenamiento y comercialización de alimentos.

155. Evaluación de la competencia vectorial de *Aedes aegypti* (Linnaeus, 1762) y *Aedes albopictus* (Skuse, 1894) del nororiente de Colombia, infectados con ZIKV.

Cepeda-Olave N, Herrera-Claros D, Vélez-Bernal I, Martínez-Gutiérrez M. Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA: Universidad Cooperativa de Colombia. Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales PECET, Grupo de Investigación en Microbiología Veterinaria: Universidad de Antioquia. Medellín. neecepeda@gmail.com

Introducción. La emergencia del virus Zika (ZIKV) en América generó una epidemia de gran impacto para la salud pública. Sin embargo, la capacidad intrínseca de mosquitos vectores para infectarse y transmitirlo continua sin ser analizada con detalle en países endémicos como Colombia. Por ello, este estudio evalúa la competencia vectorial de poblaciones colombianas de *Aedes aegypti* y *Aedes albopictus* frente a la infección con ZIKV. **Materiales y métodos.** Los mosquitos *Aedes aegypti*/WT y *Aedes albopictus*/WT fueron expuestos a retos orales, ofreciendo una mezcla sanguínea con 1×10^7 copias genómicas/mL. La infección se evaluó en cuerpos; y la diseminación y potencial transmisión en cabeza y salivas, respectivamente (previo cultivo en células Vero). Las evaluaciones se hicieron a los 3, 7, 14 y 21 días post reto (dpr) mediante RT-qPCR a partir de RNA extraído de tejidos o sobrenadantes de cultivo. **Resultados.** Las dos especies fueron susceptibles a la infección con ZIKV. Se evidenció mayor diseminación viral entre los 3dpr y 14dpr en *Aedes aegypti*/WT (1×10^6 copias genómicas/mL) en comparación con *Aedes albopictus*/WT (6×10^3 copias genómicas/mL). A los 21dpr se observó incremento en la replicación viral en *Aedes albopictus*/WT (3×10^7 copias genómicas/mL). En saliva, fue detectada partícula viral infecciosa a partir del 7dpr en *Aedes aegypti*/WT, mientras que en *Aedes albopictus*/WT, fue detectada a partir del 3dpr, las cuales disminuyen progresivamente. **Conclusiones.** Se demuestra competencia vectorial de las especies evaluadas, indicando rápida diseminación viral en *Aedes aegypti*/WT, aunque la potencial transmisión es más temprana en *Aedes albopictus*/WT. Financiado por Universidad Cooperativa de Colombia (Proyecto N°2247) y Minciencias Colombia (Convocatoria 771/2016).

PARASITOLOGÍA

156. Identificación y evaluación ex vivo de péptidos de *Toxoplasma gondii* afines a los supertipos HLA-A*02 y HLA-A*24.

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

Introducción. No existe una vacuna para la toxoplasmosis en humanos. La identificación de péptidos inmunogénicos de *T. gondii* con afinidad a alelos HLA-I frecuentes en la población es una estrategia promisoría. El objetivo fue identificar y evaluar ex vivo péptidos de *T. gondii* afines a 2 supertipos HLA-I en PBMCs de individuos con toxoplasmosis. **Materiales y métodos.** Se desarrolló una estrategia *in silico* empleando redes neuronales artificiales para seleccionar péptidos afines al HLA-A*02/HLA-A*24, partiendo de 7 proteomas de *T. gondii* y datos de transcriptómica. Se tipificó el HLA-I por PCR-convencional en 50 individuos seronegativos y seropositivos para toxoplasmosis que asistían al CIBM de la Universidad del Quindío. Se realizaron ensayos ex-vivo en PBMCs de individuos seropositivos para evaluar la citotoxicidad de 3 péptidos seleccionados para el A*02 y 3 para el A*24 (5-80 $\mu\text{g/mL}$), empleando resazurina. Se evaluó respuesta de IFN- γ estimulada por los péptidos (10 $\mu\text{g/mL}$) en PBMCs de individuos A*02+/A*24+ mediante ELISA-comercial. Se usó Mann-Whitney-U-Test para analizar los datos. Un $p \leq 0.05$ indicó diferencias estadísticamente significativas. **Resultados.** Se identificaron 28 péptidos con afinidad hacia HLA-A*02/HLA-A*24. Los péptidos evaluados incrementaron significativamente el porcentaje de actividad metabólica de las PBMCs en concentraciones de 40-80 $\mu\text{g/mL}$ ($p < 0.05$). La respuesta de IFN- γ estimulada por los péptidos restringidos al A*02 fue muy variable entre individuos, y no se encontraron diferencias en el IFN- γ estimulado por péptidos del A*24 vs. los controles. **Conclusiones.** Se identificaron 28 péptidos para el HLA-A*02/HLA-A*24, se han evaluado 6 que activan el metabolismo de las PBMCs, pero requieren mayor estudio de la respuesta inmune que generan.

157. Caracterización genética de aislados de *Plasmodium falciparum* procedentes de Quibdó-Colombia, 2018.

Guerra-Vega A, Olivera M, Cortés L, Chenet S, Macedo-De Oliveira A, Lucchi N. Instituto Nacional de Salud. Instituto de Enfermedades Tropicales: Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas. Malaria Branch, Division of Parasitic Diseases And Malaria, Center For Global Health: CDC. Bogotá.
aguerra@ins.gov.co

Introducción. Para complementar los enfoques tradicionales de vigilancia, se usan herramientas moleculares como la genotipificación. Nuestro objetivo fue evaluar tanto la diversidad genética de *Plasmodium falciparum*, como la

presencia de polimorfismos en genes asociados con resistencia a cloroquina y sulfadoxina-pirimetamina. **Materiales y métodos.** En 85 muestras de pacientes con malaria no complicada se evaluó la diversidad genética utilizando 7 microsátelites neutros (NMS) (C2M34, C3M69, Poly α , TA1, TA109, 2490 y PfPK2) y se construyeron genotipos multilocus NMS (MMG). También se evaluó la presencia de mutaciones en los genes *pfcr* (codones 72-76), *pfdfhr* (codones 51, 59, 108 y 164) y *pfhdhps* (codones 436, 437, 540 y 581) mediante secuenciación Sanger. **Resultados.** El bajo número de alelos por locus y la heterocigosidad media esperada (0,17) mostraron una diversidad genética reducida. Se identificaron 9 MMG y de éstos, 3 (77%) coincidieron con la variante 1 del linaje clonal E reportada previamente en el noroeste colombiano. Todos los aislamientos presentaron alelos mutantes en K76T y N75E para *pfcr*, y en N51I y S108N para *pfdfhr*, mientras que para *pfhdhps*, las mutaciones se observaron solo en el codón A437G (32/73, 43,8%). **Conclusiones.** Una reducción progresiva en el nivel de diversidad genética se ha venido produciendo en cepas de *P. falciparum* en Quibdó, así como una disminución en la frecuencia de infecciones múltiples. Estos hallazgos sugieren que la población circulante de *P. falciparum* tiene una composición más clonal que antes. La vigilancia de polimorfismos en genes diana asociados con resistencia a antimaláricos es importante para conocer el estado actual de resistencia.

158. Respuesta inmune de citocinas y quimiocinas en pacientes hospitalizados por malaria por *Plasmodium vivax*, Córdoba-Colombia.

Yasnot-Acosta M, Velasco-Pareja M, Chams-Chams L. Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba: Universidad de Córdoba. Montería.
myasnot@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. El propósito de este estudio fue determinar el comportamiento de citocinas pro/anti-inflamatorias y quimiocinas en pacientes hospitalizados con malaria por *Plasmodium vivax*. **Materiales y métodos.** Se realizó un seguimiento de 18 pacientes hospitalizados en el Hospital San Jerónimo de Montería con mono infección por *P. vivax*. Se tomaron muestras el día 1 y 3 de hospitalización. Se determinó la concentración plasmática de citocinas (IL-4, IL-2, IL-1B, TNF α , IL-17A, IL-6, IFN γ , IL-12p70, IL-10, TGF- β 1) y quimiocinas (IP-10, MCP-1, IL-8) mediante la técnica de citometría de flujo. **Resultados.** La parasitemia osciló entre 500 y 10.000 parásitos/ul. Los pacientes mostraron al día 1, anemia leve (66,6%) y moderada (22%), trombocitopenia en el 94% de los pacientes e hipoglucemia (16%). Al día 3, aumentó la frecuencia de anemia leve a 70,5% y anemia severa (5,8%); el recuento de plaquetas aumentó, pero aun con trombocitopenia. Se observó que la concentración plasmática de citocinas/quimiocinas se encontraba alterada en el día 1 de hospitalización de los pacientes, sin embargo posterior al manejo clínico del paciente, en el día 3, las citocinas/quimiocinas inflamatorias disminuyeron con significancia de ($P = < 0,05$). La IL10 se comportó igual que las citocinas inflamatorias, sin embargo la concentración plasmática del TGF-B, no mostró diferencia entre el día 1 y el día 3, siendo esto correlacionado con los pacientes que permanecieron con anemia y trombocitopenia. **Conclusiones.** Los resultados sugieren que la respuesta inmune de citocinas/quimiocinas de los pacientes con malaria vivax hospitalizados, responden al manejo clínico. El TGF-B parece tener un papel importante en los hallazgos hematológicos encontrados.

159. Evaluación de un método de extracción de ARN, detección por RT-qPCR a partir de oocistos de *Cryptosporidium parvum* y su aplicación en muestras de campo.

Triviño-Valencia J, Rodríguez K, Muñoz D, Lora-Suarez F, Gómez-Marín J. Universidad Autónoma de Manizales. Universidad del Quindío. Manizales.
jessica.valenciat@autonoma.edu.co

Introducción. Las infecciones intestinales de origen hídrico por parásitos constituyen una de las causas más frecuentes de enfermedad en los seres humanos. *Cryptosporidium* es un protozoario de importancia en la salud pública en todo el mundo. Métodos utilizados para determinar la viabilidad *Cryptosporidium* es el bioensayo. Sin embargo, estos solo proporcionan evaluaciones cualitativas, dispendiosas y de alto costo. Por lo tanto, es necesario nuevos métodos asequibles para el monitoreo de este protozoario en muestras de aguas. **Materiales y métodos.** Se evaluaron diversos protocolos para la extracción de ARN. El límite de detección de la RT-qPCR de un solo paso se determinó mediante diferentes concentraciones de oocistos de *C. parvum*. Este método se aplicó en muestras de agua recolectadas. La especificidad se

determinó mediante el uso de ARN de diferentes protozoos. **Resultados.** El mejor método de extracción de ARN de los oocistos fue la lisis mecánica. El límite de detección por RT-qPCR fue de 17 formas parasitarias, no se observó reacción cruzada frente otros parásitos evaluados. La aplicabilidad del método se realizó en muestras de agua tomadas en una planta de tratamiento del departamento del Quindío. **Conclusiones.** A pesar de que la técnica RT-qPCR funciona correctamente, no se logró ningún amplificado en las muestras de agua evaluadas. Los ensayos de RT-qPCR son útiles para evaluar y monitorear la viabilidad de oocisto de *Cryptosporidium parvum* en agua. Sin embargo, el bajo número de células presentes en las matrices ambientales como presencia de materia orgánica podían intervenir en la amplificación.

160. Detección de especies de *Cryptosporidium* en muestras de alimentos, superficies y heces de niños en edad escolar en la ciudad de Armenia.

Hernández Arango N, Lora-Suárez F, Gómez-Marín J. Universidad del Quindío. Armenia.
nmhernandez@uniquindio.edu.co

Introducción. *Cryptosporidium spp.* es un protozoo intracelular que ocasiona cuadros diarreicos en pacientes sintomáticos. Se transmite de persona a persona, por contacto con animales infectados, agua para consumo humano, piscinas o alimentos contaminados. Se evaluó la prevalencia de especies de *Cryptosporidium* y los factores de riesgo asociados con la criptosporidiosis en niños de 4 a 10 años en diez restaurantes escolares de Armenia. **Materiales y métodos.** Se recolectaron 183 muestras de agua, alimentos, superficies y 187 muestras de heces de niños entre 4 y 10 años. Se realizó análisis microscópico y PCR anidada para los marcadores gp60 y ADNr 18S. Las muestras positivas fueron secuenciadas. Para analizar la asociación entre las variables, se llevó a cabo un X2 test de Fischer y ODDs ratio. Se tomó como valor de referencia un $p < 0,05$. **Resultados.** Se encontró una prevalencia de *Cryptosporidium spp.*, entre el 2,18% - 3,4% en los restaurantes escolares y entre 7,10%-10,92% en las muestras de los menores. Se identificó que, el contacto con animales (OR= 5,41 $p=0,032$) y lavar los vegetales con agua cruda (OR= 7,05 $p=0,027$), pueden aumentar la exposición al parásito, mientras que lavar frutas y verduras con agua hervida (OR= 0,17 $p=0,004$), puede disminuir significativamente el riesgo de infección. **Conclusiones.** Se detectó el ADN *Cryptosporidium*, entre el 2,18% y el 4,37% de las muestras de restaurantes escolares y en el 7,10% al 10,92% de las heces. Identificando *C. parvum*, *C. hominis* y *C. meleagridis*. Se identificaron los factores de riesgo asociados a la criptosporidiosis.

161. *Cryptosporidium sp.* en menores de 15 años que acuden por enfermedad diarreaica aguda a una institución hospitalaria en Colombia.

Nati-Castillo H, Gómez-Marín J, Cabeza-Acevedo N, Fama-Pereira M, Montes-Orobio D, Triviño-Valencia J, Cortés-Montoya M, Orozco-Cano A, Amaya-Amézquita F, Girón S, Caicedo Olaya J. Universidad del Quindío. Hospital San Juan De Dios. Armenia.
hanatic@uqvirtual.edu.co

Introducción. La criptosporidiosis es la segunda causa de muerte por diarrea en el mundo. En Colombia no conocemos su frecuencia pues su diagnóstico requiere pruebas moleculares o realizar tinciones especiales. El objetivo del presente trabajo fue determinar la prevalencia de infección por *Cryptosporidium sp.* en menores de 15 años sintomáticos en un hospital de tercer nivel, realizar su caracterización clínica y conocer los factores de riesgo asociados. **Materiales y métodos.** Estudio de corte transversal, en menores de 15 años que acudieron por enfermedad diarreaica aguda, al servicio de urgencias, entre el primero de marzo y el treinta de junio de 2022. Se calculó una muestra probabilística de 150 participantes y se realizó tinción Ziehl-Neelsen modificada con lectura por dos microbiólogos. **Resultados.** Se han recolectado 122 muestras, 61% (n=75) masculinos, en su mayoría de régimen contributivo 50,8% (n=62), el 96% (n=118) residentes de zona urbana. Al presente se cuentan con resultados de 20 muestras de las cuales se encontraron dos positivas en la coloración de Ziehl Neelsen modificada para *Cryptosporidium spp.* Estos casos presentaban diarrea con evolución menor a 5 días, y características macroscópicas de heces sin evidencia de moco, ni sangre y como síntoma asociado fiebre y dolor abdominal. Un niño fue hospitalizado por síndrome ileo secundario a trastorno hidroelectrolítico. **Conclusiones.** Se presentarán resultados finales durante el encuentro. Estos dos casos no habían sido identificados con las pruebas que se realizan de rutina en el servicio de urgencias de pediatría.

162. Evaluación del efecto de nanopartículas de plata como un método alternativo para la inactivación de *Cryptosporidium parvum* en muestras de Agua.

Triviño-Valencia J, Cuellar-Gil J, Moscoso-Londoño O, Londoño-Calderón C, López Salguero J, Rodríguez-Rendón M, Naranjo C, Lora-Suarez F, Muñoz G, Triviño-Valencia J. Universidad Autónoma De Manizales, Universidad del Quindío. Manizales.
jessica.valenciat@autonoma.edu.co

Introducción. *Cryptosporidium* es un protozoo de gran impacto médico y veterinario. Se le vincula con un gran porcentaje de brotes de origen hídrico y su impacto ambiental se relaciona estrechamente con su supervivencia prolongada debido a la alta resistencia que presenta frente a los procesos de tratamiento de agua. Este estudio evalúa los impactos de las nanopartículas de plata frente a este agente causal. Las nanopartículas de plata (AgNPs) han demostrado alto potencial en el campo biomédico en especial como agente antimicrobiano, el uso de estos materiales abre la puerta a nuevos métodos de inactivación de microorganismos de importancia en salud pública. **Materiales y métodos.** Los oocistos de *Cryptosporidium* fueron expuestos a dos concentraciones de nanopartículas de plata (19,28, 16,08 mg/dl) por varios tiempos de contacto. Posteriormente, se evaluó el efecto de las AgNPs por microscopía de inmunofluorescencia y microscopía electrónica de barrido para analizar la cantidad de células, cambios morfológicos y viabilidad del microorganismo. **Resultados.** La concentración de AgNPs a 16,08 mg/dL durante un tiempo de contacto de una hora redujo en un 88% la cantidad de oocistos. Además, se obtuvo una disminución notable en su viabilidad. **Conclusiones.** Se evidenció una disminución significativa en el recuento de los oocistos siendo la concentración de AgNPs a 16,08 mg/dL durante un tiempo de contacto de 30 minutos capaz de reducir el número y afectar la estructura celular de *Cryptosporidium parvum*. Se demostró que para disminuir la viabilidad del protozoo, el tiempo de contacto con las AgNPs debe ser igual o superior 30 minutos.

163. Evaluación *in silico* de la afinidad de 12 moléculas sobre proteínas involucradas en la formación de biopelícula de *Streptococcus mutans*.

Rivera-Quiroga R, Rocha-Roa C, Zapata-Tovar A, Trejos-Pérez V, Martínez-Correa D. Universidad Antonio Nariño. Universidad del Quindío. Armenia.
rriveraquiroga@uan.edu.co

Introducción. Evaluar *In silico* la afinidad de 12 moléculas sobre proteínas involucradas en la formación de biofilm de *Streptococcus mutans*. **Materiales y métodos.** Se realizó un docking molecular con las proteínas GBP-C (Mieher et al., 2018), Esterasa (Deng et al., 2009), GTFs (Ito et al., 2011), Sortasa A (Wallock-Richards et al., 2015) y Ag I/II (Larson et al., 2010) y 12 moléculas pequeñas reportadas previamente por (Rivera et al., 2019). Se identificaron los sitios de unión (COACH-D), posteriormente se realizó el docking molecular y la obtención de los valores de energía libre de unión en kcal/mol (Autodock Vina) y por último, se caracterizaron los tipos de enlaces dados por la proteínas y las moléculas (Biovia). **Resultados.** Se encontró que los mejores compuestos acoplados a la proteína ESTERASA- 2W3Z fue el B. ZINC70686498 (-10), GTFs (3AIB) fueron el H. ZINC34257514 (-10,8), ANTÍGENO I/II (3IPK), el A. ZINC19924939 (-11,4), SORTASA (4TQX), el H. ZINC34257514 (-9,1) y GBPS (5UQZ) el G. ZINC68568370 (-11,5). Adicionalmente, se encontró que el compuesto B. ZINC70686498 se acopla en todas las proteínas evaluadas. **Conclusiones.** Se obtuvieron las pequeñas moléculas mas afines a 5 proteínas de *S. mutans* y una con afinidad a todas, lo cual podría ser un candidato promisorio antibiofilm.

MICOBACTERIAS

164. Vigilancia genómica de *M. tuberculosis* en Caldas. Descripción de un modelo descentralizado de mínimos recursos computacionales.

Hernández-Botero J, Maldonado-Londoño C, Sánchez L, Fernando-Galeano N, Castaño P, Martínez R, Siller-Lopez F, Tovar O. Universidad de Manizales. GRAM. Cenicafe. Universidad de Caldas. BIOS. Universidad Católica de Manizales. Universidad de Santander. Universidad Libre. Manizales.
johanhdz03@gmail.com

Introducción. La secuenciación genómica (WGS) ofrece importantes ventajas para la vigilancia de *M. tuberculosis*: perfil completo de resistencia anti-biótica, mejor capacidad de genotipificación y discriminación de análisis de brotes, entre otras ventajas. En el presente trabajo se describe la implemen-

tación de un flujo de trabajo bioinformático para computadores estándar que permita el análisis genómico de *M. tuberculosis* para la vigilancia de mutaciones relacionadas con resistencia antibiótica y circulación de linajes. **Materiales y métodos.** Se diseñó pipeline propio (WGS-TB-RESISTANCE-GRAM_v.1.8) en un entorno WSL-Ubuntu20, se evaluó la sensibilidad y especificidad en una muestra aleatoria (n=100) del estudio CRyPTIC-2018. Luego, se analizó una muestra aleatoria de colección (n=10) de Caldas (2016-2019) con sospecha de resistencia y una muestra no probabilística (n=6) prospectiva durante vigilancia en Chinchiná (2020). Se estableció linaje y perfiles de resistencia a medicamentos de primera línea-quinolonas así como mutaciones de interés en los genes de linezolid, bedaquilina y delamanid. **Resultados.** Tras evaluación de rendimiento diagnóstico (S>95% y E>95%). Los aislamientos de Caldas, tanto históricos como la muestra de Chinchiná, exhibieron sensibilidad a todos los medicamentos de primera línea por genotipo, salvo un aislado que presentó resistencia fenotípica a rifampicina e isoniacida con genotipo resistente a isoniacida katG_Ser315Thr, rifampicina rpoB_His445Asn y rpoB_Leu452Val, etambutol embB_Met306Val y pirazinamida pncA_Leu172Pro. Todos los genomas corresponden a linaje Euro-Americano. Se proponen formatos de reporte clínico, así como la rutina de interpretación. **Conclusiones.** Se identificaron perfiles completos de susceptibilidad incluyendo mutaciones en genes de resistencia a medicamentos de segunda línea de uso clínico. Es el primer reporte de TB-MDR del Eje-Cafetero por WGS.

165. Factores relacionados al desarrollo de tuberculosis pulmonar en contactos estrechos en un centro penitenciario de Cali-Colombia, 2017-2019.

Mera-Manzanarez E, Niño-Ramírez Y, Luna-Miranda L, Gutiérrez-Aragón V, González-Ramírez J, Ferro-Ramos B, Pacheco-López R. Universidad Libre. Secretaría de Salud de Cali. Universidad ICESI. Jamundí. elianitamera01@hotmail.com

Introducción. El contacto estrecho y la duración de la exposición a casos de tuberculosis (TB) pulmonar activa en cárceles, favorece y perpetua la transmisión del agente etiológico y convierte a estos lugares en reservorios de TB. Objetivo: Identificar factores relacionados con el desarrollo de TB pulmonar en contactos estrechos en un centro penitenciario de Cali-Colombia. **Materiales y métodos.** A través de un estudio descriptivo longitudinal y retrospectivo, se analizaron todos los registros de pacientes con diagnóstico TB pulmonar y todos los registros del estudio de contactos intramurales, proporcionados por el programa del centro penitenciario entre 2017 y 2019. **Resultados.** Se evaluaron 3.448 registros de contactos, de los cuales 129 (3,74%) desarrollaron TB pulmonar, con una mediana de edad 26 años (RIC 23-33). El análisis multivariado mostró como estadísticamente significantes, la edad (OR 0,96; IC95% 0,94-0,99; p=0,008), vivir con VIH (OR 6,50; IC 95% 1,81-23,36; p=0,004), haber sido contacto de más de un caso de TB pulmonar (OR 2,13 IC 95% 1,48-3,07; p<0,001) y el cumplimiento oportuno de la visita de seguimiento (OR 0,45 IC 95%: 0,30-0,68; p=0,002). **Conclusiones.** Los factores relacionados al desarrollo de TB pulmonar fueron vivir con VIH y haber sido contacto de más de un caso de TB pulmonar, lo que evidencia el mayor riesgo de exposición y desarrollo de TB en la población privada de la libertad de este centro penitenciario de Cali. Realizar la visita de seguimiento oportunamente y educar a los contactos es crucial para reducir el riesgo de transmisión.

166. 11.000 años de soledad... en años de vida potencialmente perdidos causados por tuberculosis pulmonar en Cali.

Rivas-Mina A, Lozano-García J, Luna L, Niña Y, Pacheco-López R, Universidad Libre Seccional Cali, Secretaría Distrital de Salud de Santiago de Cali. Universidad ICESI. Santander de Quilichao. adrianam-rivasm@unilibre.edu.co

Introducción. Los años de vida potencialmente perdidos (AVPP) son una medida del impacto de la mortalidad prematura en la sociedad. En Cali, en 2019, las enfermedades transmisibles fueron la quinta causa de AVPP. Con el propósito de medir la carga de enfermedad por tuberculosis (TB) y de orientar las políticas públicas, este estudio describe las características y AVPP de registros de fallecidos por TB pulmonar en Cali, 2009-2020. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo transversal con enfoque analítico con 565 registros del libro de fallecidos por TB pulmonar de la Secretaría Distrital de Salud de Cali. **Resultados.** En total, fueron 11.238 AVPP causador por TB pulmonar. La mayoría de registros de fallecidos fueron hombres (71,5%), la mediana de edad fue 56 años (RI:38-70). El 79,8% de los fallecidos perdió al menos un año de vida. La tasa de AVPP pasó de 22,3 en 2009 a 54,8 por 100.000 habitantes en

2020. Se encontraron diferencias significativas entre la mediana de AVPP de las personas con vulnerabilidades vs. sin vulnerabilidades (28,5 vs. 19,1; [p<0,001]) , al igual que entre el régimen de salud, los no asegurados vs. contributivos (28,1 vs. 6,3; [p<0,001]), entre VIH seropositivos vs. seronegativos (33,7 vs 10,6; [p<0,001]) y entre la condición de reingreso por abandono vs. nuevo (25,4 vs. 16,8; [p<0,001]). **Conclusiones.** El aumento de la tasa de AVPP causado por TB pulmonar en Cali evidencia la necesidad de fortalecer intervenciones enfocadas en población vulnerable, VIH positivos, sin seguridad en salud y aquellos que abandonan el tratamiento.

167. Differential expression of genes involved in Phenolic glycolipid 1 biosynthesis in *Mycobacterium leprae* from recurrent and non-recurrent events during Schwann cell infection.

Chavarro-Portillo B, Soto-Ospina C, Guerrero-Guerrero M. Hospital Universitario Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta. Departamento de Química, Facultad de Ciencias: Universidad Nacional de Colombia. Bogotá. bibi1772@gmail.com

Introduction. Peripheral neuropathy and subsequent disability are the hallmarks of leprosy, a disease caused by the unique ability of *Mycobacterium leprae* to invade Schwann Cells (SC) or Neuroglial cells of the peripheral nervous system (PNS). The impact of Phenolic glycolipid 1 (PGL-1) biosynthesis, a key molecule for entry into SCs, is currently unknown in *M. leprae* strains causing recurrent disease events during SC infection. In this study, we evaluated the difference in the expression profile of genes involved in PGL-1 synthesis in *M. leprae* in strains associated and not associated with recurrent events during infection of SC cells. **Materials and methods.** The strains of *M. leprae* obtained and purified from patients with a recurrent event and an initial event were used to infect human SCs, until exponential multiplication of *M. leprae* was achieved, during a culture time of 1 to 12 days in which evaluated the expression level of seven genes involved in PGL-1 biosynthesis through qPCR. **Results.** The results showed that the strains of *M. leprae* causing recurrent events increase the levels of the genes evaluated ppsC, ML0126, ML0127, ML0128, ML2346 and others at 7 days post-infection. On the contrary, in the strains from initial events, their expression increased on day 3 post-infection. **Conclusions.** We were able to find that the strains of *M. leprae* causing recurrent events have a decreased metabolism, which is due to the fact that an adaptation process is required prior to the activation of their cellular functions that favor the infective capacity of *M. leprae* during interaction with the SCs.

168. Descifrando el primer paso en la interacción de *Mycobacterium leprae* con la célula de Schwann.

Arenas-Suarez N, Pieffet G, Rocha-Roa C, Guerrero M. Hospital Universitario Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta. Departamento de Física: Universidad de los Andes. GEPAMOL, Facultad de Ciencias de la Salud: Universidad del Quindío. Bogotá. nearenass@unal.edu.co

Introducción. *Mycobacterium leprae* es el agente causal de la enfermedad de Hansen. La invasión de *M. leprae* es mediada por el reconocimiento del glicolípido fenólico-1 (PGL-1) y la laminina-2 (LAMA2) de las células de Schwann humanas. Nuestro objetivo fue analizar la proteína LAMA2 y su posible sitio de unión con el PGL-1 de *M. leprae*. **Materiales y métodos.** Se obtuvo la secuencia de la proteína LAMA2 humana de UNIPROT, de la cual se diseñó un péptido específico utilizando la base de datos de péptidos antimicrobianos (APDB3) basado en parámetros fisicoquímicos para interacciones péptido-lípido antimicrobiano. Se estableció la estructura tridimensional usando el servidor AlphaFold2, se usó el programa AUTODOCK-VINA para analizar el acoplamiento y el programa GROMACS para simulaciones de dinámica molecular. **Resultados.** Se analizaron 52 péptidos derivados de LAMA2 y se obtuvo un péptido de 60 mer. El péptido mapeado comprende cuatro láminas-β y una región de baja estructuración. El péptido presenta una proporción hidrofóbica del 45% con una tercera parte cubriendo la misma superficie. Las simulaciones de dinámica molecular muestran un péptido derivado que es estable en solución acuosa y una flexiblemente el PGL-1. Además, PGL-1 se une preferencialmente por una de las dos caras del péptido predicho y podría actuar como el sitio de unión preferencial de PGL-1. **Conclusiones.** El péptido basado en LAMA2 podría tener el potencial de bloquear específicamente el PGL-1 de *M. leprae*, lo que sugiere que su región preferencial está involucrada en el contacto inicial durante la unión del *M. leprae* a las células de Schwann. Financiación MinCiencias código: 212084368694.

169. Posible mecanismo de captación de lípidos por *Mycobacterium leprae* en la célula hospedera.

Arenas-Suarez N, Rocha-Roa C, Guerrero M. Hospital Universitario Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta. GEPAMOL, Facultad de Ciencias de la Salud: Universidad del Quindío. Bogotá.
nearenass@unal.edu.co

Introducción. *Mycobacterium leprae* se caracteriza por la formación de gotas de lípidos y el secuestro de colesterol como estrategias de persistencia por tiempos prolongados en la célula hospedera. En este proceso se ha asociado a la proteína de unión a heparina (HBHA) como posible factor para captación de lípidos. Nuestro objetivo fue descifrar una interacción entre la hemaglutinina de unión a heparina (HBHA) y la apolipoproteína A-I humana (APOA1). **Materiales y métodos.** Se obtuvieron las secuencias de proteína de HBHA (Q9CB42) y APOA1 (P02647) en UniProtKB y sus respectivas estructuras tridimensionales en AlphaFold. Se realizó una estrategia de ab initio docking proteína-proteína (hetero y homodímero) en los servidores Cluspro, GALAXY y MolProbity. Se analizaron ambas secuencias en la base de datos de Orientaciones de Proteínas de Membrana. **Resultados.** La estructura de HBHA exhibe una estructura en forma de "cinturón" y curvada extendida similar a la descrita en APOA1 con un porcentaje de hélice del 80% (151 residuos) y estructuras al azar del 20% (37 residuos). Se observó una posible interacción entre monómeros de HBHA formando complejos macromoleculares que podrían unir lípidos. Se calculó un valor de docking de 815.910 para la interacción entre el complejo HBHA y APOA1 y una puntuación de MolProbity de 2.7 para el potencial heterodímero. **Conclusiones.** En este estudio se propone que la proteína HBHA de *M. leprae* posiblemente interactúa específicamente con APOA1 para modular el tráfico de lípidos y ajustar su nicho intracelular para una prolongada persistencia en pacientes con lepra. Proyecto financiado por MinCiencias código 212084368694.

170. Rendimiento del GeneXpert MTB/RIF Ultra, en la detección Complejo *Mycobacterium tuberculosis*, en pacientes con sospecha de tuberculosis en el Hospital Pablo Tobón Uribe de la ciudad de Medellín 2020-2021.

Muñoz-Correa B, González-Sánchez Y, Atehortúa-Muñoz S, Duque-Restrepo C. Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia, Hospital Pablo Tobón Uribe. Universidad de Antioquia. Universidad Pontificia Bolivariana. Bello.
bmunnoz@est.colmayor.edu.co

Introducción. El diagnóstico de la tuberculosis se apoya de diferentes pruebas de laboratorio como la PCR; GeneXpert MTB/RIF ultra® permite la detección del complejo *Mycobacterium tuberculosis* (CMTB) y la sensibilidad a rifampicina. Los nuevos lineamientos nacionales priorizan la utilización de la PCR para el diagnóstico de tuberculosis pulmonar y extrapulmonar, por lo cual es relevante evaluar el rendimiento en escenarios clínicos como son los pacientes atendidos en el HPTU en el periodo 2020-2021, utilizando el cultivo en medio líquido MGIT como estándar. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo, pacientes con sospecha de tuberculosis atendidos en el HPTU durante el periodo 2020-2021 a quienes les solicitaron prueba molecular para diagnóstico. Se evaluó la sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo y negativo para GeneXpert MTB/RIF ultra® comparado con el cultivo en medio líquido MGIT. **Resultados.** Se incluyeron 1.391 pacientes con 1.989 muestras, de las cuales en 276 se obtuvo detección del CMTB; 171 (62%) corresponden a muestras pulmonares y 105 (38%) a extrapulmonares. La sensibilidad y especificidad global para GeneXpert MTB/RIF ultra® fue del 94,3% y 94,8% respectivamente, VPP 65,9% y VPN 99,4%. Se detectó resistencia a rifampicina en 4 (1,4%) muestras y en 54 (19,5%) fue no interpretable por trazas. **Conclusiones.** La prueba GeneXpert MTB/RIF ultra® aporta resultados confiables y en corto tiempo, tanto para muestras pulmonares como extrapulmonares, lo cual apoya de manera eficiente el diagnóstico de tuberculosis, pero se debe tener en cuenta la clínica y epidemiología del paciente para su interpretación en especial con resultados de trazas.

171. Asociación genética entre la SNV rs5743810 en el gen *TLR6* y susceptibilidad para lepra en población de Norte de Santander-Colombia.

Acosta-Mora C, Gutiérrez-Castañeda L, Guerrero-Guerrero M. Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta. Fundación Universitaria de Ciencias de la Salud FUCS. Bogotá.
carmen.acostapun@gmail.com

Introducción. La lepra es una patología infecciosa producida por *Mycobacterium leprae*. La presentación clínica y el desenlace de la enfermedad se ha asociado con la respuesta inmune innata del hospedero. Variantes de un solo nucleótido (SNV) en genes de respuesta inmune han mostrado ser un factor de riesgo para desarrollar lepra. Por lo cual, evaluamos la SNV rs5743810 de *TLR6* en una población endémica de Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de casos y controles. Un total de 570 individuos fueron incluidos: 456 controles y 114 casos. Se extrajo DNA a partir de sangre total con EDTA empleando el kit PureLink™ Genomic DNA de ThermoFisher Scientific. La SNV fue identificada mediante qPCR usando sondas Taqman de ThermoFisher Scientific. Las frecuencias alélicas, genotípicas y equilibrio de Hardy-Weinberg (H-W), fue realizado mediante el programa SNPStats® (χ^2 test). Como control de calidad se realizó secuenciación usando muestras aleatorias para verificar los datos obtenidos en la genotipificación por qPCR. **Resultados.** En los datos ajustados por edad se encontró que el genotipo A/G (*TLR6*) incrementa el riesgo de lepra en hombres en el modelo codominante (OR=2,72; CI95%=1,16-6,35, p=0,05) y sobredominante (OR= 2,63; CI95%=1,13-6,10, p=0,019). De igual manera, los genotipos A/G-A/A mostraron ser un factor de riesgo (OR=2,57; CI95%=1,15-5,74, p=0,016) en el modelo dominante. **Conclusiones.** Es importante evaluar otras variantes en este gen y otros genes de respuesta inmune para lepra, en esta población, con el fin de identificar SNV de riesgo para el desarrollo de la enfermedad que expliquen la endemidad en esta población.

INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA**172. Características clínicas de la infección por citomegalovirus en niños receptores de trasplante de precursores hematopoyéticos. Medellín-Colombia.**

Arias-Sánchez A, Builes N, Díaz A, Niño L, Aristizabal B, Trujillo-Honeysberg M, Hospital Pablo Tobón Uribe. Envigado.
alejodiaz81@gmail.com

Introducción. La infección por citomegalovirus (CMV) es frecuente en los receptores de trasplante alogénico de precursores hematopoyéticos (TPH), y se asocia con desenlaces negativos como rechazo del trasplante, daño multiorgánico y muerte. Los datos locales son escasos. El objetivo fue describir las características clínicas de la infección por CMV en nuestro centro. **Materiales y métodos.** Estudio unicéntrico, observacional, retrospectivo. Se incluyeron todos los niños que recibieron TPH. Nuestro hospital usa la estrategia anticipada que incluye la monitorización semanal con carga viral sérica hasta el día +100 y el inicio temprano de antiviral con viremia ≥ 1000 copias/ml o con síntomas de enfermedad por CMV. Se recolectaron datos sobre indicación médica, tipo de trasplante, inmunosupresión recibida, estado serológico de CMV, necesidad y tipo de tratamiento antiviral, y desenlaces clínicos. **Resultados.** Desde 2012 hasta 2019, 104 niños de 7 (3-10) años recibieron TPH. La principal indicación fue leucemia aguda (62%). 83 (80%) niños eran seropositivos para CMV (D+/R+). La infección por CMV ocurrió en 30 (30%) niños en una mediana de 18 (12-34) días post-TPH. La CV inicial fue 3.672 (2.424-12.800) copias/ml. Trece (43%) niños sufrieron afectación de órgano (pulmón n=5, gastrointestinal n=3, hematológico n=3; multiorgánico n=2). Todos recibieron tratamiento antiviral (ganciclovir n=20; valganciclovir n=6; foscarnet n=3; Aciclovir n=1) por una mediana de 17 (14-30) días. Ocho (26%) niños tuvieron recurrencia y cinco (16%) fallecieron. **Conclusiones.** La infección por CMV fue común en nuestro centro y tuvo morbimortalidad importante. Conocer nuestros datos permitirá diseñar mejores estrategias para prevenir esta complicación en nuestros pacientes.

173. Resistencia de aislamientos de *Streptococcus pneumoniae* causantes de enfermedad neumococcica invasiva en 17 hospitales de Colombia.

Leal-Castro A, Camacho-Moreno G, Patiño-Niño J, Moreno-Mejía V, Gutiérrez-Tobar I, Beltrán-Higuera S, Álvarez-Olmos M, Mariño-Drews C, Barrero-Barreto R, Rojas J, Espinoza F, Suarez M, Arango C, López-Medina E, López P, Trujillo M, Coronell W, Ramos N, Montañez A, Pinzón H, Restrepo A. Universidad Nacional de Colombia. HOMI: Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia. Fundación Valle del Lili. Red Neumocolombia. Clínica Infantil Colsubsidio. Clínica Universitaria Colombia. Clínica Pediátrica Colsanitas. Fundación Cardioinfantil-Instituto De Cardiología. Hospital Militar Central. Unidad de Servicios de Salud Santa Clara: Subred Centro Oriente. Hospital Universitario Clínica San Rafael. Fundación Clínica Infantil Club Noel. Universidad Libre Seccional Cali. Fundación Hospital Infantil Universitario de San

José. Hospital Universitario San Vicente Fundación. Hospital El Tunal. Hospital Pablo Tobón Uribe. Centro Médico Imbanaco. Hospital Universitario Del Valle. Hospital Infantil Napoleón Franco Parejo. Los Cobos Medical Center. Bogotá.
vivimarmoreno@hotmail.com

Introducción. La enfermedad neumococcica invasiva (ENI) es una causa de morbimortalidad en niños. Existen aislamientos de *Streptococcus pneumoniae* resistentes a antibióticos usados para tratar ENI, como betalactámicos y macrólidos. se ha observado aumento de la resistencia en Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio de series de casos ambispectivo en pacientes pediátricos admitidos con ENI en diez hospitales de Bogotá 2008-2021, cuatro hospitales de Cali, dos de Medellín y uno de Cartagena en 2017-2021, se obtuvo información del serotipo y resistencia. **Resultados.** En total se registraron 739 casos de ENI, se obtuvo información del perfil de susceptibilidad en 581(78,6%) aislamientos no meningeos (NM) y 68(9,2%) meningeos(M). En NM se incrementó la resistencia a penicilina de 9,4% (13/138) en 2008-2011 a 19,7% (19/96) en 2012-2014 y 22,1% (77/347) en 2015-2021, la resistencia a ceftriaxone fue 1,4% (2/138) en 2008-2011; 1,04% (1/96) en 2012-2014 a 9,2% (32/347) en 2015-2021. En M se observó 20% de resistencia a penicilina, 4,5% de resistencia a ceftriaxona y 4,5% de sensibilidad intermedia. La resistencia a macrólidos fue de 33,9%, a clindamicina de 24,7% y a Trimetoprim sulfá 30%. Todos los aislamientos fueron sensibles a vancomicina. Solo el 40% de los aislamientos fueron sensibles a todos los antibióticos, el 9% fueron multiresistentes. El serotipo que presento mayor resistencia a penicilina fue 19A(24,4%), este serotipo se asoció a multiresistencia. **Conclusiones.** Se observa un aumento en la resistencia a penicilina y ceftriaxona durante el período de estudio asociado con la emergencia de *Streptococcus pneumoniae* serotipo 19A multiresistente.

174. Caracterización clínica y microbiológica de la enfermedad neumococcica invasora en la población pediátrica por el serogrupo 6 durante el período 2008-2021 en Colombia.

Patiño-Niño J, Restrepo A, Camacho-Moreno G, Leal-Castro A, Moreno-Mejía V, Gutiérrez-Tobar I, Beltrán-Higuera S, Mariño-Drews C, Álvarez-Olmos M, Barrero-Barreto R, Rojas J, Espinosa F, Arango C, Suarez M, López-Medina E, López P, Coronell W, Pinzón H, Ramos N, Montañez A, Trujillo M. Fundación Valle del Lili. HOMI: Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia. Universidad Nacional de Colombia. Red Neumocolombia. Clínica Infantil Colsubsidio. Clínica Universitaria Colombia. Clínica Pediátrica Colsanitas. Fundación Cardioinfantil-Instituto de Cardiología. Hospital Militar Central. Hospital Universitario Clínica San Rafael. Unidad de Servicios de Salud Santa Clara. Fundación Clínica Infantil Club Noel. Fundación Hospital Infantil Universitario de San José. Hospital Universitario San Vicente Fundación. Unidad de Servicios de Salud Tunal. Hospital Pablo Tobón Uribe. Centro Médico Imbanaco. Hospital Universitario Del Valle. Hospital Infantil Napoleón Franco Parejo. Los Cobos Medical Center. Bogotá.
vivimarmoreno@hotmail.com

Introducción. La enfermedad neumococcica invasora(ENI) ha disminuido luego de la aplicación de vacunas conjugadas en <5 años, se observa un recambio de serotipos. En Colombia se aplica desde 2012 PCV10 que contiene el serotipo 6B. No existe descripción del serogrupo 6 como causa de ENI en el país. El objetivo es caracterizar la ENI en población pediátrica por serogrupo 6 en el periodo de 2008 a 2021 en 17 hospitales de Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo tipo serie de casos, en menores de 18 años, con aislamientos invasores por serogrupo 6 de *S. pneumoniae*, desde 2008-2021. Se dividieron en 3 periodos I(2008-2011), II(2012-2015) y III(2016-2021) **Resultados.** De 739 pacientes con ENI, 471(64%) fueron serotipificados, 47(9,9%) por serogrupo 6; por serotipo 6A 17(3,6%), 6B 16(3,3%) y 6C 16(3,3%). 32(68%) son varones. El serotipo 6B cayó de 12 casos en el período I a 2 en el período III. El serotipo 6A aumentó de 2 en el período I, a 6 y 9 en el II y III periodo. El serotipo 6C aparece con 2 casos a partir del II periodo y aumenta hasta 14 en el III periodo. La estancia en UCIP fue mayor por serotipo 6C(66,7%). La neumonía fue el diagnóstico más común 23(51,1%); la resistencia a penicilina fue (10,6%) y la letalidad fue (10,6%). **Conclusiones.** La vacunación con PCV10 en Colombia, ha disminuido la frecuencia de ENI por serotipo 6B, con emergencia de serotipos 6A y 6C. Todos los serotipos se asocian a alta morbilidad y necesidad de estancia en UCI, especialmente el serotipo 6C.

175. Factores de riesgo para bacteriemia por enterobacterias resistentes a carbapenémicos en niños con cáncer o trasplante de progenitores hematopoyéticos.

López J, Hurtado I, Bravo A, Calle J, Díaz A, Cárdenas-Hernández V, Tierradentro-Mora T, Ramírez O, Portilla C, Salcedo J, Dávalos D, Arcila E, Correa A, López-Medina E. Centro De Estudios En Infectología Pediátrica CEIP. Clínica Imbanaco. Grupo Quironsalud. HOMI: Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia. Departamento De Pediatría: Universidad del Valle. Secretaría de Salud Departamental. Universidad del Cauca. Hospital Universitario San José: Popayán. Clínica Nueva: Cali. Departamento de Pediatría: Universidad del Quindío. Hospital General de Medellín. Universidad Nacional de Colombia. Fundación Universitaria Sánitas. Registro Poblacional de Cáncer de Cali. University Of California Davis; Shriners Hospitals For Children Northern California. Departamento Salud Pública: Universidad ICESI. Corporación Universitaria Remington. Facultad de Ciencias Básicas: Universidad Santiago de Cali. Cali.
eduardo.lopez@ceiponline.org

Introducción. No existen modelos de predicción para desarrollar bacteriemias por enterobacterias resistentes a carbapenémicos en niños con cáncer. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva de pacientes <18 años con cáncer y bacteriemia por enterobacterias entre enero 2012 y septiembre 2021. La bacteriemia se clasificó en enterobacterias sensibles (ESC) o resistentes a carbapenémicos (ERC). Se recolectaron datos demográficos y clínicos y se estimó un modelo logístico multivariado para identificar los factores asociados a ERC y generar un modelo predictivo. Se realizó un proceso de validación interna del modelo utilizando la metodología Bootstrap con 1000 submuestras. **Resultados.** Documentamos 287 bacteriemias (52% en hombres, edad promedio 9 años), la mayoría causadas por *Escherichia coli* (46%), *Klebsiella* (38%) y *Enterobacter* (11%). El 15,7% de las bacteriemias fueron causadas por ERC. Al crear el modelo de predicción, se identificó que el uso de carbapenémicos por 3 o más días en el último mes, y bacteriemias por *Klebsiella* (en comparación con *E. coli*) estaban asociadas con ERC (Odds Ratio 5,56 y 2,73, respectivamente). En los submuestras utilizados en el set de validación, estas variables identificaron correctamente la etiología en el 96% y 76%, respectivamente. La mortalidad fue mayor en bacteriemias por ERC (28,9% vs. 13,2%, p<0,05). **Conclusiones.** En niños con cáncer existe alta frecuencia de bacteriemias causadas por ERC, lo cual se asocia con peores desenlaces. Los factores asociados al desarrollo de estas infecciones se deben considerar para la toma empírica de decisiones. Es urgente implementar estrategias diagnósticas y terapéuticas que reduzcan el uso de antibióticos, especialmente de carbapenémicos en esta población.

176. Reducción de consumo de vancomicina posterior a la implementación de un PROA en pacientes del servicio de uci pediátrica de un centro de alta complejidad.

Patiño-Niño J, Sánchez-González M, Prada-Ríos S, Grijalbaba D, Velasco M, Sandoval-Calle L, Torres-Canchala L, Pérez-Camacho P. Fundación Valle del Lili. Universidad Libre. Cali.
paola.perez.ca1@vvl.org.co

Introducción. Por medio de este estudio se busca, evaluar los cambios con respecto a días de terapia antibiótica, costo y consumo de la vancomicina y resistencia antibiótica, posterior a la implementación del programa de regulación y optimización de uso de antimicrobianos (PROA) en el área de UCI pediátrica (UCIP) de un hospital de alta complejidad. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio retrospectivo analítico. Se incluyeron pacientes menores de 18 años ingresados a la UCIP con diagnóstico de sepsis y/o neumonía que recibieron vancomicina. Se compararon dos periodos de tiempo, enero de 2016 a dic 2017 versus enero 2018 a diciembre de 2019. Se hizo un análisis descriptivo del total de viales consumidos durante cada periodo y este valor se cruzó por el costo unitario de cada vial de vancomicina. Para los aislamientos microbiológicos, se tomaron los datos de la plataforma Whonet. **Resultados.** Durante los periodos de estudio 269 pacientes fueron incluidos. En pacientes menores de 5 años, hubo reducción de 1 día de tratamiento antibiótico en sepsis y 1,5 días en neumonía no complicada posterior a la implementación del PROA. Se redujo un 30% la cantidad de viales solicitados de vancomicina y una disminución de \$ 7.231.757 COP en el costo. No hubo cambios significativos de la frecuencia resistencia bacteriana en infecciones por *S. aureus*. **Conclusiones.** La implementación del PROA puede llevar a la reducción de días de terapia antibiótica y cantidad de viales lo que lleva a mejor atención al paciente, menor riesgo de resistencia antibiótica y menores costos al sistema de salud.

177. Cambios en la distribución de serotipos en la enfermedad neumococcica invasiva en Colombia después de la vacunación masiva con PCV10.

Camacho-Moreno G, Leal-Castro A, Patiño-Niño J, Moreno-Mejía V, Gutiérrez-Tobar I, Beltrán-Higuera S, Álvarez-Olmos M, Mariño-Drews C, Barroero-Barreto R, Rojas J, Espinosa F, Arango C, Suárez M, Trujillo M, López-Medina E, López P, Coronell W, Ramos N, Pinzón H, Montañez A, Restrepo A. HOM: Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia. Universidad Nacional de Colombia. Fundación Valle del Lili. Red Neumocolombia. Clínica Infantil Colsubsidio. Clínica Universitaria Colombia. Clínica Pediátrica Colsanitas. Fundación Cardioinfantil-Instituto de Cardiología. Hospital Militar Central. Unidad de Servicios de Salud Santa Clara: Subred Centro Oriente. Hospital Universitario Clínica San Rafael. Fundación Clínica Infantil Club Noel. Universidad Libre Seccional Cali. Fundación Hospital Infantil Universitario de San José. Hospital Universitario San Vicente Fundación. Unidad de Servicio de Salud Tunal. Hospital Pablo Tobón Uribe. Centro Médico Imbanaco. Hospital Universitario del Valle. Hospital Infantil Napoleón Franco Parejo. Los Cobos Medical Center. Bogotá. vivimarmoreno@hotmail.com

Introducción. La enfermedad neumococcica invasiva (ENI), causa alta morbilidad y mortalidad en menores de 5 años. Colombia administra PCV10 desde 2012. la red Neumocolombia vigila la ENI en pacientes pediátricos de Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio de series de casos de tipo ambispectivo en pacientes pediátricos admitidos con ENI en diez hospitales de Bogotá 2008-2021, cuatro hospitales de Cali, dos de Medellín y uno de Cartagena en 2017-2021, se obtuvo información del serotipo (Spn) y resistencia. **Resultados.** 739 pacientes incluidos, se obtuvo serotipificación en 471 (64%), los serotipos más frecuentes fueron 19A: 127 casos (26,9%), 14: 65 casos (13,85%), 3: 46 casos (9,8%) y 1: 43 casos (9,1%). Se observa disminución de la prevalencia de ENI por serotipo 14 de 35,3% (41/116) en el periodo 2008-2011 a 6,4% (6/93) en 2012-2014 y 6,8% (18/262) en 2015-2021; el serotipo 1 disminuyó la prevalencia de 18,12% (21/116) en 2008-2011 y 19,3% (18/93) en 2012-2014 a 1,5% (4/262) en 2015-2021. Se observa incremento de Spn19A de 4,3% (5/116) en el periodo 2008-2011 a 10,7% (10/93) en 2012-2014 y 43% (112/262) en 2015-2021; el Spn3 de 3,4% (4/116) en 2008-2011 a 11,8% (11/93) en 2012-2014 y 15,8% (31/202) en 2015-2021. **Conclusiones.** Existe disminución de prevalencia de los serotipos 14 y 1 incluidos en PCV10 y emergencia de serotipos 19A y 3, estos hallazgos se consideran cambios sustanciales en la epidemiología de ENI los cuales de acuerdo a la posición de OMS llevaron a la decisión, en abril de 2022, de cambio en el esquema de vacunación, incluyendo una vacuna con protección directa contra estos serotipos.

178. Epidemiología genómica de *Corynebacterium diphtheriae*, Colombia 2018 – 2021.

Montilla-Escudero E, Rojas-Baquero F, Torres Y, Duarte C. Instituto Nacional de Salud. Bogotá. emontilla@ins.gov.co

Introducción. La difteria afecta a países con altas coberturas de vacunación donde se presentan casos esporádicos de infecciones toxigénicas por *Corynebacterium diphtheriae*. El objetivo de este estudio fue describir las características de las cepas toxigénicas (CTox) y no toxigénicas (CNTox) recuperadas en la vigilancia nacional de difteria. **Materiales y métodos.** Durante el periodo de 2018 a 2021 se secuenciaron 11 aislamientos, las librerías se prepararon con Nextera Prep y se analizaron en MiSeq. Los datos crudos se analizaron con Resfinder y se ensamblaron con SPADes para asignación de Secuencia Tipo (ST) <https://bigsdbs.pasteur.fr> y perfil de toxina. El análisis filogenético se realizó con secuencias del NCBI usando el pipeline de *snp_phylogeny* y las CTox se confirmaron por la prueba de Elek. **Resultados.** Cinco CTox colombianas (Sucre, la Guajira y Norte de Santander) provenientes de población no vacunada se agruparon en un cluster dentro de *C. diphtheriae var mitis* con perfil del gen toxina "3" y con ST174 (n=3), ST677 (n=1, ST nuevo), ST584 (n=1), siendo este el único con perfil de resistencia *in silico* a cloranfenicol (cmx) y sulfonamidas (sul1). Seis aislamientos CNTox se agruparon en *C. belfanti* y *C. diphtheriae var mitis* no toxigénicos (Valle del Cauca, Norte de Santander, Bogotá) con nuevos ST aislados de septicemias y endocarditis dos de estos tienen resistencia *in silico* a tetraciclina y otro sulfanoamida. Genéticamente no se identificaron cepas resistentes a penicilinas y macrólidos. **Conclusiones.** Existe circulación de cepas autóctonas causantes de difteria en Colombia como también introducidas de Venezuela (ST174), es importante seguir con la generación de acciones de prevención y control oportunas.

179. Desenlaces clínicos y microbiológicos en niños con meningitis por bacilos Gram negativos. Estudio multicéntrico en Medellín, Colombia.

Manrique-Jaramillo M, Suárez-Osorio N, Mesa-Monsalve J, Vivas-Trochez R, Ortiz-Marín D, Hoyos-Orrego A, Arango-Urrea V, Díaz-Díaz A, Beltrán-Arroyave C. Universidad de Antioquia. Clínica Las Américas. Clínica Soma. IPS Universitaria. Clínica Somer. Hospital General de Medellín. Envigado. misabel.manrique@udea.edu.co

Introducción. Los bacilos Gram negativos han emergido en los últimos años como causa de meningitis en la población pediátrica, principalmente en pacientes con factores de riesgo. La mejor estrategia de tratamiento no se conoce. La evidencia local y nacional es muy escasa. En este estudio, describimos las características clínicas y microbiológicas de niños con meningitis por estos microorganismos tratados en la ciudad de Medellín-Colombia. **Materiales y métodos.** Se obtuvo la información a partir de cultivos positivos en líquido cefalorraquídeo, de pacientes atendidos en las principales instituciones de salud de Medellín entre 2011 al 2020. Se analizaron los desenlaces como la presencia de complicaciones, muerte, mejoría clínica y la curación microbiológica. **Resultados.** Se incluyeron 68 pacientes, la mayoría menores de tres meses (51,5%). Las comorbilidades más frecuentes fueron prematuridad (30,1%), dispositivos intraventriculares (30,1%) y procedimientos en sistema nervioso central (22%). Los principales microorganismos fueron *E. coli* (44%), *Pseudomonas spp.* (19%) y *Klebsiella spp.* (17%). El 75% de los aislamientos fueron multi sensibles a los antibióticos. El tratamiento más frecuentemente utilizado fue monoterapia dirigida (93,4%), principalmente con cefepime (39%); versus la terapia combinada (6,5%). La mayoría de los pacientes presentaron curación clínica (77%) y microbiológica (77%). El 62% tuvo complicaciones predominando hidrocefalia y absceso cerebral. Fallecieron nueve pacientes (13%). **Conclusiones.** Similar a otras series reportadas, la meningitis por bacilos Gram negativos ocurrió principalmente en niños con comorbilidades. El tratamiento dirigido con monoterapia fue el más usado y aunque fue efectivo en la mayoría de los pacientes, La morbimortalidad fue alta.

MEDICINA TROPICAL**180. Efecto de la deforestación en la ocurrencia de malaria en Colombia.**

Colonia C, Pino-Gutiérrez C, Alexander N, Niño-Vásquez L, De La Hoz-Restrepo F. Universidad Nacional de Colombia. CIDEIM - Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas. Bogotá. cbcolonia@unal.edu.co

Introducción. Según el Ministerio de Salud y Protección Social 25 millones de personas están en riesgo de enfermarse o morir por malaria en Colombia. Las actividades humanas como la agricultura, la deforestación y el movimiento humano pueden aumentar el riesgo de contraer esta enfermedad. Nuestro objetivo fue describir el efecto de la deforestación en la ocurrencia de malaria. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio ecológico utilizando datos de malaria obtenidos de SIVIGILA, las variables climáticas de Worldclim y cobertura arbórea del satélite MODIS. Los datos se agregaron anualmente a nivel municipal (1.123 municipios). El periodo de estudio iba del 1 de enero de 2007 al 31 de diciembre de 2018. Se realizó una regresión espaciotemporal Poisson ICAR como método de análisis utilizando el software R-INLA. **Resultados.** El promedio de habitantes en los municipios colombianos fue de 41.805 (rango 247-8.181.047). La altitud promedio osciló entre 1 y 3.350 msnm. Los promedios para las variables climáticas fueron: precipitación 172 mm (rango 29,7-876,6 mm); temperatura mínima 16,5°C (rango 2,5-25,8°C), temperatura máxima 25,9°C (rango 10,1-35,2°C), y cobertura arbórea 32,96% (rango 1,31-83,19%). La incidencia promedio de malaria por 100.000 habitantes fue de 264,7 (rango 0-36.956,1). El análisis de correlación inicial mostró asociaciones positivas y estadísticamente significativas entre la incidencia de malaria y la cubierta arbórea (0,14), la precipitación (0,33) y la temperatura mínima (0,16) y máxima (0,13). Se está procesando el análisis de regresión. **Conclusiones.** El análisis exploratorio muestra asociaciones esperadas con variables ambientales, y el análisis de regresión describirá el alcance de cualquier relación con la deforestación.

181. Asociación de la variante rs3761863 en el gen LRRK2 con susceptibilidad para lepra en una muestra poblacional de Norte de Santander-Colombia. Un estudio de casos y controles.

García-Garay D, Acosta C, Gutiérrez-Castañeda L, Guerrero M, Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta. Bogotá. dkgarcia@unal.edu.co

Introducción. La lepra es una enfermedad granulomatosa crónica causada por *Mycobacterium leprae*. El 1% de los expuestos al microorganismo desarrollan la enfermedad, sin embargo, esta proporción puede variar según la población y por esto se ha propuesto que existe una susceptibilidad genética que permite el desarrollo de la enfermedad. Se han descrito variantes de nucleótido sencillo en el gen LRRK2 (Quinasa con repetición rica en leucina 2) que han sido asociadas con susceptibilidad para lepra. El objetivo fue identificar la existencia de asociación entre la variante rs3761863 y la susceptibilidad para desarrollar la enfermedad. **Materiales y métodos.** Posterior a la firma de consentimiento informado, se extrajeron muestras de sangre periférica de 114 pacientes y 456 sujetos sanos y a partir de esta, se aisló ADN. La genotipificación se realizó mediante la técnica de qPCR-HRM. 10 muestras fueron elegidas al azar para secuenciación por el método de Sanger con el fin de verificar los alelos identificados por qPCR-HRM. **Resultados.** Los alelos fueron encontrados en equilibrio de HW. El genotipo TT en el modelo codominante mostró ser un factor de riesgo para el desarrollo de lepra (OR= 3,80. IC95% 1,05-13,74) y para el modelo recesivo (OR=4,66. IC95% 1,34-16,20). Lo contrario fue observado en el modelo sobredominante, en donde el genotipo C/T mostró ser un factor protector (OR=0,60. IC95% 0,37-0,96). **Conclusiones.** La presencia del alelo T es un factor de riesgo para desarrollar lepra y tener el genotipo C/T (modelo sobredominante) es un factor de protección. Proyecto financiado por MinCiencias código 212084368694

182. Establecimiento de colonias de *Aedes aegypti* y *Aedes albopictus* provenientes del municipio de Pitalito-Huila para estudios entomovirológicos con virus chikungunya.

Herrera-Claros D, Uribe A, Vélez-Bernal I, Martínez-Gutiérrez M. Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA: Universidad Cooperativa de Colombia. World Mosquito Program. Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales PECET, Grupo de Investigación en Microbiología Veterinaria: Universidad de Antioquia. Medellín. dianacarolinaherrera2710@gmail.com

Introducción. El virus chikungunya (CHIKV) es transmitido por *Ae. aegypti* y/o *Ae. albopictus* a nivel mundial. Dicha transmisión es estudiada por la capacidad y la competencia vectorial, las cuales dependen de factores virales y de la susceptibilidad del mosquito. Por tanto, nuestro objetivo fue establecer un modelo de infección y replicación de CHIKV en *Ae. aegypti* y *Ae. albopictus* provenientes del municipio de Pitalito-Huila. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo en el que se establecieron colonias de *Ae. Albopictus* y *Ae. aegypti* del Huila (WT), utilizando como control de la colonia de referencia de *Aedes aegypti*/cepa Rockefeller. Se midieron algunos parámetros del fitness entomológico como supervivencia, fecundidad y preferencia de alimentación sanguínea. Adicionalmente, se hicieron alimentaciones artificiales con Hemotek en hembras con $5,35 \times 10^5$ copias genómicas/mL. A los días 3, 7, y 14 post-alimentación se evaluó CHIKV mediante RT-qPCR. **Resultados.** No se encontraron diferencias entre las tasas de supervivencia, fecundidad, tiempos de oviposición, pero sí entre las tasas de alimentación sanguínea y tiempo de desarrollo larval, siendo mejores las de *Ae. Albopictus*/WT. Se comprobó la susceptibilidad de *Ae. aegypti*/WT y *Ae. albopictus*/WT frente a CHIKV/Col y la eficiente capacidad de replicación de este virus en ambos vectores siendo también mayor en *Ae. albopictus*/WT y con diseminación a otros órganos blancos como intestino y cabeza. **Conclusiones.** Se incrimina a *Ae. albopictus*/WT como vector aparentemente más permisivo a la infección por CHIKV, con características del fitness de alta relevancia (tasa de supervivencia y preferencia de alimentación sanguínea) que lo convierten en una amenaza potencial para el departamento, en la transmisión de este arbovirus.

183. Diagnóstico por laboratorio de brucelosis en la vigilancia de síndromes febriles bacterianos 2021.

Alarcón-Rodríguez Z, Rodríguez-C M, Bello-P S, Montilla-E E, Duarte C, Moreno J. Instituto Nacional de Salud. Bogotá. zalarcon@ins.gov.co

Introducción. La brucelosis es una enfermedad zoonótica. Causa aproximadamente 500.000 nuevos casos al año, en humanos, en el mundo, siendo Sur América considerada región endémica para la infección. Objetivo: Confirmar el diagnóstico de *Brucella spp.* en muestras de pacientes presuntivos de brucelosis en el año 2021. **Materiales y métodos.** Se procesaron muestras de 12 pacientes como parte de la vigilancia nacional por laboratorio de brucelosis: suero (n=6), sangre total (n=3) y medio de transporte bacteriano (n=5). Se utilizaron las

pruebas: rosa de bengala, aglutinación con antígeno tamponado en placa (BPA), seroaglutinación en tubo (SAT), aglutinación con 2-mercaptoetanol (2-ME), cultivo bacteriano, amplificación por PCR en tiempo real (RT-PCR) del gen IS-711, secuenciación del gen 16S rRNA y secuenciación de genoma completo (SGC).

Resultados. Se confirmó el diagnóstico de brucelosis en 8 (66,6%) pacientes, con edades entre 7 a 68 años. Se identificaron anticuerpos anti *Brucella* (*B. abortus*, *B. melitensis*, *B. suis*) en dos pacientes procedentes de Córdoba, en dos muestras de Antioquia y una de Casanare se identificó *Brucella spp.* por RT-PCR, *B. melitensis* se determinó por secuenciación de 16S rRNA en dos muestras de Bogotá y una de Casanare, y *B. abortus* se identificó por SGC en una muestra de Valle del Cauca. **Conclusiones.** En Colombia la brucelosis es una enfermedad de notificación obligatoria y subdiagnosticada debido que no existe un programa de vigilancia. Nuestros resultados demuestran la circulación de *B. melitensis* y *B. abortus* en varias regiones del país, por lo cual se debe fortalecer el diagnóstico clínico para generar acciones de prevención y control.

184. Epidemiological and clinical features of 2022 first 871 cases of Monkeypox – A pooled analysis.

Bonilla-Aldana D, Rodríguez-Morales A, Ortiz-Martínez Y. Fundación Universitaria Autónoma de las Américas. Universidad Industrial de Santander. Pereira. alfonso.rodriguez@uam.edu.co

Introduction. In 2022 for the first time, cases of Monkeypox outside Africa have been occurring in multiple countries and continents, without a history of travel and with primary human-to-human transmission. This concerning outbreak clearly deserves careful analysis to understand if clinical manifestations and evolution are consistent with previous imported cases in North America and Europe, as well as those reported in endemic African countries. In this study, we collected epidemiological and clinical data on monkeypox from different sources to analyze different variable. **Materials and methods.** Using Systematic Review/Meta-Analysis of pooling methods, we collected data from different sources about the confirmed cases of monkeypox globally reported in 2022, up to June 3, in order to summarize the different epidemiological and clinical variable **Results.** During this period, 939 cases were reported, 871 PCR-confirmed (92,75%). The 7-days rolling average case-number increased from 33 (May 18) to 67 (June 3). On May 31, 2022, 132 were reported. The countries with most cases included United Kingdom (215|24,7%), Spain (189|21,7%), Portugal (143|16,4%), Germany (66|7,6%), and Canada (58|6,7%), among 31 countries. Of the cases, 98% were male, 22% with 20-44 years-old, 11% 30-59. In 49 (5,6%) genital ulcers were reported, other findings included rash, fever, myalgia, fatigue, headache. A total of 56 (6,4%) have been hospitalized. No deaths reported. **Conclusions.** This outbreak has affected mainly young men, including MSM, in Europe, with genital ulcers, a mild disease, with a low proportion hospitalized. This early analysis provided a synthesis of the main epidemiological and clinical findings of Monkeypox in the first 871 confirmed cases.

185. Hallazgos inmunológicos de la trombocitopenia en la malaria por *Plasmodium vivax*.

Velasco-Pareja M, Muskus M, Tovar-Acero C, Yasnot-Acosta M. Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba: Universidad de Córdoba. Montería. mariaavelascop@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. *Plasmodium vivax* es el protozoo causal de la malaria con mayor distribución en el mundo, capaz de producir formas complicadas de la enfermedad, siendo la trombocitopenia una complicación frecuente, cuyos mecanismos fisiopatológicos no son claros. El propósito de este estudio fue evaluar el efecto de la infección por *P. vivax* sobre las concentraciones plasmáticas de citoquinas, quemoquinas y autoanticuerpos e identificar su rol en la trombocitopenia asociada a la malaria vivax. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio analítico, transversal, entre octubre de 2017 y marzo de 2019 en el municipio de Tierralta, Córdoba-Colombia. Se incluyeron 142 pacientes con mono infección por *P. vivax* con y sin trombocitopenia y 60 individuos sanos. La cuantificación de citoquinas (IL-2, IL-4, IL-1 β , TNF- α , IL-17A, IL-6, IL-10, INF γ , IL-12p70, y TGF- β 1) y quemoquinas (IP-10, MCP-1 y IL-8), se realizó por citometría de flujo y la autoinmunidad se evaluó con un ELISA contra fosfatidilserina (FS). **Resultados.** 127/142 pacientes desarrollaron trombocitopenia. Se aumentó la concentración plasmática del INF γ , IL-6, MCP-1, IP-10 y anticuerpos anti-FS (P<0,05) únicamente en pacientes trombocitopénicos. La concentración del TGF- β 1 se encontró aumentada en pacientes infectados sin

trombocitopenia ($P < 0,0001$); los anticuerpos anti-FS correlacionaron negativamente con recuentos plaquetarios ($P < 0,05$). **Conclusiones.** Los resultados sugieren que la trombocitopenia en la malaria puede generarse por fagocitosis potenciada por la inflamación causada por el INF γ , MCP-1 e IP-10 y por la opsonización de autoanticuerpos anti-FS potencializados por la IL-6 desencadenando la destrucción de plaquetas, por la fagocitosis o por el complemento. Se sugiere un efecto antiinflamatorio eficaz del TGF- β 1.

186. Detección del gen *SubAB* codificante de la citotoxina Subtilasa y evaluación de la citotoxicidad de cepas de *Escherichia coli* verotoxigénico no-O157:H7.

López-López K, Becerra-Londoño M, Castaño-Osorio J, Quiguanás-Guarín E, Granobles-Velandia C. Grupo de Inmunología Molecular GYMOL. Centro de Investigaciones Biomédicas: Universidad del Quindío. Armenia.
esquiguanas@uqvirtual.edu.co

Introducción. *Escherichia coli* verotoxigénico (VTEC) es un patógeno entérico causante de enfermedades severas en el hombre. El ganado bovino es el principal reservorio de VTEC: esta bacteria se caracteriza por la producción de verotoxinas (VT1 y/o VT2) denominadas así por su efecto citotóxico sobre células Vero. Algunas cepas VTEC también producen otra toxina llamada citotoxina subtilasa (*SubAB*) codificada en un megaplásmido de 60 MDa, con actividad citotóxica en células Vero. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto citotóxico de las verotoxinas y detectar el gen de la citotoxina subtilasa en 30 cepas VTEC no-O157:H7 aisladas de bovinos, carne bovina y ambiente ganadero. **Materiales y métodos.** Mediante ensayos en la línea celular Vero (ATCC-CCL-81.4) se evaluó la citotoxicidad de sobrenadantes VTEC con y sin inducción con mitomicina C. La presencia del gen de la citotoxina subtilasa, se evaluó a través de una PCR multiplex que detecta *subAB*, *vt1* y *vt2*. **Resultados.** Todos los sobrenadantes VTEC evaluados mostraron efecto citotóxico sobre células Vero, encontrando diferencias en los cultivos inducidos y no inducidos con mitomicina C. Por otro lado, se evidenciaron 9 cepas positivas para *subAB*. En relación con la presencia/ausencia de otros genes codificados por megaplásmidos (*ehxA*, *saa*), se encontraron dos combinaciones: *subAB*+/*ehxA*+/*saa*+ (siete cepas) y *subAB*+/*ehxA*-/*saa*- (dos cepas). Las cepas positivas para *saa* no eran necesariamente positivas para *subAB*. **Conclusiones.** Estos resultados revelan la presencia del gen de la citotoxina subtilasa en aislados VTEC en Colombia y evidencian diferencias en citotoxicidad y variabilidad genética de los megaplásmidos de cepas VTEC.

187. Variación estacional de *Lutzomyia longiflora* (díptera: *psychodidae*) en un foco de leishmaniasis cutánea, Colombia.

Vargas-Durango J, Santamaría E, Muñoz A, Beltrán M, Escobar J. Universidad de la Salle, Instituto Nacional de Salud. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
jennifer981109@gmail.com

Introducción. *Lutzomyia longiflora* se ha identificado en la zona subandina del valle del Magdalena como el más probable vector del agente etiológico de la leishmaniasis cutánea (LC), por lo que es pertinente ampliar el conocimiento acerca de su distribución espacial y temporal para una mejor interpretación de la dinámica de la enfermedad. El objetivo de esta investigación fue establecer la variación en la densidad de adultos de *L. longiflora* en la zona rural del municipio de Campoalegre, Huila. **Materiales y métodos.** Se recolectaron flebotomos en los hábitats de intradomicilio, peridomicilio y extradomicilio (bosque) con trampas CDC entre febrero de 2020 y febrero de 2021, adicionalmente se registraron las variables ambientales (temperatura, humedad y precipitación) con una estación climática ubicada en la zona de estudio. **Resultados.** *L. longiflora* fue la especie dominante con un 98,8% de la abundancia total obtenida, seguido de individuos del subgénero *L. (Helco-cyrtomyia) sp.*, *L. nuneztovari*, y *L. trinidadensis*, además de presentar una estacionalidad marcada evidenciando dos picos de alta abundancia durante el año (febrero y agosto-septiembre). El hábitat con mayor densidad de adultos de *L. longiflora* fue el extradomicilio, seguido del intradomicilio y peridomicilio respectivamente (Kruskal Wallis Chi2: $p < 0,005$). Las variables mejor correlacionadas ($p < 0,005$) con la densidad de adultos de *L. longiflora* fueron de forma negativa la humedad y la precipitación en el hábitat. **Conclusiones.** Las dinámicas poblacionales de *L. longiflora* presentadas en este estudio contribuyen con la descripción de aspectos importantes en su ecología y consecuentemente con la comprensión de la distribución temporal de LC en la zona.

PRESENTACIONES EN POSTER

COVID-19

188. Seroprevalencia en menores de 3 años 2 años después del inicio de la pandemia.

Hurtado I, Pinzón E, Gutiérrez J, Lesmes M. Secretaría de Salud Departamental del Valle del Cauca. Cali.
isahurtado@gmail.com

Introducción. Los menores de edad fueron un grupo con una afección leve dentro de la pandemia, pero fueron transmisores importantes del virus a grupos con mayor vulnerabilidad. Para los menores de 3 años no existe ninguna vacuna aprobada lo que los hace actualmente una de las poblaciones más susceptibles. Además, el bajo número de pruebas en esta población, hace que no se conozca el impacto real de la pandemia en ellos. Se realizó un estudio para determinar la Seroprevalencia de SARS-CoV-2 en niños menores de 3 años, dos años postpandemia en Valle del Cauca-Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo, en tres instituciones de alta complejidad de Santiago de Cali entre de marzo y abril de 2022. De las muestras de sangre total que habían sido tomadas a niños y niñas menores de 3 años que habían consultado por cualquier motivo. Para la evaluación de los anticuerpos se utilizó una prueba inmunocromatográfica (Zhejiang Orient Gene Biotech Co.,Ltd) con una sensibilidad del 87,9% y especificidad del 100% para IgM y sensibilidad del 97,2% y especificidad del 100% para IgG. **Resultados.** Fueron evaluados 1.307 niños, el 53,4% fueron hombres, el 58,6% tenían entre 1 y 2 años de edad y el 9,4% eran menores de 1 mes, 1,3% tenían IgM positiva y 60,5% IgG positiva. **Conclusiones.** Se encontró un número importante de población menor de 3 años afectada por COVID-19, sugiriendo un impacto mayor al evidenciado por los sistemas de vigilancia concluyendo que este tipo de estudios aportan a la información recolectada de manera rutinaria.

189. Diferencias de riesgo para COVID-19 entre trabajadores de la salud asistenciales y trabajadores administrativos: impacto de la vacunación.

Rosso F, Prada-Ríos S, Albornoz-Tovar L, Zapata-Vásquez I, Torres-Canchala L, Tafur-Ruiz E, Llanos-Torres J, Muñoz-Lombo J. Servicio de Infectología, Departamento de Medicina Interna, Centro de Investigaciones Clínicas, Departamento de Patología y Laboratorio: Fundación Valle del Lili. Departamento de Medicina Interna, Departamento de Infectología, Facultad de Ciencias de la Salud: Universidad ICESI. Cali.
frosso07@gmail.com

Introducción. El riesgo de COVID-19 entre trabajadores de la salud asistenciales y administrativos no está bien caracterizado. El objetivo fue comparar las tasas de incidencia durante la pandemia entre trabajadores de la salud y trabajadores administrativos. **Materiales y métodos.** Estudio prospectivo que comparó trabajadores de la salud y administrativos de un hospital de cuarto nivel en Cali. Se evaluó la seroprevalencia contra el SARS-CoV-2 entre el 6 de marzo de 2020 al 28 de febrero de 2022. El estudio se desarrolló en tres fases de acuerdo a las olas de infección en Colombia, midiendo los anticuerpos antinucleocápside y anti spike. Para el análisis se incluyó información de vacunación de los empleados. **Resultados.** Se analizaron 480 participantes, 60,6% asistenciales y 39,4% administrativos. Previo a la vacunación, la seroprevalencia fue 49,1% en los trabajadores asistenciales frente al 27,5% de los trabajadores administrativos ($p < 0,001$). La tasa de incidencia total fue 31,4/1000 personas-mes, siendo mayor en los trabajadores asistenciales (40,7 vs. 19,8, $p < 0,001$). Después de la vacunación, el número de casos nuevos disminuyó, siendo mayor en los asistenciales (12,8% vs. 9,2%, $p = 0,1605$). Desde la vacunación, el 93,6% tenían anti-S positivos después de 2 dosis y el 100% los tuvo después de la tercera dosis. **Conclusiones.** Antes de la vacunación, los trabajadores de la salud tenían tasas de infección más altas. Sin embargo, después de la inmunización, la tasa de incidencia en ambos grupos se igualó.

190. ¿Cuánto sabemos de eventos adversos durante la pandemia de COVID-19?: resultados preliminares de un estudio de cohorte en un hospital de alta complejidad en Quito-Ecuador.

Martínez D, Hoyos J, Ruilova M, Vanegas-Múnera J. Escuela de Ciencias de la Salud: Universidad Pontificia Bolivariana. Hospital Vozandes, Quito-Ecuador. Oncólogos de Occidente. Medellín.
johanna.vanegas@upb.edu.co

Introducción. La COVID-19 ha llevado a situaciones que aumentan el riesgo de eventos adversos, como la carga laboral y el cuidado crítico de numerosos pacientes. En este estudio se analizó la frecuencia de eventos adversos (EA) en pacientes con COVID-19 y su efecto en mortalidad, estancia y costos hospitalarios en un hospital de Quito-Ecuador. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte retrospectivo, en el que se incluyeron pacientes adultos y pediátricos con diagnóstico de COVID-19 en el Hospital Vozandes, Quito-Ecuador; durante marzo-2020 y junio-2021. La información clínica y los costos directos fueron obtenidos a partir de las historias clínicas y los registros de facturación. **Resultados.** Se incluyeron 133 pacientes, 97% (n=129) adultos y 50,4% (n=67) hombres. Durante la hospitalización, 16 (12%) pacientes presentaron al menos un EA para un total de 19 eventos, más de la mitad no prevenibles (52,6%, n=10) y predominando infecciones (36,8%, n=7) y úlceras por presión (21,1%, n=4). La mayoría de EA fueron observados en UCI (37,5%, n=6). Los costos hospitalarios fueron mayores en pacientes con EA en comparación con los que no presentaron ningún evento (mediana: \$5.046, RIC:2.659-7.195 vs mediana: \$3.690, RIC:1.190-6.190; respectivamente, p<0,001). De manera similar, la mediana de la estancia hospitalaria fue mayor en los pacientes con EA en comparación con los pacientes sin EA (mediana:6 días, RIC:4-10,3 vs. mediana:5 días, RIC:3-6, p=0,007). Ningún paciente falleció en la hospitalización. **Conclusiones.** Considerando que una pandemia es una situación de crisis en la que se presentan situaciones inciertas, fortalecer la capacidad para gestionar los riesgos en la atención en salud debe ser prioridad.

191. Comportamiento de las enfermedades hepáticas en una cohorte de pacientes colombianos con COVID-19.

Sánchez-Pardo S, Garzón-Orjuela N, Prieto-Ortiz J, Prieto-Ortiz R, Eslava-Schmalbach J. Hospital Universitario San Ignacio. CEHYD. Bogotá. sasanchez21@hotmail.com

Introducción: la infección por coronavirus del síndrome respiratorio agudo grave de tipo 2 (SARS-CoV-2) concentra la mayor atención en el momento. En el hígado es frecuente la elevación asintomática de transaminasas y la afectación hepática varía del 14% al 78%. La evaluación de las comorbilidades hepáticas es escasa, con prevalencias que oscilan entre el 2% y el 11%. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo que analizó el comportamiento de una cohorte de pacientes con enfermedades hepáticas que enfermaron por COVID-19. **Resultados.** 543 pacientes enfermaron por COVID-19, de los cuales 300 fueron mujeres (55,3%). La mediana de edad al diagnóstico de la enfermedad hepática fue de 52 años. Las principales causas de las hepatopatías fueron esteatohepatitis no alcohólica (49,5%), enfermedad colestásica (7,7%), virus de la hepatitis C y B (6,3%). La alanina-aminotransferasa (ALT) presentó una mediana de 52 U/L (rango intercuartílico [RIC]: 30-98) y aspartato-aminotransferasa (AST) 32 U/L (RIC: 23- 62). La mortalidad por la infección viral fue del 5,7% con una tasa de incidencia de 2,9 (intervalo de confianza [IC] 95%: 2-4,2) **Conclusiones.** es un estudio de carácter retrospectivo; sin embargo, hasta la elaboración del manuscrito es la primera cohorte en Colombia en describir el comportamiento de las enfermedades hepáticas en pacientes que enferman de COVID-19. No se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre las causas de hepatopatía que confieran un mayor riesgo de mortalidad. Sin embargo, tener una descompensación de cirrosis es la única condición que tiene una relación con la mortalidad.

192. Descripción de Neumonía Asociada a Ventilación Mecánica (NAVM) en pacientes con COVID-19: experiencia en un hospital de 4to nivel en Bogotá-Colombia.

Gualtero-Trujillo S, Valderrama-Beltrán S, Mackenzie-Martínez S, Hernández-Garzón S, Linares-Miranda C, Sastoque-Ávila Y, González-Rubio A, Roa-Duarte O. Hospital Universitario San Ignacio. Bogotá. mackhakim@gmail.com

Introducción. Los pacientes con COVID-19 presentan múltiples factores de riesgo para NAVM incluyendo una posible disbiosis pulmonar, que lleva a un incremento en la incidencia de esta entidad. A la fecha, la información disponible del comportamiento epidemiológico de la NAVM en este grupo de pacientes es escasa en la literatura. En nuestra institución la tasa de incidencia de NAVM aumentó de 0,6 en 2019 pasando a 6,2, 4,4 y 4,0 por 1.000 días VM en los años 2020-2021-2022. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo observacional que describe las características de los pacientes con NAVM y COVID-19 en UCI adultos, entre marzo del 2020 y marzo del 2022. Se utilizaron los criterios diagnósticos locales de NAVM del INS. **Resultados.** Documenta-

mos 76 casos de NAVM con una edad promedio de 61 años siendo el 77,6% hombres. Las comorbilidades más frecuentes fueron HTA 23,7%, DM 19,7% y Obesidad 14,5%. Los días promedio al desarrollo de NAVM posterior a intubación orotraqueal fue de 8,5 días. El 94,73% con aislamiento microbiológico en SOT, 65,4% de enterobacteriales con 5,47% de resistencia a carbapenémicos, *Staphylococcus aureus* 14,2% (MRSA 25%) y *Pseudomonas aeruginosa* 12,4%. El 22,37% presentó bacteriemia asociada. La media de tratamiento antibiótico fue 7,26 días. Con una mortalidad global de 52,63%. **Conclusiones.** Los pacientes con COVID-19 que desarrollaron NAVM presentaron una alta mortalidad asociada con un predominio de enterobacteriales en los aislamientos microbiológicos, similar a lo reportado en el mundo, pero con una menor proporción de MRSA. Este estudio aporta información del comportamiento de esta entidad en nuestro país.

193. Maximizando la eficiencia en el uso del tiempo y de los recursos en investigación: el rol del biorepositorio de la Fundación Valle del Lili.

Albornoz-Tovar L, Rueda-Bravo D, Caicedo-Holguín I, Prada-Ríos S. Centro de Investigaciones Clínicas, Departamento de Patología y Medicina de Laboratorio: Fundación Valle del Lili. Universidad ICESI. Cali. diana.rueda@fvl.org.co

Introducción. Para muchos, los biorepositorios son el recurso más valioso para la investigación biomédica. Hace más de una década, se predijo que éstos cambiarían al mundo. Los biorepositorios recopilan y almacenan muestras biológicas, y sus datos asociados, de manera ética y óptima para fomentar la investigación clínica. Con el objetivo de transferir eficiencias a la investigación biomédica futura, constituimos un biorepositorio, brindando acceso adecuado, seguro y transparente a bioespecímenes y sus datos asociados, recolectados bajo prácticas estandarizadas que garantizan la generación de datos y material biológico de alta calidad. **Materiales y métodos.** El biorepositorio, partiendo de revisiones sistemáticas de la literatura y benchmarking, adopta las mejores prácticas en torno a protocolos, consentimientos informados, procedimientos estandarizados y personal calificado en la gestión de biobancos. **Resultados.** Tras estructurar la gobernanza, adquirir software especializado (para gestionar datos, equipos y el almacenamiento de muestras), se recibe en 2022 aval del Comité de Ética institucional. Iniciamos operaciones almacenando muestras y datos provenientes de investigaciones de la línea de infectología, a usar en investigación futura sobre COVID-19. **Conclusiones.** Los biorepositorios son una poderosa herramienta para la investigación, optimizando tiempo y recursos invertidos en el reclutamiento y obtención de muestras. Conviene adherir a buenas prácticas y normas internacionales para asegurar procesos, información y bioespecímenes de alta calidad. Es necesaria una normatividad nacional para la apropiada implementación de estos sistemas de almacenamiento en Colombia.

194. Resumen retirado por los autores

195. Susceptibilidad a la infección por SARS-CoV-2/COVID-19, seroprevalencia y uso de EPP en personal asistencial de salud.

Beltrán E, Coronel-Ruiz C, Velandia-Romero M, Romero-Sánchez C, Ávila V, Castellanos-Parra J, Martignon S. ÚNICA – Unidad de Investigación en Caries, Vicerrectoría de Investigaciones, Grupo de Virología, INMUBO - Grupo de Inmunología Celular y Molecular. Universidad El Bosque. Bogotá. elbeltranz@unbosque.edu.co

Introducción. Los trabajadores de atención en salud (TAS) representan la primera línea de defensa frente a la infección por SARS-CoV-2/COVID-19. El objetivo de este estudio es, describir la susceptibilidad a la infección por SARS-CoV-2, la seroprevalencia y el uso de EPP durante la pandemia de COVID-19, en una cohorte de TAS integrada por odontólogos-(OD), auxiliares de enfermería-(AE), médicos-(MD) y terapeutas respiratorios-(TR) en Bogotá-Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio transversal. Aval Ético: UEB-561-2020. TAS de siete instituciones de salud y una educativa, donaron muestra de hisopado nasofaríngeo-(HNF) y de sangre en tres momentos: línea base-LB/seguido 1-(S1)/seguido 2-(S2). Se extrajo el ARN del HNF y el suero de sangre, para detectar el genoma viral por RT-PCR y los anticuerpos IgM/IgG específicos para SARS-CoV-2 por ELFA. Se aplicaron encuestas con variables sociodemográficas, comorbilidades y uso de EPP en los tres tiempos. **Resultados.** Se incluyeron 307 individuos, OD(n=86), AE(n=78), MD (n=76) y TR(n=67). Edad promedio 38,0±10,7 años. Sexo femenino= 79,2%. 82,7% de

los participantes reportó recibir EPP durante LB y S1, y 89,18% en S2. 15,3% no disponía de N95 y 4,5% recibía un respirador N95/semana. 50% percibió alta susceptibilidad de infección en el entorno laboral y 10,9% se sintió incapaz de controlar dicha susceptibilidad. Infección actual/reciente=2,6% en LB; 14,5% en S1 y 3,58% en S2 de los TAS. Se observó aumento en el porcentaje de muestras IgG(+) (LB: 80,4%, S2: 97,7%; $p<0,05$), y disminución en niveles de anticuerpos (LB: 360.5 ± 299.6 , S2: 323.7 ± 228.6 ; $p<0,05$). **Conclusiones.** Los TAS presentaron baja frecuencia de infecciones por SARS-CoV-2, y características diferenciales en hábitos y susceptibilidad por profesión.

196. Factores predictores del tiempo hasta la muerte en pacientes con COVID-19, en una clínica de alto nivel de complejidad, Medellín-Colombia.

Galvis-Ayala J, Ramírez-Briñez F, Villa J, Ortiz M, Sánchez S, Muñoz O, Velásquez E, Botero E, Escobar L, Robledo-Restrepo C, Robledo-Restrepo J. Laboratorio Médico de Referencia. Clínica El Rosario. Medellín.
julian.galvis.labmedico@gmail.com

Introducción. El objetivo del presente estudio es identificar factores predictores del tiempo hasta la muerte en pacientes con COVID-19 atendidos en una clínica de alto nivel de complejidad en la ciudad de Medellín-Colombia, durante el 2020 y 2021. **Materiales y métodos.** Estudio observacional analítico retrospectivo de una cohorte de pacientes hospitalizados por COVID-19 en una clínica de alto nivel de complejidad en la ciudad de Medellín-Colombia, durante el 2020-2021. No se realizó el cálculo del tamaño muestral, debido a que se evaluó al total de la población que cumplió con los criterios de elegibilidad en el período de tiempo establecido. El desenlace principal evaluado fue el tiempo desde el inicio de síntomas hasta el alta o muerte. **Resultados.** La letalidad de la enfermedad en nuestra población fue del 11,1%. La mediana para el tiempo de supervivencia fue de 35 días. Algunas variables como la concentración sérica de creatinina HR=2,99 (IC 95%, 1,64-5,42) y la clasificación del síndrome de dificultad respiratoria (SDRA) HR=2,28 (IC 95%, 1,22-4,25), La presencia de comorbilidades como EPOC HR=6,26 (IC 95%, 3,30-11,85) y enfermedades cardiovasculares HR= 3,29 (IC 95%, 1,82-5,96) y el tiempo desde el inicio de síntomas HR=1,92 (IC 95% 1,16-3,16), son factores pronósticos de la mortalidad. **Conclusiones.** La letalidad de la enfermedad puede variar de acuerdo a características particulares de la población. Adicionalmente, existen algunas variables demográficas, clínicas, epidemiológicas y hallazgos de laboratorio que pueden tener un valor pronóstico en la progresión de la enfermedad.

197. Desenlaces en pacientes hospitalizados con COVID-19 y tromboembolismo pulmonar de tres hospitales de Bogotá, Un estudio descriptivo.

Bocanegra-Díaz D, Moreno-Ramírez C, Sáenz-Morales O. Universidad El Bosque. Hospital Santa Clara. Bogotá.
dianaska12@hotmail.com

Introducción. La infección por SARS-CoV-2 induce la activación de cascadas inmunotrombóticas desarrollando coagulopatía y eventos tromboembólicos venosos, lo que nos conduce a estudiar las complicaciones de esta asociación: COVID-19 y tromboembolismo pulmonar (TEP). **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, retrospectivo conducido en 3 centros hospitalarios de la ciudad de Bogotá (UMHES: Santa Clara, San Blas y La Victoria) entre enero y julio de 2021. Pacientes hospitalizados mayores de 18 años con TEP en los primeros 21 días del diagnóstico de COVID-19. Los datos se presentan en forma de medias para las variables cuantitativas y como porcentajes para las variables cualitativas. **Resultados.** Se identificaron 51 casos de pacientes con COVID-19 y TEP entre enero y julio del 2021. El 67% fueron hombres. La edad promedio de 59,1 años y el índice de masa corporal promedio de 28kg/m². Entre los marcadores pronósticos de la enfermedad los resultados promedios fueron: Dímero D: 4459.2 ng/mL, ferritina: 758.7 ng/mL, PCR: 16.1 mg/dL y LDH: 562 U/L. El 100% recibió anticoagulación farmacológica profiláctica. El 54,9% requirió manejo en Unidad de Cuidado Intensivo, de los cuales el 64,3% requirió ventilación mecánica invasiva y el 46,4% soporte vasopresor. El 21% de los pacientes identificados con COVID-19 y TEP falleció. **Conclusiones.** Los pacientes con COVID-19 y TEP concomitante presentan en alta proporción la necesidad de manejo en Unidad de Cuidado Intensivo, ventilación mecánica invasiva y soporte vasopresor. Se requieren estudios que permitan identificar los factores asociados con el desarrollo de esta complicación y medidas efectivas de prevención.

198. Caracterización del espectro clínico de la infección por SARS-CoV-2 en individuos con infección respiratoria aguda grave

Coronel-Ruiz C, Calvo-Tapiero E, Castellar-Mendoza C, Camacho-Ortega S, López-Ibarra L, Bernal-Cepeda L, Calderón-Peláez M, Velandia-Romero M, Delgado-Tiria F, Bohórquez-Ávila S, Gutiérrez-Barbosa H, Arturo J, Franco A, Castellanos-Parra J. Universidad El Bosque. Clínica Meta. Bogotá.
caritocruz@hotmail.com

Introducción. La enfermedad por coronavirus (COVID-19) es producida por SARS-CoV-2, virus altamente transmisible y patógeno, causante de enfermedad respiratoria aguda grave. Las comorbilidades y la respuesta inmune están relacionadas con disfunción, falla de órganos y se asocia con desenlaces fatales. Objetivo: Evaluar características clínicas, epidemiológicas y de laboratorio en adultos con infección respiratoria aguda grave (IRAG), y su asociación con el diagnóstico por SARS-CoV-2. **Materiales y métodos.** Estudio transversal observacional. Se incluyeron 293 pacientes con IRAG entre marzo del 2020 y febrero del 2021 en tres instituciones de salud de Bogotá, Cali y Villavicencio. Se realizó seguimiento clínico, y toma de muestras de secreción respiratoria para el diagnóstico por RT-PCR. **Resultados.** La mediana de edad fue 63 años (RI 46-74), con el 52,9% de género masculino. El 45,4% (n=133) de los individuos presentó desenlace fatal. Se confirmó la infección por SARS-CoV-2 en el 45,1%(n=132). Se identificó que el 55,3% de los individuos positivos presentaban una o más comorbilidades. Los antecedentes de enfermedad cardiovascular, respiratoria y metabólica fueron los más frecuentes n=129, n=32 y n=47. Dentro de las variables de laboratorio analizadas se identificó que el valor de creatinina (38,2%), nitrógeno ureico (68,9%), dímero D (84,8%), y LDH (81,73%) fueron más altos en los individuos con diagnóstico confirmado. La falla respiratoria y falla cardíaca representaron las principales complicaciones (n=117 y n=58). Complicaciones como sepsis, choque y falla multiorgánica se encontraron en mayor frecuencia en los individuos que presentaron desenlace fatal. **Conclusiones.** Los hallazgos identificados demuestran la variabilidad clínica. El estudio identificó una mortalidad alta, respecto a la reportada para este período.

PARASITOLOGÍA

199. Serología forense para anticuerpos anti *Toxoplasma* en muestras de sangre de cadáveres del Instituto Nacional de Medicina Legal de Colombia.

Marulanda-Orozco N, Nessim J, Torres E, Medina J, Hincapie O, Baquero M, Marín J, Gómez-Marín J. Universidad del Quindío. Instituto Nacional de Medicina Legal y Ciencias Forenses. Armenia.
nmarulandao@uqvirtual.edu.co

Introducción. Estudios de seroepidemiología en varios países han encontrado asociación significativa entre presencia de anticuerpos para *Toxoplasma* y aumento en riesgo de suicidio. No existen datos en Colombia sobre esta asociación. El objetivo de este estudio fue evaluar cual método de recolección de la muestra permitía medir anticuerpos para *Toxoplasma* en víctimas de suicidio y reportar la prevalencia de anticuerpos en individuos fallecidos por accidente de tránsito, homicidio y suicidio que llegan al Instituto Nacional de Medicina Legal y Ciencias Forenses (INMLCF). **Materiales y métodos.** Se evaluó primero si era posible medir anticuerpos en papel filtro o en tubos vacutainer. Se tomaron como controles sueros de 15 individuos voluntarios y se comparó la medición de anticuerpos en papel filtro con la misma muestra en Vacutainer, luego de dejar dos días a temperatura ambiente y uno en refrigeración. Se realizó medición de anticuerpos IgG e IgM anti *Toxoplasma* con el estuche VIDAS II de Biomerieux®. **Resultados.** Las muestras de voluntarios fueron negativas en todos los casos con FTA, en cambio conservaron su positividad si se tomaban en tubos Vacutainer. Las muestras forenses se recolectaron entonces con Vacutainer y en ocho muestras de suicidio se encontraron 5 positivas para IgG anti-*Toxoplasma* (62%) y en los casos de homicidio y accidentes de tránsito 3 de 9 (33%) fueron positivas. Todas las muestras fueron negativas para IgM anti-*Toxoplasma*. **Conclusiones.** Se encuentra 62% de seropositividad en los casos de suicidio. Este estudio es financiado por Minciencias Programa Jóvenes Investigadores.

200. Efecto de la malaria complicada por *Plasmodium vivax* sobre la concentración plasmática de fibrinógeno, interleucina-6 y factor de necrosis tumoral-alfa.

Cantero-Guevara M, Yasnot-Acosta M, Velasco-Pareja M, Mass-Fuentes L, Fuentes-Milanés M. Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba, Departamento de Química, Departamento de Bacteriología: Universidad de Córdoba. Montería. cmelengca@gmail.com

Introducción. *Plasmodium vivax* puede causar complicaciones en el paciente e incluso la muerte. El fibrinógeno y algunas citoquinas proinflamatorias juegan un papel importante en la fisiopatología de la malaria. Sin embargo, su significado clínico es incierto. El objetivo fue determinar la concentración plasmática de fibrinógeno, interleucina-6 (IL-6) y factor de necrosis tumoral- α (TNF- α) y su relación con trombocitopenia y parasitemia en pacientes con *P. vivax*. **Materiales y métodos.** Participaron 28 pacientes con malaria complicada, 23 pacientes con malaria no complicada y 25 individuos sanos. Investigación descriptiva y analítica de corte transversal. Zona de estudio: Tierralta, Córdoba-Colombia, en el año 2019. La concentración de fibrinógeno se determinó por ELISA y la concentración de IL-6 y TNF- α por citometría de flujo. La infección se determinó por gota gruesa. **Resultados.** La concentración de fibrinógeno fue mayor en el grupo de pacientes con malaria complicada ($3,3 \pm 3,1$ g/L) en comparación con el grupo de individuos sanos (2 ± 1 g/L) y malaria no complicada ($2,1 \pm 1,2$ g/L). En malaria complicada se observó una correlación directa entre la concentración plasmática de IL-6 y la parasitemia. La correlación entre la concentración de IL-6 y el recuento de plaquetas fue débilmente inversa en malaria no complicada ($r = -0,5$; $p = 0,0006$). La concentración de TNF- α mostró una tendencia a aumentar en pacientes con malaria complicada. **Conclusiones.** Los pacientes con malaria complicada por *Plasmodium vivax*, tienen una mayor concentración de IL-6, lo que promueve un aumento de fibrinógeno, que probablemente produce agregados plaquetarios asociados a trombocitopenia.

201. Evaluación de la respuesta de IFN- γ estimulada por tres péptidos de *Toxoplasma gondii* afines al alelo HLA-B*35 en PBMCs de individuos con toxoplasmosis crónica-asintomática.

Vargas-Montes M, Rosero-Marín V, Palacios-García Y, Reyes-García J, Grajales-Suaza A, Angulo-Camelo N. Universidad del Quindío. Armenia. vrosrom@uqvirtual.edu.co

Introducción. La prevalencia de *Toxoplasma gondii* en humanos y la ausencia de una vacuna, incentiva la búsqueda de candidatos vacunales y uso de péptidos afines a alelos frecuentes como el HLA-B*35 e inducir una respuesta de IFN- γ resulta ser eficiente contra patógenos intracelulares. Nos planteamos cuantificar la respuesta de IFN- γ estimulada por péptidos de *T. gondii* afines al HLA-B*35 en PBMCs de individuos seronegativos y seropositivos para toxoplasmosis. **Materiales y métodos.** Evaluamos tres péptidos afines al HLA-B*35 con un total de 50 muestras de sangre de individuos asistentes al CIB, donde realizamos pruebas serológicas para *T. gondii*, la extracción de ADN para la tipificación del HLA-B*35 por PCR-convencional. Posteriormente la extracción de PBMCs en 4 individuos seronegativos y seropositivos para la infección y HLA-B*35+ estimulamos las células con los péptidos (10 μ g/mL) así como los controles. A partir de los sobrenadantes de las PBMCs estimuladas realizamos la cuantificación del IFN- γ mediante ELISA comercial. Comparamos los niveles de IFN- γ estimulados por péptidos versus los controles mediante Kruskal-Wallis. **Resultados.** Con un 40% (20/50) de seropositividad para *T. gondii*, 22% (12/50) de individuos fueron positivos para el alelo HLA-B*35. Para la evaluación inmunológica determinamos que los niveles de IFN- γ estimulados por 24 y 48 horas no se obtuvieron diferencias significativas respecto a los controles en los individuos evaluados. **Conclusiones.** Un 22% de individuos positivos para el HLA-B*35 dadas las condiciones experimentales evaluadas no se han encontrado diferencias significativas en los niveles de IFN- γ estimulados por péptidos vs controles.

202. Expresión y localización de un transportador SWEET en *Trypanosoma cruzi*.

Osorio-Méndez J, Téllez G, Echeverry S, Zapata-López D, Castañón-Osorio J. Corporación Universitaria Empresarial Alexander Von Humboldt. Universidad del Quindío. Armenia. josorio88@cue.edu.co

Introducción. *Trypanosoma cruzi*, responsable de la enfermedad de Chagas, es un parásito que utiliza la glucosa como un recurso central para su supervivencia. En las células el transporte de glucosa es mediada por distintas familias de transportadores, incluyendo la familia SWEET. Nuestro objetivo fue identificar transportadores SWEET en los tripanosomátidos y determinar su expresión y localización en *Trypanosoma cruzi*. **Materiales y métodos.** Se buscaron en bases de datos de genomas de tripanosomátidos secuencias de aminoácidos con similitud a transportadores SWEET. Para detectar la expresión del transportador SWEET identificado en el genoma de *T. cruzi* (TcSWEET), se generó un suero policlonal inmunizando ratones Balb/c con péptidos sintéticos predichos como epitopes para células B en la secuencia de aminoácidos de TcSWEET. Con este suero se identificó la expresión de la proteína en distintos estadios del parásito mediante técnicas de inmunohistoquímica. **Resultados.** Se identificaron genes con similitud a la familia de transportadores SWEET en los genomas de los tripanosomátidos de interés médico *Trypanosoma cruzi* y *Leishmania*. En ensayos de Western blot, un suero policlonal anti-TcSWEET detectó una banda del peso molecular esperado en lisados de epimastigotes. Adicionalmente, en ensayos de inmunofluorescencia indirecta el suero tiñó la superficie y el flagelo de los estadios de epimastigote y tripomastigote metacíclico. En amastigotes intracelulares el suero se detectó marcaje en estructuras internas en forma de punto. **Conclusiones.** Se identificaron secuencias de una familia de transportadores que podrían contribuir a la captación de glucosa en *T. cruzi* y *Leishmania*. Se demostró la expresión de un transportador SWEET en distintos estadios de *T. cruzi*.

203. Análisis del comportamiento de los resultados de la vigilancia por el laboratorio para la enfermedad de Chagas en Colombia, 2020-2021.

Segura-Alba M, Cortés-Cortés L, Guerra-Vega A, Flórez-Sánchez A, Ayala-Sotelo M, Bautista-Silva J. Instituto Nacional de Salud. Soacha. lorenasegura1013@gmail.com

Introducción. La enfermedad de Chagas es una parasitosis causada por *Trypanosoma cruzi*, endémica en 21 países. Se estima que afecta alrededor de 6 millones de personas, ocasionando problemas cardíacos, gastrointestinales e incluso mortalidades, originando un alto impacto social y económico. La Organización Mundial de la Salud la clasifica como una enfermedad desatendida. Desde el Grupo de Parasitología de la Dirección de Redes en Salud Pública, se realiza la vigilancia por el laboratorio a nivel nacional, brindado apoyo a las direcciones territoriales de salud en la atención de los casos agudos y crónicos. El objetivo de este trabajo era determinar el comportamiento de la vigilancia del evento. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de las actividades de la vigilancia por el laboratorio, enmarcadas en los exámenes parasitológicos directos, diagnóstico molecular y serológico. **Resultados.** Se obtuvieron un total de 1.310 muestras entre noviembre del 2020 y diciembre del 2021, de las cuales 184 correspondían a la fase aguda: el 7,06% fueron positivas y 1.290 para fase crónica: 31,93% fueron positivas. Para estudios moleculares se recibieron 77 muestras: 22,07% positivas correspondientes a 10,38% humanas y 11,68% animales. **Conclusiones.** El fortalecimiento de las actividades realizadas por el Laboratorio Nacional de Referencia, aumentó la capacidad de identificar casos agudos y crónicos a nivel nacional, en especial en zonas endémicas del país. Se evidenció un incremento notable en las muestras procesadas, impactando de manera favorable el diagnóstico oportuno, generando por lo tanto una atención rápida, lo cual mejoró la calidad de vida de los pacientes.

204. Vigilancia por laboratorio de malaria: diagnóstico y evaluación del desempeño de la red de diagnóstico, Colombia 2020-2021.

Cortés-Cortés L, Ayala-Sotelo M, Flórez-Sánchez A. Instituto Nacional de Salud. Bogotá. jcortes@ins.gov.co

Introducción. Malaria es una enfermedad transmitida por vectores, endémica en Colombia que requiere un diagnóstico de amplia cobertura y un programa de gestión de calidad fortalecido. El análisis de la información remitida por los Laboratorios de Salud Pública Departamentales (LSPD) permite generar actividades de apoyo y mejora desde el nivel central. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo-transversal, en el que la información obtenida se analizó por métodos estadísticos para determinar estructura de red, actividades de gestión de calidad y criterios de calidad diagnóstica a nivel departamental y municipal. **Resultados.** Información de 29/33 LSPD: red de diagnóstico en 503 municipios: 1.119 sitios de diagnóstico: 942 (84%) laboratorios de diagnóstico del nivel local públicos

y privados y 177 (16%) puestos de microscopía. Se examinaron 200.166 gotas gruesas; positivas 39.914: 17.865 *P. falciparum*, 19.661 *P. vivax* y 2.388 mixtas. En PDR se realizaron 9.601 PDR; positivas 3.534: 1.988 *P. falciparum*, 1.447 *P. vivax* y 99 mixtas. Nivel departamental: Evaluación Directa (PEED) (30/33): concordancia general 93%, especie 95%, estadios parasitarios 88% y recuento 90%. Evaluación indirecta (PEID) (9/33): concordancia general 100%, Índice Kappa general y de especie: 0,97 y nivel municipal: PEED(4/33): Concordancia: 90%; PEID (30/33): C(+):98% y C(-):99%, Índice Kappa general y de especie: 0,96 y concordancia de recuento 78%. **Conclusiones.** La red de diagnóstico de malaria se constituye en herramienta fundamental para el diagnóstico oportuno de la malaria a nivel nacional, tanto la microscopía como las pruebas de diagnóstico rápido permiten acceso al diagnóstico en áreas rurales dispersas del territorio colombiano.

205. Evaluación de la prueba PCR para identificación de *Toxoplasma gondii* en tejido cerebral de ratones BALB/c.

Villa-Bustamante J, Zamora-Vélez O, Nessim-Salazar J, Celis-Giraldo D, Gómez-Marín J. Universidad del Quindío. Armenia.
jjvillab@uqvirtual.edu.co

Introducción. *Toxoplasma gondii* es un parásito intracelular obligado con la capacidad de infectar animales de sangre caliente, incluyendo a los humanos, donde puede formar quistes en tejido muscular y cerebral. Debido a que los quistes pueden ser confundidos o tener estructuras no siempre reconocibles, el presente trabajo planteó como objetivo desarrollar pruebas para la detección e identificación de quistes de *T. gondii* en cerebro de ratón. **Materiales y métodos.** Se inocularon intraperitonealmente 2 ratones BALB/c de 6 semanas con 2.000 taquizoitos de *T. gondii* de cepa Pru y se utilizaron 2 ratones como controles negativos. Ocho días después de la infección fueron sacrificados y sus cerebros extraídos y macerados para purificar quistes mediante las técnicas de Watts y Homan. Las muestras fueron observadas en un microscopio a 10X y 40X y se realizó extracción de ADN y qPCR para la secuencia RE. **Resultados.** Se detectó el ADN de *Toxoplasma gondii* por qPCR con un CT de 35,9 (Watts) y 31,2 (Homan). Los controles negativos no indicaron presencia del parásito. No se identificaron plenamente quistes de *T. gondii* por microscopía. **Conclusiones.** Se logró detectar el ADN de *T. gondii* de la cepa PRU en tejido cerebral de ratones BALB/c infectados durante ocho días, mediante la técnica de qPCR para la secuencia RE en muestras negativas para quistes por microscopía. La detección de ADN por prueba PCR permite detectar infecciones no observables por microscopía en tejido cerebral.

206. Análisis de la capacidad diagnóstica de los laboratorios de salud pública para la enfermedad de Chagas en Colombia, 2021.

Bautista-Silva J. Instituto Nacional de Salud. Bogotá.
jessicabautista282@gmail.com

Introducción. *Trypanosoma cruzi* es el agente etiológico para la enfermedad de Chagas, una parasitosis que cursa con una fase aguda y crónica, que puede desencadenar graves problemas de salud y hasta la muerte, por lo tanto, para el Grupo de Parasitología de la Dirección de Redes en Salud Pública es prioritario realizar la evaluación del desempeño directo e inmunodiagnóstico a nivel nacional, con el objetivo de garantizar el correcto y oportuno diagnóstico de esta enfermedad en el país. **Materiales y métodos.** para esta evaluación, se elaboraron 10 láminas, entre gota gruesa y frotis de sangre periférica, adicionalmente se remitieron 10 sueros liofilizados para evaluar la capacidad de diagnóstico parasitológico directo y serológico de los participantes. **Resultados.** Se enviaron un total de 45 paquetes a nivel nacional. Para la evaluación microscópica participaron 38 laboratorios, los cuales tuvieron un índice Kappa de 0,97%. En inmunodiagnóstico participaron 31 laboratorios, el promedio general de índice kappa fue de 0,96% para ELISA de antígenos totales y 0,60% para ELISA de antígenos recombinantes. **Conclusiones.** El promedio general del grado de concordancia obtenido por los participantes en el ciclo 2021 es muy bueno, tanto en el diagnóstico microscópico como en el inmunodiagnóstico, demostrando un buen desempeño a nivel nacional, lo que permite la emisión de resultados confiables. Sin embargo, es importante establecer las dificultades que se presentaron en los laboratorios que no participaron.

207. Parasitismo intestinal en estudiantes universitarios y sus mascotas.

Potes-Morales C, Crespo-Ortiz M. Grupo de Microbiología y Enfermedades Infecciosas, Departamento de Microbiología, Facultad de Salud: Universidad del Valle. Cali.
caterine.potes@correounivalle.edu.co

Introducción. Se estima que al menos 45% de la población en países en desarrollo de las Américas alberga un parásito intestinal. Factores como entornos poco sanitarios, consumo de agua y alimentos contaminados y el contacto con animales infectados facilitan la transmisión. El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de parásitos intestinales en una población de estudiantes universitarios y sus mascotas en la ciudad de Cali, Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo, de corte transversal. Se recolectó una muestra de materia fecal de cada participante, previo consentimiento informado, durante noviembre del 2020 y enero del 2022. Las muestras de humanos y mascotas fueron procesadas por técnicas convencionales de diagnóstico como examen directo, concentración por flotación y tinciones permanentes (Kinyoun, y tinción tricrómica). Las muestras se conservaron a -80°C para realizar diagnóstico molecular por PCR convencional en una fase posterior del estudio. **Resultados.** Participaron 139 estudiantes y 44 mascotas. La distribución por sexo fue similar ($p=0,07$) con edad promedio 24 años. Mediante la combinación de técnicas de microscopía, 63 (45,3%) estudiantes tenían al menos un parásito. La especie más común fue *Blastocystis spp.*, seguido de *Endolimax nana*, complejo *Entamoeba*, *Entamoeba coli* y *Giardia intestinalis*. No se detectaron coccidias ni helmintos. En las mascotas se encontraron 3 especies patógenas: *Giardia spp.*, *Uncinarias* y *Toxoplasma gondii*. Las parasitosis fueron más frecuentes en beneficiarios del SISBEN ($p=0,02$). **Conclusiones.** La población estudiada está sustancialmente expuesta a ambientes y hospederos contaminados lo cual es útil para el enfoque de medidas de control. Financiada: Universidad del Valle, CI1920

208. Evaluación de la actividad anti-apoptótica de la proteína GRA3 de *Toxoplasma gondii* en un modelo celular *in vitro*.

Valencia-Hernández J, Celis-Giraldo D, Molina-Lara D, Acosta-Dávila J, Osorio-Méndez J, Gómez-Marín J. Grupo GEPAMOL, Centro de Investigaciones Biomédicas: Universidad del Quindío. Armenia.
jdvalenciah@uqvirtual.edu.co

Introducción. Varios patógenos intracelulares incluido *Toxoplasma gondii* han desarrollado estrategias para interferir con la maquinaria apoptótica de su huésped con el objetivo de mantenerlo vivo. En un estudio previo, se identificó que la proteína GRA3 de *T. gondii* presenta similitud estructural con la proteína BCL-XL de humanos, la cual se encuentra involucrada en la inhibición de la apoptosis, es por esta razón, que en este estudio se pretende evaluar la actividad anti-apoptótica de la proteína GRA3 de *T. gondii* en un modelo celular *in vitro*. **Materiales y métodos.** La presente metodología se desarrolló experimentalmente *in vitro*, utilizando tres cepas: una de *T. gondii* Pru Wild Type y otras dos modificadas genéticamente (*T. gondii* ΔGRA3 y su control complementario), empleadas para infectar células HFF a diferentes MOI. Estas se incubaron durante una hora para añadir Estaurosporina a 1-2 μM, posteriormente se dejaron en incubación durante 4-6 horas y se realizó la detección de la célula apoptótica por medio del kit Annexin V Apoptosis Detection visualizando los resultados por microscopía de fluorescencia. Adicionalmente, se espera realizar la cuantificación del Citocromo C utilizando el kit Cytochrome C Release Assay. **Resultados.** Se encontró mayor porcentaje de células apoptóticas cuando estas se estimularon con la cepa *T. gondii* ΔGRA3 comparado con *T. gondii* complementaria y *T. gondii* Wild Type durante cuatro horas de tratamiento. **Conclusiones.** La proteína TgGRA3 podría estar involucrada en una reducción de la apoptosis en células HFF, no obstante, es necesaria la realización de otros experimentos que nos permita confirmar los resultados obtenidos en el presente estudio.

209. Asociación de parásitos intestinales con síndrome anémico en niños escolares: una revisión sistemática de la literatura.

Giraldo-Ospina B, Garzón-Castaño S, Gil-Grajales A, Echeverri-Herrera D, Montoya-Giraldo L, Uribe- Palacio G, López-Muñoz D. Institución Universitaria Visión De Las Américas. Unidad Central del Valle del Cauca. Pereira.
beatriz.giraldo@uam.edu.co

Introducción. Las parasitosis intestinales (PI) y la anemia son un problema importante de salud pública a nivel mundial. Partiendo del tropismo que tienen la mayoría de PI por el intestino delgado clave para la absorción de micronutrientes indispensables para la hematopoyesis con desequilibrio especialmente en la eritropoyesis y generar un síndrome anémico carencial. El objetivo de esta revisión es establecer la asociación de la infección por parásitos intestinales y el síndrome anémico en niños en edad escolar. **Materiales**

y métodos. Se realizó una búsqueda sistemática de la literatura entre 2010 y 2021 sobre asociación de infección por parásitos intestinales y síndrome anémico en escolares, siguiendo recomendaciones del consenso PRISMA, en 4 bases con la estrategia de búsqueda ("intestinal AND parasites" AND "anemia" AND "children"). Para garantizar una información completa y precisa, todos los artículos clasificados fueron revisados utilizando la guía STROBE. **Resultados.** Se identificaron 1.233 publicaciones, al aplicar criterios de inclusión y exclusión se redujeron a 33, se evidenciaron nueve agentes asociados a anemia, 27,27% reportan *Ascaris lumbricoides*, *Anquilostoma duodenalis* y *Trichuris trichiura* los helmintos más prevalentes; 6,06% *Giardia duodenalis* como protozooario y 39,39% incluyen ambos agentes. 21 artículos de África, 6 de Asia, 5 de Suramérica y 1 de Centroamérica. Etiopía es el país con mayor número de publicaciones, seguido de Uganda y Malasia. **Conclusiones.** Se encontró una elevada prevalencia parasitaria anémica superando la encontrada en otros estudios, con un mayor porcentaje por helmintos. En gran parte se presentó asociación significativa entre estas infecciones y anemia, con un IC 95%.

210. Efectos adversos hematológicos durante el tratamiento de la toxoplasmosis congénita.

Téllez-Llano M, Nati-Castillo H, Gómez-Marín J. Universidad del Quindío. Armenia.
mariaa.tellez@uqvirtual.edu.co

Introducción. La toxoplasmosis congénita requiere tratamiento con medicamentos inhibidores de la síntesis de ácido fólico, de los cuales el más eficaz es la combinación de pirimetamina con sulfas. Existen dos sulfas que son utilizadas en combinación con pirimetamina (PYR): la sulfadiazina (SDZ) y la sulfadoxina (SDX). El objetivo del trabajo fue describir los efectos hematológicos en una cohorte de niños tratados durante su primer año de vida para toxoplasmosis congénita. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo. Se revisaron 146 historias clínicas de pacientes con diagnóstico de toxoplasmosis congénita de la consulta especializada del centro de salud de la Universidad del Quindío durante un período de 20 años (2001-2021). Se incluyeron aquellos pacientes que recibieron tratamiento en su primer año y que tuvieron cuadro hemático inicial y uno o más controles posteriores. **Resultados.** Se revisaron un total de 146 historias clínicas y se seleccionaron 53 que cumplían con los criterios de inclusión. Se evidenció que la principal alteración fue la disminución de la hemoglobina por debajo de 11,5 g/dL en un total de 47 (88%) niños, de los cuales 42 estaban siendo tratados con PYR-SDX y cinco con PYR-SDZ. La hemoglobina recuperó niveles en los niños que inicialmente tenían dosis interdiaria de ácido fólico y pasaban a dosis diaria y luego de cambio con azitromicina. No se observó reducción del número de leucocitos durante el tratamiento. **Conclusiones.** El efecto hematológico más frecuente con PYR-SDX fue la baja de hemoglobina, la cual revirtió con cambio a azitromicina y el uso de dosis diaria de ácido fólico.

VIROLOGÍA

211. Comparación de frecuencias de infección con arbovirus en donantes de sangre durante dos periodos epidemiológicos diferentes.

Cáceres B, Urbina A, Ortiz T, Marulanda M, Rodríguez A, Rodríguez D, Ospina L, Flórez I, Uribe B, Alvarado C, Calvo E, Delgado F, Castellanos J. Instituto de Virología: Universidad El Bosque. Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud: Universidad del Rosario. Banco Nacional de Sangre, Banco de Sangre Quindío, Hemocentro Valle del Cauca, Banco de Sangre Bolívar, Hemocentro del Café, Banco de Sangre de Antioquia: Cruz Roja Colombiana. Bogotá.
alejandrocaceresm@hotmail.com

Introducción. Los arbovirus dengue (DENV), Zika (ZIKV) y chikungunya (CHIKV), desarrollan periodos virémicos de aproximadamente una semana, inclusive en individuos asintomáticos, por ende, pueden ser transmitidos por transfusión sanguínea. Este estudio, tiene por objetivo comparar frecuencias de arbovirus en donantes de sangre reclutados en dos periodos epidemiológicos diferentes para casos de DENV en Colombia. **Materiales y métodos.** Durante un estudio transversal observacional, se colectaron sueros de donantes de sangre provenientes de Armenia, Bogotá, Cali, Cartagena, Manizales y Medellín, de un periodo epidémico (noviembre del 2019-febrero del 2020, n=458) y, de un periodo endémico (febrero-mayo del 2022, n=568) para casos de DENV. Se hizo extracción de ARN a partir de los sueros remitidos por el

banco de sangre y se detectaron los arbovirus utilizando un protocolo de RT-PCR semi anidada multiplex. Finalmente, se compararon las frecuencias de donantes positivos (DP) para al menos uno de los tres arbovirus en las muestras de cada periodo, utilizando el software STATA. **Resultados.** Se encontraron frecuencias de DP significativamente más altas ($p=0,001$), en las muestras provenientes del periodo epidémico (25%, IC 21-29%) respecto a las provenientes del periodo endémico (7,7%, IC 5,6-9,9%). Esto se explicó por la diferencia en la frecuencia específica de donantes positivos para DENV (14%, IC 11-17% vs. 2,8%, IC 1,4-4,1%) y ZIKV (7,7%, IC 1,6-5,2% vs. 0,1%, IC 0,1-0,5%). **Conclusiones.** Se encontraron cifras de positividad para RNA viral más altas que las reportadas en otros estudios. Es necesario implementar políticas que conduzcan a reducir las tasas de infección en donantes de sangre. Financiado por MinCiencias, contrato 898/2019.

212. Compromiso miocárdico en niños con dengue con signos de alarma y dengue grave de Cartagena-Colombia.

Arturo J, Castellar C, Solano C, Varón C, Salgado-Martínez P, Pinzón-Redondo H, Velandia-Romero M, Calvo-Tapiero E, Castellanos-Parra J. Inmugen Corporation. Instituto de Virología: Universidad El Bosque. Departamento de Pediatría: Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja. Bogotá.
inmugen@gmail.com

Introducción. La miocarditis por virus dengue es una entidad diagnóstica por sospecha clínica, con cambios eléctricos y ecocardiográficos presentes en las formas severas de la enfermedad, sin embargo estos cambios no siempre se documentan. La utilización de biomarcadores cardíacos podría ayudar a identificar tempranamente esta condición potencialmente fatal. **Materiales y métodos.** Durante mayo-diciembre 2021 se reclutaron previo consentimiento informado firmado por sus padres, 122 niños con dengue manejados en el Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja en servicios de hospitalización y cuidado intensivo, en quienes se realizaron pruebas en suero serológicas Panbio dengue-Duo (IgM/IgG/NS1), IgM anti-DENV Captura, identificación de RNA de Arbovirus (DENV, CHIKV, ZIKV) por RT-PCR y biomarcadores miocárdicos Troponina-I(cTnI), Mioglobina, CK-MB, NT-proBNP mediante metodología FineCare-Wondfo. **Resultados.** En los casos confirmados de dengue se encontraron niveles significativamente altos de NT-ProBNP (media 511 ng/ml, 40-4188 ng/ml), cTnI (2 ng/ml, 1-50 ng/ml), Mioglobina (25,68 ng/ml, 2-400 ng/ml), CK-MB (2,9 ng/ml, 0,3-100 ng/ml), con mayores niveles en los casos de dengue grave, los cuales se asociaron a alteraciones cardiovasculares con mayores complicaciones y hospitalización. **Conclusiones.** Se encontraron niveles elevados de NT-proBNP, cTnI y Myoglobina en los niños con miocarditis asociada a dengue. Los altos niveles de NT-proBNP se relacionan con falla cardíaca una condición comúnmente no identificada en la infección por dengue y que puede explicar las fallas vasogénicas y de choque asociadas a dengue grave la cual requiere atención en la sobrecarga hídrica generada por el uso de cristaloides. Proyecto Financiado por Instituto de Virología, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque.

213. Revisión sistemática de las condiciones de cultivo y estimulación de PBMC's como modelo *in vitro* para evaluación de la infección por dengue.

Tolozab-Beltrán P, Ospina S, Escobar P, Rojas-Gallardo D, Jiménez-Posada E, Padilla-Sanabria L, Martínez-Gutiérrez M, Cardona-Ospina J. Universidad del Quindío, Fundación Universitaria Autónoma De Las Américas. Universidad Cooperativa De Colombia. Armenia.
patolozab@uqvirtual.edu.co

Introducción. Los monocitos de sangre periférica (PBMCs) son uno de los principales blancos del virus dengue (DENV). Su cultivo *ex vivo* se usa como modelo para entender la respuesta inmune. Este trabajo realizó una revisión sistemática para identificar las condiciones de cultivo y estímulo de PBMCs con DENV. **Materiales y métodos.** Se realizó una búsqueda en PubMed, Web of Science, y Scopus empleando "DENGUE AND (PBMC OR MONOCYTE) AND CULTURE" como estrategia de búsqueda, siguiendo las recomendaciones PRISMA. Se incluyeron estudios que reportaran las condiciones de cultivo de PBMCs humanos y hubieran realizado estímulo *in vitro* con DENV o sus proteínas. Se excluyeron cartas al editor, revisiones, y trabajos con líneas celulares. **Resultados.** Fueron encontrados 490 artículos. Se seleccionaron por título 123, y se revisó el resumen de 115, después de eliminar duplicados. Tras la evaluación preliminar se incluyeron 19 trabajos en adultos y niños. La mayoría (n=14) no categorizaron el sero-status contra DENV de los donantes.

El método más común de obtención de PBMCs fue la centrifugación por gradiente empleando Ficoll (n=11), seguido de Lymphoprep (n=2). Se encontró estímulo *in vitro* con DENV1-4, a una multiplicidad de infección entre 0,1 y 10, y entre 45 minutos a 10 días. También se encontró estímulo con las proteínas no estructurales, incluida la NS1. **Conclusiones.** El cultivo *ex vivo* de PBMCs ha sido empleado con éxito para el estudio de la respuesta inmune, la enfermedad potenciada por anticuerpos, y antivirales. Este modelo de células humanas resalta como modelo traslacional para el estudio del DENV.

214. Detección de dengue virus mediante Western Blot, Inmunofluorescencia y Dot blot empleando el anticuerpo monoclonal AcM Anti-NS1UQ.

López-Guauque N, Estrada-Ocampo H, Mejía-Morales J, Montilla-Gómez M, Ortiz-Cavanzo C, Giraldo-Cottrino L, Castaño-Osorio J, Rodríguez-Salazar C, Recalde-Reyes D. CUE Alexander Von Humboldt. Universidad del Quindío. Armenia.
dreacalde5552@cue.edu.co

Introducción. El síndrome febril agudo, se caracteriza por una sintomatología prodrómica (fiebre, escalofríos, mialgias, artralgias, dolor lumbar, ictericia, trombocitopenia, etc.); se ha descrito que este cuadro infeccioso puede ser causado por patógenos de naturaleza viral (como el dengue virus), bacteriana, parasitaria y fúngica. Por lo anterior es fundamental obtener un diagnóstico temprano y oportuno del tipo de patógeno que está causando esta infección y realizar una intervención terapéutica adecuada en especial en casos bacterianos (ej. leptospirosis) o parasitarios (ej. malaria). Este trabajo tuvo por objetivo desarrollar inmunoensayos tipo WB, Dot Blot e IFI anti DENV, empleando el AcM Anti-NS1UQ. **Materiales y métodos.** Se empleó antígeno total de DENV1-4, obtenido de cultivo celular, se emplearon diferentes diluciones para conocer la capacidad de detección de las pruebas. Para conocer si las pruebas presentaban reacción cruzada con antígenos bacterianos, parasitarios y virales; se empleó antígeno total de bacterias Gram negativas, Gram positivas, *T. cruzi*, lipopolisacáridos y Zika virus. **Resultados.** Se logró desarrollar inmunoensayos tipo Western-Blot, Dot-Blot e Inmunofluorescencia con capacidad de detección para DENV (0,004ug/ul). El único patógeno que presentó reacción cruzada fue Zika Virus (de la familia de los Flavivirus), las pruebas no presentaron reacción cruzada con patógenos bacterianos ni parasitarios. **Conclusiones.** Se logró desarrollar inmunoensayos con alta capacidad de detección de antígenos virales de DENV, la reacción cruzada con Zika virus podría aclararse mediante pruebas de RT-PCR (previamente estandarizadas en nuestro laboratorio). Contar con producción local de estos inmunoensayos como apoyo paraclínico en el síndrome febril agudo, sería de gran utilidad en el diagnóstico definitivo e intervención terapéutica adecuada frente a estas infecciones

215. Phytochemicals against Zika virus, what have we done?

Tabares-Villa A, Cardona-Ospina J, Jiménez-Posada E, Escobar-Pereira P, Valencia-Gallego V, López C, Marino O, Sepúlveda-Arias J, Martínez-Gutiérrez M. Universidad Tecnológica de Pereira. Universidad Visión de las Américas. Instituto Para la Investigación en Ciencias Biomédicas Scihelp. Universidad del Quindío. Universidad de Antioquia. Pereira.
pmscobarp06@gmail.com

Introduction. The emergence of ZIKV in the Americas has challenged the ability to respond rapidly to emerging infectious diseases. There are no approved drugs against ZIKV, and the antiviral drugs are limited. However, natural products are a promising field in the search for new therapeutic molecules. This work summarizes the available phytochemicals with potential anti-Zika activity. **Materials and methods.** A systematic review was conducted in three databases (PubMed, Web of Science, and Scopus) using ("Natural Product" OR "Plant Extract" OR "Phytochemical") AND (Zika) as search strategy. Studies that assessed the *in-vitro* or *in-vivo* antiviral activity against Zika were screened by title. *In-silico* studies, works assessing molecules for vector control, duplicates, reviews, and opinion articles were excluded. **Results.** Were screened 522 by title (PubMed=350; Scopus=100; Web of Science=72). Forty-two were selected, sixteen were eliminated with reasons and fifteen for duplicates. Eleven articles that identified polyphenols, alkaloids, lipopeptide, stilbene and organic acid with promising antiviral activity were included. They were derived from *Camellia sinensis*, *Colispora cavicola*, *Amaryllidaceae* family plants and edible plants. Three proposed action mechanisms were identified for eight molecules (Entry inhibition for epigallocatechin-3-gallate, inhibition of viral polyprotein processing for Cavinafungin, and Inhibition of Zika NS2B-NS3 protein by

Myricetin, Quercetin, Luteolin, Isorhamnetin, Apigenin and Curcumin). None of the studies were conducted *in-vivo*. **Conclusions.** Although some promissory phytochemicals with anti-Zika activity have been identified it is necessary promote research to elucidate their action mechanism and activity validation using *in-vivo* models. The knowledge gap for the identification of antivirals is still a field to be covered.

216. Parámetros y métodos más idóneos al realizar secuenciación de nueva generación para el diagnóstico de agentes virales asociados con síndrome febril agudo.

Carrillo-Hernández M, Molina-Hoyos K, Ruiz-Sáenz J, Martínez-Gutiérrez M. Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA: Universidad Cooperativa de Colombia. Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada MICROBA: Universidad de Antioquia. Medellín.
mayecahe_90@hotmail.com

Introducción. La secuenciación de nueva generación (NGS) permite identificar agentes etiológicos no identificables fácilmente por otras técnicas. Por ello, su uso es muy importante en la identificación de agentes infecciosos causantes del síndrome febril agudo (SFA), principalmente virus. El objetivo, fue identificar los parámetros y métodos más idóneos al realizar NGS para el diagnóstico del SFA en humanos a partir de muestras de suero, sangre y/o plasma. **Materiales y métodos.** Se realizó una revisión sistemática de artículos originales publicados en inglés a partir de enero de 2005 hasta abril del 2021, estos fueron recuperados de PubMed Central®, Scopus® y Embase® de Elsevier y se evaluó la calidad metodológica de los estudios mediante la herramienta QUADOMICS. **Resultados.** En la búsqueda de las bases de datos se identificaron 7.174 artículos, analizando al final 27 artículos publicados entre los años 2009-2020, los cuales fueron de "baja calidad". La muestra más utilizada fue el suero, predominó la secuenciación formando pools, el 70,4% de los estudios aplicó pre-tratamientos y el almacenamiento, ciclos de congelación/descongelación no fueron reportados. La plataforma de secuenciación más usada fue Illumina, pero independiente de la plataforma el porcentaje de lecturas de origen viral obtenidas fueron muy bajas y las familias virales más detectadas fueron *Flaviviridae*, *Herpesviridae*, *Anelloviridae*, *Parvoviridae*, *Picornaviridae* y *Retroviridae*. **Conclusiones.** Estudios futuros deben informar los criterios de calidad tenidos en cuenta con las muestras y presentar uniformidad en sus análisis. Por ello, proponemos un esquema de trabajo que permita una adecuada identificación de estos agentes virales.

MEDICINA TROPICAL

217. Estudio preliminar de la etiología del síndrome febril en Córdoba Colombia.

Echeverri D, Tique-Salleg V, Miranda J, Contreras V, Paternina E, López Y, Mestra D, García L, Chevel J, Mattar-Velilla S. Universidad de Córdoba. Hospital San Jerónimo. Montería.
jluismiranda@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. Las entidades clínicas que cursan con síntomas inespecíficos como fiebre, cefalea y mialgias se agrupan bajo la denominación de síndromes febriles. Los agentes etiológicos responsables del síndrome febril son objeto de vigilancia epidemiológica y son considerados problemas de salud pública. Objetivo. Identificar los principales agentes etiológicos del síndrome febril en el departamento de Córdoba. **Materiales y métodos.** Se realizó una vigilancia epidemiológica del síndrome febril desde noviembre de 2021 a mayo 2022 en el Hospital San Jerónimo de Montería, principal centro de referencia del departamento de Córdoba. Se recolectaron muestras de sangre total de pacientes con cuadros clínicos compatibles con fiebre no especificada. Se realizó ELISA Ingezim® COVID-19 DR (Ref Eurofins, Ingenasa, Madrid) para detección de anticuerpos totales IgG, IgM y IgA contra la proteína N de SARS-CoV-2, ELISA IgG para dengue, gota gruesa para malaria, PCR para *Brucella sp*, SYBR Green qPCR para *Leptospira sp*, qPCR para *Coxiella Burnetti*, y qPCR para *Borrelia spp*. **Resultados.** Fueron incluidos en el estudio un total de 56 pacientes, el 39,2% (n=22) de los pacientes presentaron anticuerpos totales a SARS-CoV-2, 83% presentaron anticuerpos IgG para dengue (n=40), 8,9 % (n=5) pacientes positivos para malaria y ningún paciente fue positivo a *Brucella sp*, *Leptospira sp*, *Coxiella Burnetti* y *Borrelia spp*. **Conclusiones.** En la vigilancia del síndrome febril es de gran importancia incluir y ampliar la búsqueda de agentes

etiología emergentes y reemergentes que podrían ser ignorados en zonas endémicas de arbovirus y enfermedades transmitidas por vectores como el departamento de Córdoba.

218. Tablas de vida de *Lutzomyia longiflora* en condiciones de laboratorio.

Beltrán-Ruiz M, Vargas J, Santamaría E, Escobar J. Universidad de la Salle. Instituto Nacional de Salud. Bogotá.
mbeltran11@unisalle.edu.co

Introducción. Los flebotomos son un grupo de organismos de gran importancia en salud pública, dada su capacidad de transmisión de patógenos. Aunque *Lutzomyia longiflora* se encuentra asociado a los focos de leishmaniasis causadas por *Leishmania* spp, en el departamento del Norte de Santander, se desconocen varios aspectos de su ecología los cuales inciden en su papel en la transmisión del parásito. En ese sentido, es necesario conocer más a fondo sobre las características inherentes a su ciclo de vida. **Materiales y métodos.** En este estudio, se determinaron las tablas de vida de *L. longiflora* en condiciones controladas de laboratorio. Los flebotomos adultos se recolectaron en Campolegre, Huila. El material biológico recolectado se transportó a los laboratorios de la Universidad de la Salle sede Bogotá, se realizó un seguimiento diario del desarrollo de los estadios teniendo en cuenta la duración de los estadios y mortalidad. **Resultados.** Los resultados muestran una mayor mortalidad en los estadios huevo y larva 1 con unos valores de 50,2% y 44,3% respectivamente. Por otra parte, el instar larval 4 presentó la más larga duración, con un periodo de tiempo promedio de 37 días y el estadio adulto mostró la menor duración con un promedio de 6 días. El promedio del ciclo gonotrófico fue de 14 días. **Conclusiones.** Esta investigación representa un acercamiento a las características del ciclo de vida de *L. longiflora*, lo que permitirá un mejor entendimiento de la dinámica de transmisión de leishmaniasis en zonas endémicas y servirá como base para estudios de entomología médica y eco-epidemiología.

219. Brote de Chagas de transmisión oral en personal militar.

Vergara-Samur H, Gómez-Quintero C, López-Mora M, Faccini-Martínez A, Muñoz-Marrugo L, Camacho-Ramos C, Herrera-Díaz A, Hernández D. Hospital Militar Central. Instituto de Investigaciones: Fundación Universitaria de Ciencias de la Salud: FUCS. Universidad Militar Nueva Granada. Universidad del Rosario. Bogotá.
hvergara@homil.gov.co

Introducción. Pocos casos de enfermedad de Chagas aguda se han reportado en personal militar. Nuestro objetivo es describir y analizar un brote ocurrido en noviembre de 2021 al norte de Colombia, su probable transmisión, oral. **Materiales y métodos.** Este estudio descriptivo incluyó pacientes admitidos en el Hospital Militar Central entre noviembre y diciembre de 2021 con síndrome febril y procedentes de una base militar del noreste de Colombia. Se confirmó enfermedad de Chagas agudo mediante examen parasitológico directo y/o estándar serológico o PCR. El compromiso cardíaco se evidenció mediante electrocardiografía y ecocardiograma y se realizaron pericardiocentesis encontrando parásitos en líquido pericárdico. El análisis se realizó mediante estadística descriptiva para síntomas de inicio, estancia hospitalaria, compromiso cardíaco y respuesta al tratamiento. **Resultados.** Siete pacientes de sexo masculino fueron incluidos. Fiebre, diarrea y disnea fueron los síntomas de inicio más frecuentes, cinco de ellos requirieron traslado a unidad de cuidados intensivos y pericardiocentesis por derrame pericárdico masivo. Hubo confirmación parasitológica en 6 de los casos. Se observó una media de 27 días de estancia hospitalaria. Los 7 pacientes tuvieron PCR y cultivo positivo para *T. cruzi*. Se inició tratamiento con benznidazol con evolución favorable en todos. **Conclusiones.** Existe riesgo de enfermedad de Chagas agudo por transmisión oral en personal militar expuesto. Nuestros casos presentaron manifestaciones cardíacas graves probablemente relacionadas con alto inoculo por vía oral, todos con buena respuesta al tratamiento con benznidazol de inicio temprano.

220. Comportamiento epidemiológico del dengue y su relación con estrategias preventivas para su control en dos poblaciones de Turbo y Apartadó-Antioquia.

Cardona-Zapata K, Ríos-Tapias P, Arboleda-Naranjo M, Rubiano-Perea L, Gómez-Vargas W, Marín-Velásquez K, Morales-Mesa S. Facultades de Psicología, Enfermería y Medicina: Universidad CES. Instituto Colombiano de Medicina Tropical ICMT. Medellín.
kevercar@gmail.com

Introducción. El dengue es una enfermedad infecciosa viral de distribución mundial; se estima que un 40% de la población se encuentra en riesgo de contraer la enfermedad, por lo cual se han desarrollado múltiples estrategias para su control. Sin embargo, pese a su implementación, los casos van en aumento, en especial en zonas endémicas como los municipios de Apartadó y Turbo en el departamento de Antioquia-Colombia. Este trabajo describe el comportamiento epidemiológico del dengue en dos poblaciones de los municipios de Turbo y Apartadó y su relación con estrategias de prevención comunitaria. **Materiales y métodos.** Enfoque cualitativo, alcance exploratorio, énfasis en estrategias dialógicas e interactivas. El análisis se realizó con matrices temáticas y análisis de contenido. **Resultados.** Entre los años 2018 y 2019 hubo un comportamiento epidémico de la enfermedad alcanzando tasas por 10.0000 en la población estudiada en Turbo de 47,1 y 14,9 y en Apartadó de 152 y 205, registrando en conjunto, el 62,5% (5/8) de la mortalidad en el departamento. En estos años, la implementación de estrategias se centró en la fumigación, el control de aguas estancadas y la recolección de basuras. Sin embargo, para la comunidad las actividades educativas y preventivas fueron pocas, discontinuas y sin cobertura a toda la población. **Conclusiones.** El control del dengue requiere centrar esfuerzos que vayan más allá de la mitigación de brotes. Es decir, centrado en estrategias preventivas, que partan desde la comunidad y se articulen con los entes territoriales, para garantizar su replicación y sostenibilidad. Financiación: Minciencias proyecto cod. 325684267882.

221. Factores relacionados a los conocimientos, actitudes y prácticas (CAP) sobre toxoplasmosis en gestantes que asisten a controles prenatales en la ciudad de Armenia-Quindío.

Velasco-Velásquez S, Celis-Giraldo D, Cordero-López S, Londoño-Martínez J, Gómez-Marín J. Universidad del Quindío. Armenia.
svelascov@uqvirtual.edu.co

Introducción. La toxoplasmosis es un problema de salud pública que genera graves secuelas en el neonato. Es necesario implementar programas educativos eficaces que mitiguen la transmisión materno-fetal. No existen estudios de CAP sobre toxoplasmosis gestacional en gestantes en Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo-transversal tipo CAP en gestantes que asistieron a controles prenatales en la red pública y privada entre octubre/2021 y marzo/2022. Se evaluaron aspectos socioeconómicos, demográficos, y estado serológico de anticuerpos anti-*Toxoplasma gondii*. Los datos se digitalizaron en Excel-2021 y se analizaron en SPSS-versión25. **Resultados.** Se entrevistaron 273 gestantes, con una media de edad de 24,5±6,2 años y 4,2±6,2 controles prenatales. La mayoría residían en la zona urbana (96,7%), SISBEN-estrato ≤2 (83,2%) y subsidiadas (83,5%). El 42,8% eran seropositivas. Se encontró relación entre el puntaje de conocimientos y tener ≥11 años de estudio (p<0,0001). Educación ≥11 años, asistencia a ≥5 controles y escuchar previamente de la enfermedad se relacionó con mejores prácticas para consumo de agua (p=0,013, p=0,032 y p=0,031). Las gestantes colombianas tenían mayor asistencia a los controles/exámenes prenatales (p<0,0001) y eran más seropositivas (46,2% vs. 12,5%, p=0,003) que las migrantes. Gestantes con mayor nivel educativo tenían menor seropositividad (p=0,009). **Conclusiones.** El nivel de educación, el tener mayor número de controles y mayor número de exámenes prenatales en las gestantes, estuvo asociado a mayores conocimientos y mejores prácticas de prevención de la toxoplasmosis gestacional. Se requiere intensificar las estrategias educativas en la población con menor nivel educativo y en las migrantes que tienen bajo nivel de inmunidad previo a la infección.

RESISTENCIA BACTERIANA

222. Vigilancia de resistencia de *Salmonella* sp en aislamientos recibidos en la SLSP de Bogotá durante el año 2021.

Neira-Torres A, Cepeda-Velandia L, Serrano-Sánchez A, Maldonado-Cortés L, Chalá-Palacios M. Secretaría de Salud de Bogotá SLSP. Bogotá.
apserrano@saludcapital.gov.co

Introducción. Aunque la mayoría de las infecciones por *Salmonella* son leves, la enfermedad puede ser fatal, es una de las cuatro principales causas de diarrea y uno de los microorganismos entre los que han aparecido determinados serotipos resistentes a los antimicrobianos que afectan a la cadena alimentaria. Como medidas preventivas contra la salmonelosis, se recomiendan

prácticas como la cocción minuciosa. **Materiales y métodos.** Estudio: descriptivo retrospectivo en aislamientos de *Salmonella sp.* 1. Colorimetría avanzada 2. Microdilución en caldo y Kirby bauer. **Resultados.** 1. Se reciben 202 aislamientos de *Salmonella spp.* 2. El 67.3% de los aislamientos de *Salmonella spp* son resistentes a tetraciclina, 61.8% al ácido nalidíxico, 33,1% a la ampicilina, 38,1% al cloranfenicol, 12,8% a la cefotaxima, 15,8% al trimetopim/sulfa, 3,4% a la ciprofloxacina. 3. El 100% de los aislamientos son susceptibles a ertapenem. **Conclusiones.** 1. Aunque en la mayoría de los casos causados por *Salmonella* responden adecuadamente a la terapia antimicrobiana se siguen reportando casos de resistencia ampicilina y ácido nalidíxico. 2. Se asocia la resistencia a ácido nalidíxico con la disminución de la sensibilidad a ciprofloxacina, hecho relevante que puede llevar a una falla en el tratamiento o una respuesta tardía en pacientes diagnosticados con salmonelosis y tratados con ciprofloxacina.

223. Uso de ceftazidime-avibactam en pacientes en una institución de alta complejidad en Costa Rica.

Quesada-Loria M, Pallares-Gutiérrez C, Universidad de Costa Rica. Universidad El Bosque. Cali.
christian.pallares@imbanaco.com.co

Introducción. La resistencia bacteriana es una pandemia global. En Latinoamérica existen pocas nuevas opciones para tratamiento. Ceftazidime-avibactam es un nuevo antibiótico activo contra enterobacteriales y *P. aeruginosa* resistente a carbapenémicos. Su eficacia terapéutica en monoterapia ha sido superior comparada con terapia combinada en infecciones por bacterias multidrogosresistentes. El objetivo del estudio fue describir el uso de ceftazidime-avibactam en prescripciones en pacientes con infecciones por bacterias resistentes en un hospital de alta complejidad en Costa Rica. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo entre 2020-2021. Se evaluaron prescripciones de ceftazidime-avibactam en pacientes con diagnóstico de infecciones por hemocultivos positivos identificados por método automatizado (Vitek). Se usaron pruebas colorimétricas (carbaNP) y luego inmunocromatografía de flujo lateral y PCR para detección de genes de resistencia (carbapenemasas). Se estableció curación como resolución clínica de la infección con hemocultivos de control negativos y no necesidad de antibióticos una semana después de la mejoría clínica. **Resultados.** Se evaluaron 49 prescripciones entre 2020-2021. 4 fallecieron antes de iniciar tratamiento y 1 se excluyó por uso de terapia combinada. El promedio de tiempo de tratamiento fue 8 días (2-14 días). Las infecciones prevalentes fueron neumonía (64%) y bacteriemia (15%) y los aislamientos más frecuentes *P. aeruginosa* (44,7%) y *K. pneumoniae* (21,3%). En *P. aeruginosa* los mecanismos de resistencia encontrados fueron impermeabilidad (70%), carbapenemasas tipo IMP-VIM (19%), IMP (9%); se aislaron 3 *P. aeruginosa* carbaNP+ sin identificación de mecanismo de resistencia. La proporción de curación global fue 70%, siendo 80% para *K. pneumoniae* y 71,4% para *P. aeruginosa*. **Conclusiones.** Ceftazidime-avibactam en monoterapia es eficaz contra bacterias resistentes a los antimicrobianos, incluyendo *P. aeruginosa*.

224. Caracterización fenotípica y molecular de enterobacteriales resistentes a betalactámicos de la microbiota intestinal de neonatos en un hospital de tercer nivel de Medellín.

Rada-Bravo A, Franco-Londoño S, Úsuga J, Toledo-Garzón M, Agudelo-Restrepo C, Atehortúa-Muñoz S. Grupo Biociencias, Facultad de Ciencias de la Salud: Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia. Clínica Universitaria Bolivariana. Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín.
ana.rada@colmayor.edu.co

Introducción. Los enterobacteriales productores de betalactamasas son un problema de salud pública. Reportamos anteriormente el primer brote por enterobacteriales productores de KPC-2 mediante plásmidos "promiscuos" en una UCI neonatal en Colombia. La edad gestacional al nacer, modo de parto, métodos de alimentación y la exposición a antibióticos tienen efectos en la microbiota intestinal (MI), con un impacto en el pronóstico neonatal y desarrollo de brotes. Por lo anterior, se propone caracterizar fenotípica y molecularmente enterobacteriales resistentes a betalactámicos de la MI de neonatos en un hospital de tercer nivel de Medellín. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de vigilancia en una unidad neonatal de un hospital de tercer nivel de Medellín, entre junio y diciembre de 2021. Se realizó tamizaje rectal de vigilancia epidemiológica (>4 semanas por paciente). En los enterobacteriales resistentes a betalactámicos de los tamizajes positivos se identificaron los genes que codifican para betalactamasas mediante PCR. Se recolectó la

información epidemiológica de la materna y el neonato. **Resultados.** Fueron incluidos 50 neonatos, encontrando 18% (n=9) de colonización por *Klebsiella pneumoniae* con blaCTXM/blaSHV/blaTEM (n=7) (Kpn-BLEE+), *Escherichia coli* con blaCTX-M/blaTEM (n=1), y *Enterobacter cloacae* Carba-NP negativo (n=1). Los pacientes colonizados tuvieron 3 días de exposición a antibióticos. **Conclusiones.** La colonización en esta unidad sugirió un brote por Kpn-BLEE+ en neonatos con factores de riesgo clínicos y determinantes ambientales para ser colonizados. Se requiere conocer la MI de estos pacientes durante el tiempo de seguimiento en comparación con los no colonizados.

225. Derivados de catelicidina, nueva alternativa terapéutica frente resistencia a antibiótica en *Staphylococcus aureus*.

Fonseca-Fernández A, Martínez H, Guevara-Suárez M, Leal-Castro A, Chad L, Celis-Ramírez A. Universidad de los Andes, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
a.fonseca10@uniandes.edu.co

Introducción. *Staphylococcus aureus* es uno de los microorganismos con las tasas de resistencia más altas a antibióticos de primera línea. Por tanto, avanzar en la búsqueda de alternativas terapéuticas frente a esté, toma relevancia en la actualidad. Estudios previos han demostrado que los péptidos derivados de catelicidina presentan potencial como tratamiento en infecciones bacterianas. En este sentido, el presente estudio busca evaluar la capacidad antimicrobiana de péptidos derivados de catelicidina. **Materiales y métodos.** Caracterizamos el perfil de sensibilidad a oxacilina, cefoxitin, ciprofloxacina, gentamicina, clindamicina, eritromicina y trimetoprima-sulfametoxazol de 14 aislamientos de *S. aureus*. Además, determinamos sensibilidad *in vitro* a péptidos ctn1, ctn2, ctn3, ctn4, ATRA-1 y LL-37, mediante técnica microdilución evaluando concentraciones entre 0,25-64 µg/mL. **Resultados.** El 50% de los aislamientos fueron resistentes a oxacilina y cefoxitin, 28,5% a eritromicina, 21,4% a clindamicina, 14,2% a ciprofloxacina, 7,14% a gentamicina, y no se detectó resistencia a trimetoprima-sulfametoxazol. Además, observamos que ctn1 presentaban actividad antimicrobiana promedio entre 14,4-15,8 µg/mL, ctn2 entre 11,3-15,9 µg/mL, LL-37 entre 29,3-41,1 µg/mL y ATRA-1 entre 18-30,6 µg/mL; Por lo anterior, estos péptidos demostraron capacidad tanto bacteriostática como bactericida. Sin embargo, en el caso de ctn3 y tcn4 aunque se detectó inhibición de crecimiento bacteriano alrededor de 11,3 y 18,9 µg/mL respectivamente, no se identificó potencial bactericida. **Conclusiones.** Identificamos que péptidos derivados de catelicidina son alternativas promisorias para el tratamiento de infecciones causadas por aislamientos de *S. aureus* resistentes a antibióticos. Sin embargo, se requieren estudios adicionales que permitan determinar efecto de estas moléculas frente a patógenos de este tipo. Financiado por Colciencias: 120480763040.

226. Amplificación isotérmica para detección de *Escherichia coli* y genes codificantes de betalactamasas de espectro extendido.

Machuca-Pérez M, Sosa-Ávila L, Jaimes-Caro E. Universidad Industrial de Santander. Bucaramanga.
elkinjaimes_15@hotmail.com

Introducción. Las infecciones del tracto urinario-ITU afectan frecuentemente a niños, ocasionando cuadros de infección aguda y crónica. Los agentes etiológicos detectados con mayor frecuencia en ITU son las enterobacterias, siendo *Escherichia coli* la más prevalente. En los últimos años se ha reportado el surgimiento y diseminación de cepas multirresistentes, especialmente aquellas productoras de betalactamasas de espectro extendido-BLEE5. Las infecciones por microorganismos multirresistentes constituyen un problema mundial y, en niños con ITU, incrementan las complicaciones limitando las opciones terapéuticas. Por esto, un diagnóstico temprano que permita el inicio de una terapia de antibióticos adecuada es indispensable. En este trabajo se estandarizó un método de diagnóstico molecular utilizando la amplificación isotérmica mediada por bucles-LAMP para la detección de *E. coli* y los genes de resistencia de BLEE: *blaCTX-M*, *blaTEM*, *blaSHV*. **Materiales y métodos.** Se realizó el diseño de iniciadores-LAMP específicos para los genes *blaCTX-M*, *blaTEM*, *blaSHV* y ARNr-23S de *E. coli*. Los ensayos LAMP fueron realizados usando el kit WarmStart-Colorimetric-LAMP (New England Biolabs) y para su estandarización se utilizaron cepas de referencia como control. Finalmente, los ensayos fueron utilizados para la caracterización de aislamientos clínicos obtenidos de pacientes pediátricos con ITU. **Resultados.** Los ensayos LAMP estandarizados permitieron la detección específica de *E. coli*, y de los genes *blaTEM* (3-aislamientos) y *blaCTX-M* (2-aislamientos). El gen *blaSHV* no fue detectado.

Conclusiones. Los protocolos LAMP detectaron a *E. coli* y tres genes de resistencia de BLEE de manera específica y rápida empleando para su amplificación dispositivos menos especializados (baño maría/bloque seco).

INFECTOLOGÍA DE ADULTOS

227. Infecciones en pacientes con reacciones adversas al uso de sustancias modelantes.

Moreno J, Bonilla-Moncada J, Ríos C, Castro C, Arturo J, Montilla E, Díaz-Roa K, Puerto G, Moreno N, Duarte C. Instituto Nacional de Salud. Santuario Medical Center. Inmugen Corporation. INVIMA, Bogotá.
jmoreno@ins.gov.co

Introducción. La infiltración de materiales extraños no aprobados para fines médicos o sustancias modelantes utilizadas para modificar la apariencia física representa un grave problema de salud. Estos procedimientos conducen al desarrollo de complicaciones tardías, incluidas infecciones. Objetivo: Caracterizar las infecciones en pacientes con reacciones adversas al uso de sustancias modeladoras en Cali, Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio transversal y descriptivo para determinar la frecuencia de infecciones bacterianas y fúngicas asociadas a complicaciones y reacciones adversas al uso de sustancias modeladoras en 113 pacientes. Se tomaron cinco muestras de tejido extraído durante la remoción quirúrgica de las sustancias modelantes para identificación de microorganismos por técnicas convencionales y amplificación del gen ARNr 16S. **Resultados.** Ciento tres pacientes (91,2%) fueron del sexo femenino con una edad promedio de 37 años. La zona anatómica más afectada fue la región glútea (n=110; 97%), el tiempo medio desde la inyección de las sustancias modeladoras hasta la presentación de signos y síntomas fue de 4 años y las manifestaciones clínicas más frecuentes fueron asimetría (n=107; 94,7%) y reacción granulomatosa (n=106; 93,8%). Se identificaron 22 microorganismos y una frecuencia de 68,1% infecciones monomicrobianas y 31,8% infecciones polimicrobianas. Los principales microorganismos identificados en nuestro estudio incluyeron *Bacillus cereus*, *Mycobacterium fortuitum* y *Pseudomonas stutzeri*. **Conclusiones.** Se ha demostrado la presencia de efectos adversos derivados del uso de sustancias ilegales para modelar. Entre esos efectos, las infecciones ocurren con alta frecuencia y ponen en riesgo la salud del paciente y aumentan los problemas en la atención a la salud.

228. Relación de los aislamientos microbiológicos de episodios de bacteriemia y la colonización rectal por microorganismos multidrogaresistentes en una unidad de trasplante de médula ósea en Colombia.

López-Mora M, Mora-Figueroa E, Guarín A, Pinzón P, Figueroa J, Peña O, Gómez C, Pedraza E, Lamadrid C, López G, Ramírez C. Clínica de Marly. Bogotá.
mjlopezun@hotmail.com

Introducción. La bacteriemia es una causa importante de morbi-mortalidad en los pacientes neutropénicos y con trasplante de progenitores hematopoyéticos (TPH). El hisopado rectal es una herramienta para orientar la terapia empírica. **Materiales y métodos.** Presentamos los resultados de una unidad oncohematológica y de TPH, donde realizamos tamizaje para BLEE (betalactamasas de espectro extendido), ERC (enterobacterias resistentes a carbapenémicos) y EVR (enterococo resistente a vancomicina) al ingreso y cada semana hasta la resolución de la neutropenia, y la correlación de esta colonización con los episodios de bacteriemia. Estudio descriptivo retrospectivo, realizado entre 2019 y 2021. **Resultados.** Se obtuvieron 621 hisopados rectales en 331 pacientes. La prevalencia de bacteriemia en la cohorte fue del 16,6% (63 episodios en 55 pacientes), 60% por bacilos Gram negativos, 21% por cocos Gram positivos, 19% polimicrobianas. Siete pacientes (2,11%) estaban colonizados por EVR, sin casos de bacteriemia. La colonización por BLEE se presentó en el 28,7% (95 pacientes), de los cuales 26,3% (25 pacientes) presentaron algún episodio de bacteriemia (3 por BLEE y 4 por AmpC). La colonización por ERC fue del 13,6% (45 pacientes), de estos 26,6% (12 pacientes) presentaron bacteriemia, siendo dos casos por ERC. Hubo un caso de BLEE, cuatro de AmpC y dos de ERC en pacientes no colonizados. La sensibilidad del HR para bacteriemia por BLEE, BLEE-AmpC y ERC fue del 75%, 58% y 50%, respectivamente y la especificidad fue del 72%, 72% y 87%, respectivamente. **Conclusiones.** El HR tiene un alto valor predictivo negativo.

229. Ajuste oportuno de la terapia antimicrobiana en infecciones del torrente sanguíneo: un indicador clave en los programas de optimización de antimicrobianos (PROAs).

Valderrama-Ríos M, Cortés-Luna J, Álvarez-Moreno C. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
mavalderramar@unal.edu.co

Introducción. El ajuste oportuno de la terapia antimicrobiana de acuerdo con el reporte microbiológico es uno de los indicadores de mejoramiento continuo de los PROAs. El objetivo del presente estudio es describir los hallazgos en la medición de este indicador desde la experiencia de un hospital universitario. **Materiales y métodos.** Estudio cuasi-experimental antes-después, realizado en el Hospital Universitario Nacional de Colombia (HUN), con una medición inicial (abril-mayo/2021), la implementación y divulgación del PROA (agosto-octubre/2021), considerada la intervención, y una medición posterior (febrero-abril/2022). Los participantes fueron los profesionales a cargo de la prescripción de antimicrobianos, y el resultado principal fue la proporción de ajustes realizados dentro de las 36 horas posteriores al reporte de hemocultivos antes y después de la intervención. **Resultados.** Los casos en los cuales no estaba indicado o no era posible el ajuste fueron excluidos para el análisis en ambas mediciones, antes y después de la intervención (43% [N=93] y 46% [N=57], respectivamente). Se evidenció un incremento clínicamente significativo en la proporción de ajustes oportunos (81% [n=43] vs 87% [n=27]; p=0,479), y ajustes realizados por el grupo tratante (88% [n=38] vs 93% [n=25]; p=0,566). Antes y después de la intervención, más del 75% de los casos en los cuales no se realizó ajuste oportuno, tenían instaurados antimicrobianos como vancomicina, meropenem, cefepime o piperacilina/tazobactam, identificándose posteriormente por el PROA la indicación y posibilidad de desescalamiento de acuerdo con el reporte microbiológico. **Conclusiones.** El fortalecimiento a través de los PROAs del indicador de ajuste oportuno, es esencial para la cultura del uso apropiado de antimicrobianos

230. Caracterización de pacientes con neumonía adquirida en la comunidad en un hospital de alta complejidad en tiempos de COVID-19.

Muñetón-Ramírez K, Montañez-Azcárate V, Matta-Cortés L. Universidad del Valle. Cali.
kevin.muneton@correounivalle.edu.co

Introducción. La neumonía adquirida en la comunidad (NAC) es una de las infecciones más frecuentes a nivel mundial, aportando una gran carga de morbilidad y mortalidad al año. Su incidencia varía según la región. Sin embargo, en nuestro país estos datos son escasos y respaldados por estudios antiguos. Por lo anterior, propone un estudio descriptivo para caracterizar la población con NAC en el HUV entre 2020 y 2021, para aumentar el conocimiento de esta patología, más aún en tiempos de la pandemia de COVID-19. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo de corte transversal, que incluye pacientes con diagnóstico de NAC en el HUV entre el periodo enero del 2020 a enero del 2021 y que cumplan los criterios de la guía colombiana. Se realizó un análisis descriptivo con tablas de frecuencias relativas y absolutas y con un nivel de significancia del 0,05. **Resultados.** Se incluyeron un total de 74 pacientes, los cuales presentaron un promedio de edad de 45 años (RIC 24-64), mayormente del sexo masculino 50,7% (36). En cuanto a la mortalidad o condición de egreso se obtuvo que el 28,36% (19) fallecieron, en los cuales no se evidenció asociación estadísticamente significativa respecto a las características clínicas e imagenológicas del paciente. La mediana de hospitalización en UCI fue de 8 días (RIC 5 – 18). **Conclusiones.** La NAC tiene una alta mortalidad en escenarios de alta complejidad, aún en tiempos de COVID-19. Es necesario realizar estudios para conocer la caracterización microbiológica y diferentes desenlaces clínicos en nuestro medio.

231. Temperatura constituye un factor crítico en el crecimiento del *Treponema pallidum* en testículos de conejos blancos de nueva Zelanda.

Ramírez L, Folleco A, Silva S, Hawley K, La Vake C, Vargas F, García J, Galindo X, Palomares J, Sena A, Radolf J, Salazar J, López-Medina E. CIDEIM. ICESI. University of Connecticut School of Medicine. Corporación de Lucha Contra el Sida. Connecticut Children's Hospital. Centro de Estudios en Infectología Pediátrica CEIP. Cali.
lgramirez@cideim.org.co

Introducción. *Treponema pallidum* (Tp), causante de sífilis, es una espiroqueta con limitadas capacidades metabólicas, obligatoria del huésped, no cultivable *in vitro*. Para su estudio se requiere infección intratesticular en co-

nejos blancos de Nueva Zelanda. **Materiales y métodos.** Conejos (≥ 3 meses, 3-4 Kg) ubicados en jaulas dentro de habitación de bioterio con temperatura de 12°C, recibieron inyección intratesticular con cepas de referencia de Tp y muestras de pacientes con sífilis temprana. Se evaluó seroconversión por serología RPR. Se hizo resección de testículos del biomodelo e identificación del Tp por campo oscuro, cuantificación de carga bacteriana por microscopía y qPCR (copias/ μ L del gen *PolA*) y evaluación de cambios inflamatorios por patología. **Resultados.** En 2/12 biomodelos se identificó Tp por campo oscuro con baja carga treponémica y mínimo infiltrado celular. Después de 18 meses de experimentos fallidos, se detectó fluctuación de temperatura en la habitación, con temperaturas máximas de 15°C. Como medida correctiva, se adquirió y adaptó nevera industrial con temperatura controlada (10-12°C), para alojar 4 biomodelos. Siete meses post-implementation de este equipo, 9/13 biomodelos presentaron cargas treponémicas positivas. Por primera vez en Colombia se recuperó y congeló una cepa clínica de Tp, proveniente de un paciente con 0,8 copias de Tp/ μ L de sangre. Después de 3 pasos intratesticulares en biomodelos, se logró detectar 775 copias/ μ L y campo oscuro con abundante Tp. **Conclusiones.** Esta tecnología permitirá a los bioterios desarrollar biomodelos para propagación de cepas clínicas de Tp bajo condiciones de temperatura controladas, permitiendo generar suficientes espiroquetas para evaluar su diversidad antigénica.

MICOLOGÍA

232. Descifrando aspectos relacionados con la patogenicidad de *Malassezia*: evaluación de la interacción entre queratinocitos y *Malassezia globosa*.

Ríos-Navarro A, Mora-Restrepo F, Bolaños-Cristancho N, González J, Celis-Ramírez A. Universidad de los Andes. Bogotá.
a.ríos@uniandes.edu.co

Introducción. *Malassezia globosa* es una levadura lípido-dependiente que hace parte de la microbiota de la piel, y se ha asociado a distintas enfermedades dermatológicas. Esta levadura es capaz de colonizar la piel, la cual contiene una variedad de lípidos, que convierten el ambiente cutáneo un lugar adecuado para que esta levadura establezca su nicho ecológico. Los estudios acerca de los mecanismos involucrados en el proceso de infección y la respuesta celular de los queratinocitos cuando interactúan con esta levadura son limitados. El objetivo fue establecer un modelo de infección *in vitro* de línea primaria de queratinocitos humanos con *M. globosa* en un medio suplementado con lípidos, y evaluar distintos parámetros asociados a su interacción. **Materiales y métodos.** Se implementó un modelo de infección usando la línea celular HEKa en un medio suplementado con escualeno, ácido oleico y ácido esteárico a concentración 0,5 mM. Las células se infectaron con *M. globosa* en proporciones entre 1:5 y 1:40, y se evaluaron parámetros asociados a la infección como porcentaje de invasión, mediadores solubles de la respuesta inmune y efecto sobre la viabilidad celular mediante ensayos con MTT, entre otros. **Resultados.** *M. globosa* es capaz de infectar los queratinocitos y disminuir su viabilidad en un medio suplementado con lípidos cuando *Malassezia* se encuentra en mayor proporción. Además, la presencia de levaduras desencadena una respuesta inmune en los queratinocitos aumentando la expresión de distintas citoquinas. **Conclusiones.** *M. globosa* es capaz de infectar queratinocitos, irrumpir su homeostasis y estimular la secreción de moléculas inmunes en un medio suplementado con lípidos.

233. *Galleria mellonella* como un modelo de infección para la evaluación de interacción huésped – patógeno en *Fusarium* y *Neocosmospora*.

Sáenz-Moncaleano V, Celis-Ramírez A. Universidad de los Andes. Bogotá.
v.saenzm@uniandes.edu.co

Introducción. Las especies de los géneros *Fusarium* y *Neocosmospora* son patógenos de humanos, animales y plantas. Por lo anterior, el objetivo de este estudio fue determinar la interacción huésped-patógeno en un aislamiento clínico (*Neocosmospora solani*) y ambiental (*Fusarium oxysporum*) empleando el modelo de *Galleria mellonella*. **Materiales y métodos.** Se seleccionaron al azar 10 larvas de *G. mellonella* por experimento (por triplicado) con peso corporal entre 200-300 mg. Los tratamientos incluían concentraciones 1,5x10⁴, 1,5x10⁵ y 1,5x10⁶. Se emplearon dos grupos control: 1) se inoculó con 20 ml de Tween 80 al 0,1% (control de inóculo), y otro 2) que no recibió ninguna inyección (control de lote). Se inyectó 20 ml del inóculo a través de la última propaga izquierda empleando una jeringa de insulina. Las larvas fueron incu-

badas a 25 y 37°C. La supervivencia se evaluó diariamente. **Resultados.** Se logró establecer la infección para ambos aislamientos en las dos temperaturas de incubación. Ambos aislamientos pueden causar mortalidad en las larvas cuando se inyectan 1,5x10⁶ en el hemocele y esta es mayor cuando se incubaba a 25°C en ambos aislamientos. En las larvas infectadas con *N. solani* (1,5x10⁶) e incubadas a 25°C se alcanzó el 50% en el día dos, mientras que las larvas inoculadas con *F. oxysporum* alcanzaron el 50% de mortalidad en el día tres. Los hallazgos histopatológicos demostraron daño en la integridad de los tejidos en la infección por ambos aislamientos. **Conclusiones.** El modelo de *Galleria mellonella* permite evaluar la interacción huésped-patógeno en la infección por *Fusarium* y *Neocosmospora*.

234. Caracterización de la enfermedad fúngica invasora por hongos filamentosos en un centro de tercer nivel en la ciudad de Pereira entre los años 2015-2019.

Ordoñez-Díaz K, Buitrago-Estrada J, Osorio-Velásquez B, Galindo-Márquez M. Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira.
brahyan34@gmail.com

Introducción. Las enfermedades por hongos filamentosos especialmente del género *aspergillus* son un problema importante en salud pública por las múltiples complicaciones que generan principalmente de tipo infeccioso, el tratamiento suele ser prolongado y requerir diversos esquemas terapéuticos por lo que realizar este tipo de estudios permiten plantear la línea base de un grupo poblacional, plantear estudios de investigación adicionales para mejorar decisiones en la práctica médica actual. **Materiales y métodos.** Objetivos: Caracterizar la enfermedad fúngica invasora en una población de pacientes oncológicos y no oncológicos en un hospital universitario de tercer nivel de la ciudad de Pereira entre los años 2015 y 2019. Métodos: Estudio observacional retrospectivo de corte transversal, donde se analizaron todas las historias clínicas de pacientes con enfermedad fúngica invasora en los años 2015-2019 en el hospital universitario san Jorge. **Resultados.** Se recolectaron 126 historias clínicas de las cuales 23 cumplían los criterios de inclusión, el 100% corresponden a diagnóstico de aspergilosis, todos fueron diagnosticados a través de prueba de galactomanano, aproximadamente el 47,8% tenían leucemia como la principal neoplasia asociada y el 69% estuvieron vivos al alta hospitalaria. **Conclusiones.** La aspergilosis pulmonar es una enfermedad que conlleva a diversas complicaciones especialmente en pacientes inmunosuprimidos por lo que identificar sus principales características conlleva a una detección más temprana y mejora resultados en el tratamiento lo que contribuye a disminuir la morbimortalidad.

235. Protocolo separación de levaduras de *Malassezia spp.* y hemocitos de *Galleria mellonella* para la evaluación lipídica durante la interacción hospedero-patógeno.

Torres-Moreno M, Celis-Ramírez A. Universidad de los Andes. Bogotá.
marit-to@uniandes.edu.co

Introducción. El género *Malassezia* comprende un grupo de levaduras lípido-dependientes que se encuentran como comensales en humanos y animales. Este género se ha asociado a entidades clínicas tanto dermatológicas como sistémicas. Pero se sabe poco sobre la interacción hospedero-*Malassezia*, así como de las condiciones que llevan a estas levaduras a ser patógenas, y del papel del metabolismo lipídico en su virulencia. Lo que hace necesario el uso de modelos de infección, como la larva de *G. mellonella*. El presente estudio tiene como objetivo estandarizar un protocolo de separación de levaduras de *Malassezia* y hemocitos de *G. mellonella* que permitirá posteriormente caracterizar el perfil lipídico de *Malassezia* y su hospedero. **Materiales y métodos.** Para lograr dicho objetivo se llevó a cabo un estudio de tipo experimental *in vivo* donde se inocularon larvas de *G. mellonella* con *M. furfur* y *M. pachydermatis*. Después de 24 horas, se extrajo la hemolinfa para separar el componente acelular, celular total, hemocitos y levaduras. Para la separación celular se evaluaron diferentes protocolos basados en el método de gradiente de densidad. **Resultados.** Como resultado se obtuvo una separación de tres fases, recuperándose en la fase inferior entre 1,0*10⁴ y 2,0*10⁴ células de *M. furfur* y *M. pachydermatis* con una baja presencia de hemocitos. Finalmente, se hizo un análisis preliminar mediante HPLC-QTOF-MS, encontrándose diferencias en la composición lipídica entre las muestras evaluadas. **Conclusiones.** A partir de los resultados obtenidos, concluimos que la metodología implementada es útil para la evaluación del perfil lipídico de *Malassezia* y su hospedero durante la interacción.

EPIDEMIOLOGÍA CLÍNICA, INFECCIONES INTRAHOSPITALARIAS Y CONTROL DE INFECCIÓN

236. Frecuencia de colonización de microorganismos resistentes en pacientes remitidos a la unidad neonatal del Hospital Universitario San Ignacio del 1 de noviembre 2016 al 0 de febrero de 2020.

Beltrán-Munévar L, López-García J, Bohórquez-Peñaranda A, Suárez-Fuente M, Bertolotto A, Vargas Y. Pontificia Universidad Javeriana. Hospital Universitario San Ignacio. Bogotá.
jclopezg@husi.org.co

Introducción. Las infecciones por gérmenes multirresistentes han aumentado en la población en los últimos años. Se han desarrollado estrategias para el control y la prevención de dichas infecciones como la toma de hisopados rectales. El objetivo de este estudio fue describir la prevalencia de colonización y la incidencia de infección de gérmenes multirresistentes, así como explorar la asociación entre la colonización y las condiciones preexistentes. **Materiales y métodos.** Cohorte histórica con componentes analíticos de todos los pacientes remitidos o con hospitalización previa ingresados a la unidad de recién nacidos del Hospital Universitario San Ignacio entre noviembre del 2016 y enero del 2020. Se realizó un análisis univariado y un modelo de asociación exploratorio (regresión logística) para asociar las condiciones preexistentes de la población y la colonización. **Resultados.** 722 pacientes fueron incluidos en la muestra y 68 presentaron hisopados positivos (9,42%). El principal aislamiento en los resultados de los hisopados y en las infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS) fueron las enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido diferentes a *E. coli*. La prevalencia de IAAS por gérmenes multirresistentes fue de 2,94%, encontrando únicamente dos casos de infección por el mismo germen aislado en el hisopado rectal. Se encontró como única asociación entre las condiciones preexistentes y la colonización el uso de antibióticos previos OR 2,149 (IC 1,139 – 4,053, p 0,000). **Conclusiones.** Encontramos como más probable la colonización por gérmenes multirresistentes en pacientes expuestos a antimicrobianos previamente y las infecciones por gérmenes multirresistentes fueron más frecuentes en los pacientes colonizados.

237. Microbioma rectal de pacientes con infecciones asociadas al cuidado de la salud en una unidad de cuidados intensivos en Colombia.

Martínez J, Malavet T, Loaiza S, Ordoñez K, Díaz L, Castro B, Carvajal L, Parada A, Rodríguez Y, Rincón S, Reyes J. Unidad de Genética y Resistencia Antimicrobiana: Universidad El Bosque, ESE Hospital San Jorge de Pereira. Zipaquirá.
julyvictoriarmartinez@hotmail.com

Introducción. Los pacientes críticamente enfermos tienen mayor riesgo de desarrollar infecciones asociadas al cuidado de la salud. El estudio del microbioma permite un enfoque ambiental y preventivo de las infecciones. La alteración del microambiente es el primer eslabón en la aparición de infecciones bacterianas. En este estudio describimos el microbioma rectal de pacientes de UCI en un hospital en Colombia. **Materiales y métodos.** Se recolectaron 96 hisopados rectales de pacientes en su admisión a la UCI durante 2019-2021. Se determinó la presencia de CRE y se realizó la caracterización de su microbioma mediante la secuenciación del dominio V4 del ARNr 16S. Se calcularon los índices de alfa diversidad de Shannon y Simpson, lo cuales fueron comparados entre muestras de pacientes que desarrollaron infección o no. **Resultados.** 29 pacientes (30,2%) desarrollaron infección durante su estancia en UCI, 8 (27,5%) de estos pacientes estaban colonizados por CRE. De los 67 pacientes no infectados, 5 (7,5%) estaban colonizados por CRE. La comparación de índices de alfa diversidad de los microbiomas rectales de pacientes que desarrollaron o no infección, no fue significativa ($P > 0,5$), sin embargo se observó una mayor proporción de *Campylobacter hominis* en pacientes infectados ($P = 0,028$). **Conclusiones.** La presencia o ausencia de ciertos microorganismos en el microbioma rectal podría estar asociada a una mayor vulnerabilidad de los pacientes a desarrollar infecciones. Se requieren más estudios que involucren la exploración del microbioma en vigilancias epidemiológicas con el fin de aplicar la medicina de precisión en pacientes críticamente enfermos. Financiación MinCiencias CT776-2018/Código: 130880764152.

238. Efectos de un programa de optimización de antifúngicos en la modificación de su consumo y errores de prescripción en un hospital público universitario de alta complejidad en Colombia.

Berrio-Medina I, Echavarría A, Murillo C, Cuesta D. Hospital General de Medellín. Grupo MME: Corporación Para Investigaciones Biológicas CIB. Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín.
indiraberriom@hotmail.com

Introducción. La implementación de programas de optimización de antifúngicos ("Antifungal stewardship") es una herramienta eficaz para lograr su uso apropiado y disminuir resistencia. Objetivo: evaluar los cambios de tendencia del consumo y la frecuencia de errores de prescripción tras la implementación de un "Antifungal stewardship". **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio ecológico retrospectivo con datos de consumo de antifúngicos (DDD) y errores de prescripción entre enero de 2018 y diciembre 2020 en un hospital con 438 camas de hospitalización, 23 de UCI expandidas a 146 UCI adulto por la pandemia. Se obtuvo un modelo de regresión para estimar cambios de DDD. **Resultados.** Se realizaron 576 prescripciones de antifúngicos, 66% equinocandinas (62% caspofungina), 31,9% triazoles y 2,1% anfotericina liposomal B. Los errores más frecuentes fueron: la indicación en equinocandinas 23,2% (solo en caspofungina), la dosificación en triazoles 10,3% y anfotericina liposomal B 16,7%, las dosis de carga en triazoles 9,8% y equinocandinas 3,2%. En UCI disminuyó el consumo de caspofungina en el tiempo DDD -0,08 (CI95% -0,12;-0,04), sin embargo, el "Antifungal stewardship" y COVID-19 aumentaron su consumo DDD 1,56 (CI95% 0,05;3,07) y 1,84 (CI95% 0,52;3,16), respectivamente. En servicios no críticos fue similar DDD tendencia en tiempo -0,033 (CI95% -0,05;-0,02), por PROAF 0,18 (CI95% -0,003;0,36) y COVID-19 0,30 (CI95% 0,13;0,46). **Conclusiones.** Aunque la pandemia por COVID-19 y el inicio de "Antifungal stewardship" aumentó el uso de equinocandinas, la tendencia decreciente se mantuvo, probablemente por la optimización en su uso. El programa demostró oportunidades de mejora en el uso inapropiado de antifúngicos en UCI antes y durante la pandemia.

NUEVAS TERAPIAS EN ENFERMEDADES INFECCIOSAS

239. Bioinformatic approach for the repurposing of immunomodulatory drugs against lepromatous leprosy.

Espitia-Sudea G, Gutiérrez-Castañeda L, Guerrero-Guerrero M. Fundación Universitaria de Ciencias de la Salud: FUCS. Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta. Bogotá.
sittuche@gmail.com

Introducción. We hypothesized that detection of drug-disease relationships could help to immunomodulatory drug repurposing against lepromatous leprosy disease. Our aim was to identify immunomodulatory drugs available in databases for the lepromatous leprosy treatment. **Materiales y métodos.** The human gene dataset was collected from (HuGE) Navigator, and DisGeNET. Data was enriched with DAVID and filtered in Cytoscape. The gene networks and cellular processes were filtered. The ranges were determined per network and interpreted regarding gene ontology, biological function and metabolic pathway. Over-Representation Analysis (ORA) and enrichment analysis (EA) a priori of genes cell pathways was performed; followed by gene cluster analysis and docking reverse. **Resultados.** of associated cellular processes were TNF, IFNG, Interleukin (IL) 6, 10, 12B, 1B, 13 and 18; Cluster of differentiation 28, 40, and 80; MAPK1, CD40LG, TLR2, ICAM1, human leukocyte antigen (HLA) DQA1 and DRB1. The cellular processes most associated with lepromatous leprosy were mostly inflammatory: inflammatory bowel disease, Th1/Th2 differentiation; or infection: tuberculosis, leishmaniasis, influenza, herpes simplex, measles. These associations highlight the similarities between approaches to different diseases and their treatments. Within the immunomodulatory candidates, the general group of biological compounds (particularly monoclonal antibodies and kinase inhibitor proteins) stands out among the research candidates. **Conclusiones.** Foreskin fibroblasts and keratinocytes could complement the treatment of skin lesions. The GSEA and phenotypic databases are useful tools to guide resources towards the search for new treatments based on the exploration of associations in already known diseases. The reuse of drugs (drug repurposing) (i.e. thalidomide), is important to expand treatment possibilities.

240. Acercamiento *in silico* interacción de fullerenos con moléculas diana asociadas al virus influenza variante H3N2.

Jaimes-Ariza J. Best Planet Science. Bogotá.
bioquimicajunior@bestplanetsscience.com

Introducción. Un incremento de casos en nuevas variantes de influenza reportados en el tercer mes de 2022, incentivó la investigación de nuevas dianas terapéuticas, encontrándose entre éstas el fullereno; una molécula de carbono alotrópico involucrada en la inhibición de ARN polimerasa. El presente estudio tuvo como objetivo determinar las posibles interacciones del fullereno

con las proteínas asociadas al virus de influenza H3N2. **Materiales y métodos.** Se realizó la predicción de las estructuras tridimensionales de las proteínas de unión hemaglutinina y neuromidasa en el programa I-TASSER, que fueron modeladas mediante el servidor Swiss model, a partir de secuencias reportadas en el servidor UNIPROT, para el ligando, se realizó el modelo de una molécula de fullereno en el programa Avogadro y se optimizó mediante Gaussian, se evaluó una posible interacción usando Docking molecular, mediante el servidor Swiss dock, de igual forma se realizó un acoplamiento dirigido con Autodock Vina. **Resultados.** La estructura tridimensional de hemaglutinina tuvo una cobertura de 0,89 y una identidad de 85,29%, y la Neuromidasa una cobertura de 0,83 con una identidad 94,59%. El ligando presentó una energía de optimización de 5172 kJ/mol, y fueron determinadas las zonas con mayor probabilidad de interacción, las cuales presentan una energía de unión de -7,16 KJ/mol y de -4,54 KJ/mol para cada diana, presentando coincidencia con los resultados obtenidos en VINA. **Conclusiones.** Las interacciones ligando-proteína mediante acoplamiento permitieron explicar la posible inhibición por impedimento estérico que podría tener el fullereno al unirse a zonas apolares en las moléculas diana.

TRABAJOS COMPLETOS

TC241. Factores asociados con la infección invasiva por *Candida auris* en unidades de cuidado crítico en un hospital de tercer nivel de Colombia.

Cardenio J, Berrio I, Agudelo C, Zemanate D, Maya L, Escandón P. IPS Universitaria Clínica León XIII. Hospital General de Medellín. Universidad Pontificia Bolivariana. Hospital Universitario San José de Popayán. Universidad Nacional de Colombia. Instituto Nacional de Salud. Medellín.
jcardeno86@gmail.com

Introducción. *Candida auris* es un patógeno emergente, multiresistente, que se ha convertido en un grave problema de salud pública debido a los brotes hospitalarios asociados. El objetivo de este estudio es determinar factores asociados a la infección fúngica invasiva por *Candida auris*. **Materiales y métodos.** Realizamos un estudio observacional retrospectivo de casos y controles, incluyendo 142 pacientes, 127 colonizados y 15 infectados. Se recogieron datos demográficos, clínicos y de laboratorio y se realizó un análisis multivariado y un algoritmo de minería de datos y evaluamos su capacidad para identificar pacientes colonizados e infectados. **Resultados.** Se incluyeron un total de 142 pacientes, de los cuales 15 presentaban infección fúngica invasiva, principalmente candidemia (N=9, 60%). La exposición previa a nutrición parenteral total (OR 4,92, IC95% 1,34-18,05, p=0,016) y los valores de albúmina (OR 0,21, IC95% 0,07-0,65, p=0,007) se asociaron de forma significativa con la presencia de infección fúngica invasiva por *Candida auris*. El área bajo la curva (ABC) correspondiente al modelo de regresión logística fue de 0,781. El algoritmo de minería de datos basado en la exposición a antifúngicos, la ausencia de neoplasia y el puntaje APACHE II mostró una precisión del 89,7% al clasificar a los pacientes colonizados. **Conclusiones.** Este estudio identificó algunos factores asociados a la infección invasiva por *Candida auris* en pacientes previamente colonizados.

TC242. Validación de la prueba RT-qPCR para detección de SARS-CoV-2 en muestras de saliva en Bucaramanga-Colombia.

Sosa-Ávila L, Díaz M, Jaimes-Campos M, Rodríguez-Villamizar L, Oróstegui-Arenas M, Martínez-Vega R, Vera-Cala L, Bautista L. Universidad Industrial de Santander. Universidad de Santander. University of Wisconsin-Madison. Bucaramanga.
lumisosa@gmail.com

Introducción. Se requieren alternativas fáciles, confiables y económicas para obtención de muestras para diagnóstico y vigilancia epidemiológica. Numerosos estudios respaldan el uso de la saliva. En Latinoamérica se usa poco y aún faltan estudios que validen su uso. Objetivo: Estandarizar, validar y presentar una experiencia de uso de la prueba SARS-CoV-2 RT-qPCR en muestra de saliva. **Materiales y métodos.** 1) Se realizó un ensayo de laboratorio para determinar el límite de detección y la sensibilidad analítica, 2) una validación de prueba diagnóstica entre mayo y junio de 2021 y 3) una experiencia de uso entre 6 de septiembre y 18 de diciembre de 2021 en Bucaramanga. La extracción de ARN se realizó con el kit MagMAX™ Viral/Pathogen II. Se realizó la RT-qPCR siguiendo el Protocolo de Berlín. Aprobado por el comité de ética de la Universidad Industrial de Santander. Se calculó sensibilidad, especificidad y cocientes de probabilidad positivos y negativos. Se calculó la positividad en asintomáticos y sintomáticos. Los análisis se realizaron con Stata® 16.1 **Resultados.** El LoD en saliva fue 10 copias/ml y 100 copias/ml en HNF. En la validación (n=412, entre

4-84 años), la sensibilidad y especificidad fue de 88,9% y 96,1% (sintomáticos 100% y 95%; asintomáticos de 57% y 96%). Los sintomáticos tuvieron valores de CT más bajos que los asintomáticos. La experiencia de uso (n=4.932, entre 2-94 años), con positividad de 2,1%, (asintomáticos 1,0%, sintomáticos 5,2%) **Conclusiones.** La muestra de saliva es una excelente alternativa, con mejor rendimiento que el HNF. Es fácil, útil para diagnóstico y vigilancia, y mejor aceptada.

TC243. Perfil epidemiológico de la infección por SARS-CoV-2 en pediatría.

Bustos M, Acero-Azuero S, Pedraza-Galvis M, Granados C, Constain A, De Castro-Hernández M, Moncaris-González M, Bejarano-Morales D, Bojaca-Chauta D, Cusba-Infante A, Corredor-Becerra Y, Bertolotto A, Restrepo S, López J, Rondón-Sepúlveda M. Hospital Universitario San Ignacio, Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá.
jclopezg@husi.org.co

Introducción. Desde el 12 de diciembre de 2019 cuando los primeros casos fueron reportados en Wuhan (China) la enfermedad por SARS-CoV-2 también denominado COVID-19, se ha propagado alrededor del mundo con un aumento exponencial en el número de casos. El Objetivo es describir el perfil epidemiológico y clínico de los pacientes pediátricos que fueron atendidos por sospecha de infección de COVID-19 entre marzo y octubre del 2020, en el hospital universitario San Ignacio (HUSI), en Bogotá-Colombia. **Materiales y métodos.** Diseño de corte transversal. Descripción de pacientes con edades entre 1 mes de vida y 18 años, valorados entre marzo y octubre del 2020, abordados por cualquier servicio de atención pediátrica de un hospital universitario por sospecha de infección por COVID-19. Se registraron variables demográficas y el motivo de consulta de todos los individuos con sospecha de infección. Únicamente cuando se confirmó la infección por SARS-CoV-2 se registraron las variables relacionadas con aspectos clínicos de la enfermedad y su evolución. **Resultados.** Se evaluaron 920 registros con 157 casos confirmados de infección por SARS-CoV-2. El principal motivo de consulta fue fiebre en un 50%. En los pacientes con confirmación virológica el 32,48% requirieron manejo hospitalario. Las manifestaciones respiratorias tuvieron un 43,9% de frecuencia y las gastrointestinales un 50,9%. Se sospechó MIS-C en 5 pacientes. Sin mortalidad asociada. **Conclusiones.** La infección por SARS-CoV-2 se relaciona con un espectro de enfermedad asintomática y leve, con mayor frecuencia de síntomas gastrointestinales comparado con los respiratorios. Los pacientes con MIS-C presentaron un mayor compromiso renal.

TC244. Uso extendido respiradores N95: determinación de su vida útil después de uso continuo.

Vega L. Universidad de los Andes. Bogotá.
lv.vega@uniandes.edu.co

Introducción. La situación actual de pandemia del COVID 19 ha propiciado el uso de mascarillas de alta eficiencia, para disminuir el riesgo de contagio, generando un desabastecimiento de las mascarillas, varias publicaciones se refieren a la necesidad de reusar este elemento dadas las condiciones sociales y económicas. **Materiales y métodos.** En este estudio se utilizaron mascarillas filtrantes certificadas por la NIOSH y aprobadas por la norma TC-84A-8118. Las mascarillas fueron evaluadas después de la exposición al calor, la humedad y las micropartículas, por jornadas de tiempo de 8 y 12 horas. Posteriormente, se evaluó el porcentaje de filtrado final y la diferencia de presión resultado de las horas de uso de las mascarillas. **Resultados.** Los resultados demostraron que la saturación del filtro afecta directamente el diferencial de presión, ya que a medida que aumenta las horas de uso, este fue incrementándose, lo que refleja que el esfuerzo respiratorio es mayor con cada reuso. A nivel del porcentaje de filtrado se pudo evidenciar que a pesar de que el filtro se satura, el filtro permanece efectivamente eficiente, con resultados superiores al 95%. **Conclusiones.** Este estudio exploró la vida útil de las mascarillas N95 bajo un esquema de reusos, y se encuentra que, el N95 si puede ser reutilizado de manera confiable y segura con un máximo de reusos antes de ser desechado, favoreciendo a los trabajadores de la salud, en especial en épocas de desabastecimiento.

TC245. Revisión sistemática de la respuesta a tratamiento no apropiado en pacientes con pielonefritis aguda adquirida en la comunidad por microorganismos productores de betalactamasas de espectro extendido.

González-Castro E, Nocua-Báez L, Valderrama M, Cortes-Luna J. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
lcnocua@unal.edu.co

Introducción. La infección del tracto urinario adquirida en la comunidad es frecuente y existe una alta frecuencia de BLEE. El objetivo del estudio es evaluar si hay diferencia en resultados clínicos entre el uso empírico de antibióticos

inapropiados vs apropiados, definidos por la susceptibilidad *in vitro*, en pacientes adultos con pielonefritis por productores de BLEE. **Materiales y métodos.** Revisión sistemática de la literatura, siguiendo las recomendaciones de la colaboración Cochrane, en Medline vía OVIb, Embase, LILACS y la Biblioteca de la Colaboración Cochrane (Bases Cochrane Library y CENTRAL). La búsqueda incluyó ensayos clínicos, estudios de cohorte (prospectivos o retrospectivos) o casos y controles en los cuales se haya evaluado la efectividad y seguridad del tratamiento antimicrobiano empírico, no activo (resistente en las pruebas *in vitro*) o activo para microorganismos productores de BLEE en pacientes adultos con pielonefritis adquirida en la comunidad. El desenlace primario fue la falla microbiológica y la falla clínica. PROSPERO (CRD42021242852). **Resultados.** Se incluyeron 4 artículos de cohortes. No encontramos diferencia en la falla clínica entre los pacientes con pielonefritis aguda adquirida en la comunidad por microorganismo BLEE tratados con antibióticos empíricos no apropiados vs. apropiados con un OR de 1,47 IC 95% 0,65-3,11. Tres estudios evaluaron mortalidad sin encontrar diferencias significativas, OR 0,59 IC 95% 0,23-1,56. **Conclusiones.** En los estudios identificados no se encontró diferencias en falla clínica o microbiológica, recurrencia, recidiva, estancia hospitalaria ni mortalidad, entre el uso empírico de antibióticos inapropiados para la pielonefritis aguda adquirida en la comunidad por microorganismos BLEE vs. el tratamiento apropiado

TC246. Uso de antibióticos en adultos hospitalizados por COVID-19, en Santiago de Cali-Colombia.

Melo-Burbano L, Galindes-Casanova D, Benítez-Escobar E, Oñate-Gutiérrez J, Assis-Revez J, Daza-Arana J. Clínica de Occidente. Universidad Santiago de Cali. Cali.
luis.melo03@usc.edu.co

Introducción. La pandemia generó un aumento considerable en el uso de antibióticos como arsenal terapéutico. El objetivo de este estudio fue conocer las variables clínicas y socio-demográficas que se relacionaban con la probabilidad de sufrir infecciones, y la prevalencia de infección asociada a COVID-19 en una clínica de alta complejidad de Cali-Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio cuantitativo, observacional, descriptivo, de corte transversal. Se evaluaron adultos entre abril de 2020 y abril de 2021 hospitalizados por COVID-19 quienes recibieron uno o más antibióticos durante su internación. Se realizó un análisis descriptivo de las variables en la población general, análisis bivariado en dos grupos, el primero con infección documentada y el segundo con infección presunta y una regresión logística multivariada de factores asociados a mortalidad. **Resultados.** Se incluyeron 305 sujetos, de un total de 925 adultos hospitalizados por COVID-19, el 60,4% recibieron antibióticos. Se documentó infección en 90 individuos, 6,2% correspondientes a coinfección y 23,3% a sobreinfección. El 75,8% de los cultivos reportaron gérmenes Gram negativos, 17,8% hongos y 14,2% Gram positivos. Un amplio número de variables (edad, comorbilidades, UCI, anemia, esteroides, ventilación mecánica, hemofiltración) se relacionaron de forma estadísticamente significativa con infección documentada. La cánula de alto flujo se asoció como factor protector. La mortalidad general fue del 43,9%, en el primer grupo y 38,1% en el segundo. **Conclusiones.** Existe una prevalencia relevante de sobreinfección en sujetos hospitalizados por COVID-19, con énfasis en aquellos con diabetes mellitus, estados de inmunosupresión, anemia y fragilidad, en quienes el comportamiento de la enfermedad cursa con mayor severidad y letalidad.

PRESENTACIONES ORALES

RESISTENCIA BACTERIANA

247. Validación de la prueba rápida para el efecto inoculo a Cefazolina en *Staphylococcus aureus* susceptible a meticilina en un laboratorio clínico de un hospital en Colombia.

Rincón S, Carvajal L, Santamaría A, Díaz L, Gómez-Villegas S, Ordoñez K, Arias C, Reyes J. Unidad de Genética y Resistencia Antimicrobiana: Universidad El Bosque. ESE Hospital San Jorge de Pereira. Division of Infectious Diseases and Center for Infectious Diseases Research: Houston Methodist Hospital. Bogotá.
rinconsandra@unbosque.edu.co

Introducción. Se ha desarrollado una prueba rápida con nitrocefina para detectar SASM que presentan efecto inoculo a Cefazolina (EICz). El objetivo del estudio fue validar la prueba rápida para EICz en un laboratorio clínico de

un hospital en Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó una validación del uso de la prueba rápida en 72 SASM de bacteriemia recolectados de un hospital en Pereira de 2018-2019 y de hospitales Latinoamericanos durante 2011-2014. La concentración inhibitoria mínima a cefazolina con alto inoculo bacteriano fue el estándar de oro y la prueba rápida con nitrocefina se realizó con sobrenadantes e inducción con ampicilina. Se realizó secuenciación de genoma completo para identificar tipos y alotipos de BlaZ y se calcularon las métricas de rendimiento diagnóstico. **Resultados.** El EICz se detectó en 46% (n=33) de los 72 SASM, siendo BlaZ A y C los tipos predominantes en 54,5 y 45,5% de SASM, respectivamente. Además, los alotipos predominantes fueron BlaZ-2 (en 94% SASM BlaZ tipo A) y BlaZ-1 (en 87% SASM BlaZ tipo C) Comparado al estándar de oro, la prueba rápida mostro sensibilidad 82% (IC95%=72-97%), especificidad 90% (IC95%=76-97%), VPP 88% (IC95%=74-95%), VPN 90% (IC95%= 77-96%), y exactitud de 89% (IC95%= 79-95%). La prueba detectó correctamente los 10 aislamientos BlaZ negativos. **Conclusiones.** La prueba rápida mostro exactitud global de 89% para identificar EICz en SASM en el laboratorio clínico. Debido a que el estándar de oro para la detección de EICz no es usado en hospitales, esta prueba podría apoyar la decisión terapéutica en infecciones invasivas por SASM. MinCiencias-130880764150-CT779-2018.

248. Evaluación, Desarrollo e impacto de los programas de optimización de antimicrobianos PROA, en 7 países en Latinoamérica.

Pallares-Gutiérrez C, Villegas-Botero M, Porras J, García-Betancur J, De La Cadena E, Cobo-Viveros S, Cuellar L, Labarca J, Boldim-Ferreira D, Cornistein W, Castañeda P, Chaverri-Murillo J. Universidad El Bosque. Clínica Imbanaco. Grupo Quirónsalud. Instituto Nacional de Enfermedades Neoplásicas de Perú. Universidad Católica de Chile. Hospital Sao Paulo Brazil. Hospital Austral de Argentina. Hospital Médica Sur de México. Hospital Dr. Rafael Ángel Calderón Guardia de Costa Rica. Cali.
christian.pallares@imbanaco.com.co

Introducción. Los PROA son esfuerzos coordinados para promover uso racional de antimicrobianos. Cuando se utilizan con estrategias de control de infecciones y limpieza y desinfección del ambiente previenen transmisión de patógenos resistentes a los antimicrobianos en hospitales. El objetivo del presente estudio fue evaluar el desarrollo de PROA en siete hospitales de Latinoamérica usando elementos medibles de los estándares de Acreditación ICONTEC Colombia e Internacional (JOINT COMMISSION). **Materiales y métodos.** Se seleccionaron hospitales latinoamericanos que fueron seguidos durante 2019-2020. Se realizó una evaluación pre-intervención usando una herramienta que determinó grado de desarrollo del PROA con puntuación porcentual. Con los resultados se implementó un plan de acción por hospital y se realizó evaluación post-intervención. **Resultados.** Evaluación pre-intervención: el desarrollo inicial del PROA fue 65,8% (40%-94,3%). Los estándares con menor desarrollo institucional fueron vigilancia de antibióticos (+/-58%) y re-alimentación e informes de PROA (+/-54%). Evaluación post-intervención: el desarrollo promedio PROA fue 83% con incremento 15% (5,7%-35%). El incremento más significativo fue educación y capacitación y vigilancia de antibióticos (+/-26%). El 43% del total de hospitales evaluados reportó impacto económico positivo en el uso de antibióticos: México USD42061/mes, Colombia USD26453/mes y Argentina USD3761/mes. **Conclusiones.** La implementación del PROA incrementa la adherencia y el uso adecuado con impacto económico importante en costos directos de los antimicrobianos.

249. Detección de diferentes genes de resistencia a linezolid transferibles en aislamientos de *Enterococcus spp.* y *Staphylococcus spp.* en Colombia de 2014 – 2021.

Saavedra S, Ovalle M, Montilla E, Torres Y, Hidalgo A, Gutiérrez M, Torres L, Castro P, Rojas J, Jiménez A, Palacios A, Solarte L, Olarte Y Chaverra K, Alfonso Y, Serrano C, Coque E, Alejo D, Rivera S, Duarte C. Instituto Nacional de Salud. Hospital Universitario Fundación Santa Fe de Bogotá. Fundación Clínica SHAI. Hospital San José. Fundación Valle del Lili. Fundación Hospital San Pedro. Central de Microbiología: Compensar. Bogotá.
ssaavedra@ins.gov.co

Introducción. La diseminación de genes de resistencia a linezolid transferibles (GRLT) tipo *cfr*, *optrA* y *poxtA*, es preocupante. Este estudio describe la presencia de *cfr*, *optrA* y *poxtA* en aislamientos de *Enterococcus spp.* y *Staphylococcus spp.* resistentes a linezolid, recibidos entre 2014-2021, a tra-

vés de la vigilancia nacional por el Laboratorio de Resistencia Antimicrobiana del Instituto Nacional de Salud. **Materiales y métodos.** En este periodo, se recibieron 237 aislamientos (201 *Enterococcus spp.* y 36 *Staphylococcus spp.*) resistentes a linezolid. Los aislamientos fueron caracterizados fenotípicamente y los genes *optrA*, *cfr* y *poxtA*, detectaron por PCR. De los aislamientos positivos para GRLT, se seleccionaron 18 (seis positivos para *optrA*, nueve para *cfr* y tres *poxtA+optrA*) para secuenciación por tecnología Illumina. **Resultados.** Los GRLT fueron identificados en 207/237 (87,3%) aislamientos, 181 *Enterococcus spp.* y 26 *Staphylococcus epidermidis*. En *Enterococcus spp.* el principal gen detectado fue *optrA* en 177 aislamientos (174 *Enterococcus faecalis* y 3 *Enterococcus faecium*), seguido de la co-producción *optrA+poxtA* en 3 aislamientos y *cfr* en un aislamiento. En *S. epidermidis* solo se detectó *cfr*. Los resultados de secuenciación, permitieron determinar que los aislamientos de *E. faecalis* productores de *optrA* pertenecen tres secuencias tipos ST16 (n=3), ST476 (n=2) y ST618 (n=1). Los aislamientos co-productores de *optrA+poxtA* fueron ST18 (*E. faecium*) y ST777 (*E. faecalis*). Mientras que los aislamientos de *S. epidermidis* positivos para *cfr* fueron ST2 (n=8) y ST5 (n=1). **Conclusiones.** El análisis mostró que los aislamientos de *E. faecalis* positivos para *optrA* presentan amplia variedad genética comparados con los de *S. epidermidis* positivos para *cfr*.

250. Análisis de factores asociados a la resistencia bacteriana en aislamientos de enterobacteriales en pacientes hospitalizados en un hospital de cáncer en los años 2019-2021.

García-Guzmán K, Gómez-Rincón J, Linares-Farías G, Rodríguez-Lalinde R. Fundación Universitaria del Área Andina. Instituto Nacional de Cancerología. Bogotá.
kgarciag24@hotmail.com

Introducción. El aumento de la resistencia antibacteriana y las infecciones asociadas se han convertido en una amenaza para los pacientes oncológicos. La resistencia a los antibacterianos puede conducir a la falta de respuesta al tratamiento, lo que resulta en una enfermedad persistente y un mayor riesgo de muerte. Los organismos multirresistentes dañan no solo a los pacientes que están infectados, sino también a los que no están infectados con bacterias multirresistentes. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio retrospectivo utilizando datos de servicio de microbiología y farmacia del Instituto Nacional de Cancerología. Se recogieron datos sobre el consumo anual de cada antibiótico, así como la tasa de resistencia bacteriana a enterobacteriales y a carbapenem y se analizó la fuerza de asociación de factores asociados con la resistencia bacteriana entre los años 2019-2021. **Resultados.** La población incluida en el periodo de 2019 a 2021 fue de 2.524 egresos. La edad media para el grupo fue de 49 años (rango de cero a 99 años). El 54% (1.379) estaba representado por el género femenino, según el tipo de diagnóstico de malignidad la patología hematológica represento un 73%. La media de las DDD mensual calculada de los antibióticos se obtuvo una media de 1,2 (rango 23,9-0,7). Se evidenció una correlación incremental entre el consumo de antibióticos con la resistencia entre *Serratia marcescens* con colistina y meropenem (p<0.05). **Conclusiones.** Existió una relación significativa entre el consumo de antibióticos y las tasas de enterobacteriales resistentes a carbapenem. Se debe implementar el uso racional de los antibióticos.

251. Nuevas plataformas de movilización de blaKPC-2 y blaKPC-3 en aislamientos clínicos de Pseudomonas aeruginosa ST111 y ST235 de instituciones de Bogotá.

Abril D, Bravo-Ojeda J, García J, Lea-Castro A, Saavedra-Trujillo C, Madroñero J, Bustos R, Márquez-Ortiz R, Corredor-Rozo Z, Vanegas-Gómez N, Escobar-Pérez J. Bacterial Molecular Genetics Laboratory. Universidad El Bosque. Facultad de Medicina y Grupo de Investigación en Enfermedades Infecciosas; Universidad Nacional de Colombia. Evidence-Based Therapeutic Group: Clinical Pharmacology. Universidad de la Sabana. The i3 Institute, Faculty of Science: University of Technology. Bogotá.
deisyapril@gmail.com

Introducción. En Colombia la adquisición de blaKPC por *Pseudomonas aeruginosa* sigue incrementándose, limitando las opciones terapéuticas. El objetivo de este trabajo fue analizar los elementos genéticos asociados a la movilización de blaKPC. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo observacional de corte transversal en 121 pacientes de seis instituciones de Bogotá durante 2017-2020. Se evaluó por PCR la presencia de blaVIM, blaNDM, blaIMP, blaGES y blaKPC; la variante blaKPC y la relación filogenética (PFGE/

MLST). Fueron secuenciados cuatro aislamientos para el análisis de elementos genéticos móviles (EGMs) mediante PacBio RS II y para determinar la frecuencia de estos EGMs se diseñaron cebadores específicos. **Resultados.** Se analizaron 128 aislamientos resistentes a carbapenémicos, 42,2% (54) albergaban blaVIM, 29,7% (38) blaKPC-3 Y 18,7% (24) blaKPC-2. De estos, el 64,8% (35) presentaban co-circulación blaVIM/blaKPC. El gen blaKPC-2 fue movilizado por una nueva estructura de tipo NTEKPC-If (derivado del transposón Tn2), en un plásmido pequeño de >43-Kpb, en 18 (14,1%) aislamientos (ST135). El blaKPC-3 fue movilizado por el clásico Tn4401b, pero en un plásmido de 55-Kpb (p30Pae2-KPC) de origen ambiental, presente en 35 (27,3%) aislamientos, el cual en un aislamiento, se insertó en el cromosoma mediante un evento de transposición de la secuencia de inserción ISPa38. Este es el primer reporte de blaKPC-3 en *P. aeruginosa* en Colombia. **Conclusiones.** Los clones pandémicos ST111 y ST235 de *P. aeruginosa* continúan adquiriendo y estabilizando el gen blaKPC a través de estructuras clásicas como el Tn4401b y nuevas estructuras como el NTEKPC-If, las cuales se han insertado en nuevos plásmidos (algunos de origen ambiental). Financiado por Minciencias proyecto 130877758007 CT: 605-2018.

COVID-19

252. Prevalencia y factores asociados a no recibir la dosis de refuerzo de la vacuna contra el COVID-19 en adultos de América Latina y el Caribe.

Urrunaga-Pastor D, Fernández-Guzmán D, Caira-Huqueyria B, Herrera-Añazo P, Benites-Zapata V, Bendezu-Quispe G. Universidad Científica del Sur; Perú. Escuela Profesional de Medicina Humana: Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco. Facultad de Medicina: Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa. Instituto de Evaluación de Tecnologías en Salud e Investigación- IETSI, Essalud: Lima. Unidad para la Generación y Síntesis de Evidencias en Salud: Universidad San Ignacio de Loyola. Universidad Privada Norbert Wiener. Centro De Investigación Epidemiológica en Salud Global. Cusco.
danferguz@gmail.com

Introducción. Dada la importancia de la inmunización contra la COVID-19, nuestro objetivo fue evaluar los factores asociados a no recibir una dosis de refuerzo de la vacuna contra la COVID-19 en adultos de América Latina y el Caribe (ALC). **Materiales y métodos.** Realizamos un estudio transversal analítico en base a datos compilados por la Universidad de Maryland y Facebook, que evaluaron el impacto global del COVID-19. Incluimos a usuarios de Facebook ≥ 18 años que residían en ALC y respondieron a la encuesta entre el 13 de febrero al 14 de marzo de 2022. La variable dependiente fue el no recibir una dosis de refuerzo contra la COVID-19, lo que fue obtenido por autorreporte. Se calcularon las razones de prevalencia crudas (RPC) y ajustadas (RPA) con sus respectivos intervalos de confianza al 95%. **Resultados.** Analizamos 154.841 adultos de 20 países de ALC. El 33,7% (n=46 459) informó no haber recibido la vacuna de refuerzo. Los países con mayor prevalencia de no recibir refuerzo fueron Venezuela (66,6%) y Bolivia (49,5%), mientras que la menor prevalencia se encontró en Chile (7,4%) y Uruguay (11,9%). Encontramos que tener <75 años, el nivel educativo, el no tener comorbilidades o tener menos de dos, vivir en ciudad, tener inseguridad alimentaria, síntomas depresivos y haber tenido COVID-19, se asociaron con una mayor prevalencia de no haber recibido la dosis de refuerzo. **Conclusiones.** Aproximadamente tres de cada 10 adultos encuestados en ALC reportaron no haber recibido la vacuna de refuerzo. Las autoridades deben diseñar campañas que promuevan la recepción de la dosis de refuerzo centrada en los factores encontrados.

253. Comportamiento de los eventos adversos posteriores a la vacunación (EAPV) contra COVID-19 en Antioquia.

Maya-Restrepo M, Vargas-Restrepo F, Velásquez-Cuadros C, Almanza-Payares R, García L. Hospital San Vicente Fundación. Secretaría de Salud de Antioquia. Secretaria de Salud de Medellín. Universidad de Antioquia. Medellín.
mangelicamaya@gmail.com

Introducción. La lucha contra la COVID-19 ha requerido una campaña de vacunación masiva. La vigilancia de posibles efectos adversos es fundamental para garantizar su seguridad. **Materiales y métodos.** Este estudio descriptivo, retrospectivo describe el comportamiento de los EAPV contra COVID-19 en Antioquia, ocurridos entre el 18 de febrero de 2021 a 17 de mayo de 2022.

Estos eventos fueron analizados por el Comité Territorial de Expertos de Antioquia (CTE) con base en la información de los eventos sospechosos graves según el protocolo de farmacovigilancia del Instituto Nacional de Salud. **Resultados.** En este periodo se administraron en Antioquia 12.100.645 dosis de las diferentes vacunas, se notificaron 11.877 eventos leves (97%) y 356 sospechosos graves (3%). El CTE analizó 122 casos. Los EAPV graves atribuibles a la vacuna fueron 41 (tasa 3,39 por millón de dosis), más frecuentes en mujeres, en el grupo de 40 a 59 años. Los eventos más frecuentes fueron las reacciones alérgicas (tasa de 1,57 por millón de dosis), seguido por enfermedades del sistema nervioso (meningitis aséptica, síndrome de Guillain-Barré, neuritis óptica, convulsiones, miopatía) con una tasa de 1,07 por millón de dosis. Los eventos no concluyentes fueron 36, como primera causa las enfermedades del sistema nervioso. **Conclusiones.** Las vacunas contra COVID-19, como todos los medicamentos, tienen eventos adversos. El análisis de causalidad realizado por el CTE de Antioquia indica que la vacunación contra COVID-19 es una intervención segura.

INFECCIÓN POR VIH/SIDA

254. PreTreatment resistance HIV mutations in Colombia.

Martínez-Buitrago E, Zapata-Marín A, Oñate-Gutiérrez J, Rubiano L, Lenis-Quintero W, García-Goéz J, Álvarez-Payares J. Fundación REVIVA. Cali.
andresfzm@gmail.com

Introduction. The aim of this study is to determine the prevalence of pre-treatment of resistance-associated mutations (RAMs) in recently diagnosed PLWH in HIV clinics from Colombia. **Materials and methods.** This evaluation will include the genotyping of all three enzymes, reverse transcriptase, protease, and integrase by Sanger and Next-Generation Sequencing techniques. This type of complete primary resistance profile has not yet been reported in Colombia and there is only scanty data regarding resistance-associated mutations to NRTIs, NNRTIs, and PIs in the country. The sample size is estimated in 501 patients, considering 1% or less of the probability of finding pre-treatment resistance-associated mutations affecting integrase inhibitors, a CI of 97%, and 20% of blood samples loss or not processable. Plasma samples will be sent for processing for both techniques in PAHO reference laboratory CIENI at Mexico City. Study Design: Observational, cross-sectional, nationwide epidemiological study. Inclusion Criteria: Adults, PLWH recently diagnosed, ARV-naïve or ART re-initiators after 3 or more months of ARV withdrawal. ERB approval was obtained with CCP CEIB CEI-321-2021. NCT03957369. **Results.** First preliminary analysis from 150 samples is going to be presented. HIV genes sequencing will provide RAMs from 5 of 6 country's regions. Clinical and laboratory data also will be shown. **Conclusions.** Preliminary report could report full data of RAMs from Pacific region, North-Oriental departments and RAMs from some samples from Caribe region and Bogotá city.

PARASITOLOGÍA

255. Comportamiento de los indicadores de evaluación directa del desempeño de malaria a nivel nacional, Colombia 2018-2021.

Cortés-Cortés L, Ayala-Sotelo M, Gaitán-León V, Flórez-Sánchez A. Instituto Nacional de Salud. Bogotá.
jcortes@ins.gov.co

Introducción. La implementación y desarrollo de actividades del sistema de gestión de la calidad del diagnóstico de malaria, permiten el adecuado funcionamiento de la red nacional de diagnóstico, necesario para fortalecer acciones de prevención y control de este evento, importante en salud pública. Para el fortalecimiento de la calidad del diagnóstico de malaria en Colombia, se desarrolla el Programa de Evaluación Directa del Desempeño (PEED) en el que participan laboratorios privados y los Laboratorios de salud Pública Departamentales (LSPD) del país. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo mediante la revisión de los resultados obtenidos por los LSPD y laboratorios privados participantes en el PEED de malaria durante los años 2018-2021 en términos de participación, concordancia de positividad y negatividad, concordancia de especie parasitaria, de estadios parasitarios y de recuento (z score). **Resultados.** 2018: participaron 31 laboratorios, obteniendo una concordancia de positividad y negatividad (CP/N):80%; concordancia de especie parasitaria

(CEP):77%, concordancia de estadios parasitarios (CESP):48%, concordancia de recuento (CR):97% y concordancia general (CG):76%. 2019: 29 laboratorios, (CP/N): 92%; (CEP):91%, (CESP):85%, (CR):98% y (CG):92%. 2020: 30 laboratorios, (CP/N): 93%; (CEP):95%, (CESP):88%, (CR):90% y (CG):90%. 2021: 31 laboratorios, (CP/N): 100%; (CEP):58%, (CESP):77%, (CR):94% y (CG):82%. **Conclusiones.** Se observa gran variabilidad de los indicadores de un año a otro, lo que puede estar relacionado con falta de educación continuada, alta rotación del personal y aumento en el grado de dificultad de los paneles de evaluación enviados. Por esto es necesario mejorar los indicadores que permiten monitorear la calidad del diagnóstico de malaria en el país.

256. Comparación de 1 año de utilización de recursos de atención de salud y los costos relacionados para pacientes con insuficiencia cardíaca en cohortes emparejadas de Chagas y no Chagas.

Olivera M, Arévalo A, Muñoz L, Duque S, Bedoya J, Parra-Henao G. Instituto Nacional de Salud. Bogotá.
moliverajr@gmail.com

Introducción. La enfermedad de Chagas es una de las principales causas de insuficiencia cardíaca (IC). El objetivo del estudio fue comparar la utilización de los recursos de atención médica y los costos relacionados para pacientes con IC en las cohortes pareadas con Chagas y sin Chagas en Colombia. **Materiales y métodos.** Entre enero de 2019 y diciembre de 2019 se realizó un estudio prospectivo de cohortes pareadas que comparó los costos de atención médica para pacientes con IC con enfermedad de Chagas y los costos de atención para pacientes con IC sin enfermedad de Chagas. Solo se estimaron los costos directos en dólares (1 USD [\$] = 3.277 COP) de hospitalización, medicamentos, intervenciones cardiovasculares, seguimiento clínico y de laboratorio hasta por un año. **Resultados.** Se incluyeron 40 pacientes en la cohorte de Chagas y 40 en la cohorte sin Chagas pareados por edad y sexo. Desde la perspectiva del sistema de seguridad social, los costos totales para las dos cohortes fueron de \$970.136. Los costos de atención médica fueron ligeramente mayores para la cohorte con Chagas (\$511.931 vs. \$458.205; p=0,6183). La mayoría de los costos estuvieron asociados con las hospitalizaciones (65,5% vs. 59,6%), con promedios de \$12.798,5 y \$11.455,1 por persona en los grupos Chagas y no Chagas, respectivamente. **Conclusiones.** Durante un seguimiento de 12 meses, los pacientes con IC y Chagas consumen tantos recursos sanitarios como aquellos con IC sin Chagas. Estos datos destacan la considerable y creciente carga económica de la IC en el sistema de salud colombiano.

257. Rebote inmunológico en una cohorte de niños con toxoplasmosis congénita en Quindío-Colombia.

Celis-Giraldo D, Mejía-Oquendo M, Gómez-Marín J. Universidad del Quindío. Armenia.
dancelgi@gmail.com

Introducción. Evaluamos una cohorte de niños con toxoplasmosis congénita durante el primer año de vida para establecer la frecuencia de la aparición de rebote inmunológico, así como los eventos clínicos y de laboratorio asociados a este. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo entre 2001-2019 en un centro de referencia de toxoplasmosis. Fueron elegidos niños con al menos un año de seguimiento y en tratamiento farmacológico, con rebote inmunológico definido como: positividad de IgG o IgM anti-*Toxoplasma* previamente negativa, o Índice de rebote de IgG $\geq 0,2$. **Resultados.** De 57 casos revisados, el 43,8% (25/57) presentaron rebote. La mediana de la edad al rebote fue de 7 (RIC 4-11,5) meses. El 60% (15/25) tenía tratamiento prenatal. El 56% (14/25) presentó eventos clínicos asociados al rebote: infección aguda viral/bacteriana (50%), suspensión del tratamiento (35,7%), niveles bajos del medicamento (7,1%) y desnutrición (7,1%). El 33,3% (8/24) presentó retinocoroiditis al primer mes de vida. De 14 casos con control oftalmológico a los 12 meses, ninguno presentó cambios. El 30,4% (7/23) presentó calcificaciones al nacimiento. De estos, 14 tuvieron TAC al primer año de vida donde el 21,4% (3/14) presentó aumento/nueva aparición de calcificaciones. **Conclusiones.** Los rebotes inmunológicos son una alerta cuando no se dispone de niveles séricos de medicamentos, y podrían asociarse a nueva aparición de calcificaciones. Las infecciones agudas se relacionan con la aparición de rebote inmunológico. Se requiere de un estudio de cohorte prospectivo con evaluación de los desenlaces clínicos asociados.

258. Detección de *Giardia duodenalis* y *Toxoplasma gondii* en muestras de suelo y agua asociadas al río Quindío.

Pinto-Duarte V, Hernández-Arango N, Lora-Suarez F, Gómez-Marín J. Universidad del Quindío. Armenia.
vapintod@uqvirtual.edu.co

Introducción. Se realizó la detección molecular de *Giardia duodenalis* y *Toxoplasma gondii* en 11 puntos de muestreo durante un período de cinco meses, en agua y suelo adyacente en la cuenca del río Quindío (centro-oeste de Colombia). **Materiales y métodos.** Las extracciones de ADN se realizaron con el kit Wizard Genomics y se empleó PCR anidada para *T. gondii*, usando el gen B1 como objetivo de amplificación. PCR convencional para *G. duodenalis* ensamblaje A y ensamblaje B, amplificando el gen *gdh*. Se realizó la secuenciación de los productos de ADN positivos. **Resultados.** En 50 muestras de suelo, el 28% (14/50) fueron positivas para *T. gondii* y el 8% (4/50) para *G. duodenalis*. En las muestras de agua, se detectó *T. gondii* en el 9,1% (5/55), *G. duodenalis* ensamblaje A en el 34,5% (19/55) y el ensamblaje B en el 12,7% (7/55). La positividad del ADN de *T. gondii* se asoció con una temperatura del suelo más baja ($p = 0,0239$). **Conclusiones.** Se evidenció la presencia de *Giardia duodenalis* y *Toxoplasma gondii* en muestras de suelo y agua en la cuenca del río Quindío, lo que indica potencial fuente de contaminación para el agua del río que se destina al consumo humano.

VIROLOGÍA**259. Diseño de péptidos inhibidores de la interacción proteica entre la proteína E del virus Zika y receptores celulares implicados en el reconocimiento viral.**

Escobar-Marín L, Mesa-Cifuentes E, Tovar-Bustos L, Recalde-Reyes D, Rodríguez-Salazar C. Corporación Universitaria Empresarial Alexander Von Humboldt. Armenia.
crodriguez4@cue.edu.co

Introducción. La infección causada por el Zika virus un flavivirus RNA de polaridad positiva, fue declarada una emergencia de salud pública a nivel internacional, debido a la asociación de la infección con la microcefalia y síndrome de Guillain-Barré. Hasta el momento se conocen pequeñas moléculas con actividad anti-ZIKV reportadas en múltiples estudios, pero a la fecha no se cuenta con un tratamiento licenciado para uso en humanos. Debido a la interacción de la proteína E viral con los receptores de lectina tipo C, se planteó como objetivo del presente trabajo buscar *in silico* péptidos inhibidores de la interacción entre la proteína de envoltura viral con los receptores celulares. **Materiales y métodos.** Mediante la base de datos de proteínas (RCSB), fueron seleccionados cristales con resolución de $<4\text{Å}$ para realizar modelos de interacción entre la proteína E de la envoltura viral y receptores celulares a través del servidor ClusPro2.0. Posteriormente se diseñaron péptidos inhibidores de la interacción proteica mediante el servidor Rosetta y se validó su interacción a través de ClusPro para finalmente, determinar sus propiedades fisicoquímicas y citotóxicas teóricas con las plataformas ProtParam, Toxinpred y CamSol. **Resultados.** Se diseñaron péptidos de 10,20,30 aminoácidos derivados de la interacción entre la proteína de la envoltura viral y receptores celulares los cuales muestran un comportamiento teórico no tóxico, son solubles en agua y muestran una especificidad contra el ZIKV. **Conclusiones.** Se diseñó *in silico* péptidos sin comportamiento tóxico teórico que pueden inhibir la interacción entre ZIKV-célula, lo que podría generar interferencia en el proceso infeccioso.

260. Un compuesto fenólico di-bromado derivado de la tiramina inhibe tres arbovirus en etapas posteriores a la infección.

Restrepo-Méndez L, Loaiza-Cano V, Pastrana-Restrepo M, Galeano E, Martínez-Gutiérrez M. Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA: Universidad Cooperativa de Colombia. Grupo de Productos Naturales Marinos, Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada MICROBA: Universidad de Antioquia. Medellín.
laura.restrepo6@udea.edu.co

Introducción. Hasta la fecha no existe un antiviral aprobado para DENV, ZIKV y CHIKV, pero se ha demostrado que derivados de la tirosina inhiben su replicación. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto antiviral *in vitro* e *in silico* de compuestos derivados de las tiraminas contra la infección de estos arbovirus. **Materiales y métodos.** La viabilidad celular se determinó mediante ensayo MTT. Se realizó un tamizaje antiviral (estrategia combinada) frente a la infección por DENV-2/S16803, ZIKV/Col o CHIKV/Col. Los compuestos con potencial antiviral se evaluaron posteriormente con estrategias antivirales in-

dividuales en células Vero (PRE-TRANSP-POST-Tratamiento). La infección se cuantificó por ensayo de placa, qPCR y Cell-ELISA. La interacción de los compuestos con proteínas virales y celulares se evaluó mediante acoplamiento molecular con AutoDockVina®. Las interacciones se visualizaron con PyMoL y LigPlot+2. **Resultados.** La viabilidad celular fue superior al 80% a 250 μM (concentración elegida para uso). En la estrategia combinada, el compuesto YDB-3M inhibió significativamente la infección *in vitro* de los tres arbovirus. En la estrategia PRE-tratamiento inhibió partícula viral infecciosa de CHIKV/Col; en POST-Tratamiento inhibió partícula viral infecciosa y proteína viral en los tres modelos virales; y copias genómicas/ml en ZIKV/Col y CHIKV/Col. Finalmente en TRANS-Tratamiento no hubo actividad virucida. Las mejores energías de unión *in silico* se obtuvieron con la proteína viral del macrodominio NSP3-CHIKV y la proteína celular DDC. **Conclusiones.** El compuesto YDB-3M demostró potencial antiviral *in vitro* contra tres arbovirus, pero con mecanismos de acción diferentes. MINCIENCIAS 14157775439

261. Diterpenoides abietanos derivados del ferruginol inhiben la infección por virus chikungunya en cultivo celular.

Hernández-Mira E, Jiménez O, Loaiza-Cano V, Betancur Galvis L, González-Cardenete M, Martínez-Gutiérrez M. Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA: Universidad Cooperativa de Colombia. Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada MICROBA: Universidad de Antioquia. Instituto de Tecnología Química: Universitat Politècnica de Valencia. España. Envidado.
marlen.martinez@udea.edu.co

Introducción. Hasta el momento para el virus chikungunya (CHIKV) no existen vacunas ni antivirales específicos autorizados para su tratamiento. Teniendo en cuenta el efecto antiviral previamente demostrado del ferruginol el objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de 18 compuestos relacionados frente a CHIKV. **Materiales y métodos.** Se realizó una técnica de MTT para determinar concentraciones no citotóxicas de trabajo con 18 compuestos que fueron sintetizados por convenio de cooperación internacional interinstitucional. Posteriormente se realizó tamizaje antiviral en estrategia combinada por TCID50 (PRE-TRANS y POST-Tratamiento); y en aquellos compuestos promisorios se evaluó estrategia antiviral POST-Tratamiento individual. De manera paralela al TCID50 se midió MTT en los cultivos tratados e infectados (tanto en estrategia combinada como en POST-Tratamiento individual). Se consideraron diferencias estadísticas con $p < 0,05$ (ANOVA). **Resultados.** Se encontró que cuatro compuestos diterpenoides abietanos derivados del ferruginol 18 Phthalimide-2-yl inhibieron la infección por CHIKV tanto en el tamizaje como en la estrategia post-infección, lo que indica su potencial para inhibir pasos posteriores a la entrada del virus a la célula. Adicionalmente, estos compuestos son capaces de inhibir el efecto del virus sobre la viabilidad celular, generando así un efecto protector cuando las células están en presencia del virus, dicha actividad antiviral fue dependiente de la concentración del compuesto. **Conclusiones.** La posible actividad antiviral frente a CHIKV, de los compuestos evaluados, podría estar relacionada con pasos implicados durante el proceso de replicación, maduración y liberación de la partícula viral. Quedarían pendientes más estudios para poder determinar su mecanismo de acción de manera más precisa.

262. Interacción *in silico* de cuatro compuestos de *Ganoderma sp.* con proteínas estructurales y no estructurales de tres arbovirus.

Aguirre-Avilés M, Hernández-Mira E, Restrepo-Méndez L, Loaiza-Cano V, Martínez-Gutiérrez M. Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA: Universidad Cooperativa de Colombia. Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada MICROBA: Universidad de Antioquia. Envidado.
daniela.aguirre@udea.edu.co

Introducción. Triterpenoides derivados de *Ganoderma sp.* han demostrado previamente ser bioactivos frente a otras infecciones virales, no obstante, los reportes de actividad anti-arboviral es limitada, por lo cual el objetivo de este estudio fue evaluar *in silico* compuestos derivados de *Ganoderma spp.* con proteínas estructurales y no estructurales de dengue (DENV), Zika (ZIKV) y chikungunya (CHIKV). **Materiales y métodos.** Los triterpenoides Ganodermanotriol (73177), Lucidumol A (475410), Ácido ganodérico C2 (57396771) y Ácido ganosporérico A (131872) se obtuvieron de PubChem y las proteínas virales con PDB. Se determinan las energías libres de unión mediante AutoDock Vina®. Las interacciones se visualizaron PyMoL y LigPlot+. Se realizó la dinámica molecular con Gromacs® a 50 ns para observar la estabilidad de la interacción proteína-ligando a través del tiempo. **Resultados.** El NS5 dominio SAM de DENV y el dominio helicasa de ZIKV obtuvieron energías libres de unión favorables con los cuatro compuestos, principalmente con el Ácido

ganospórico A (-9,0 ± 0,06 Kcal/mol) y (10 ± 0,06 Kcal/mol) respectivamente. Mientras que el dominio helicasa de CHIKV tuvo con el Ácido ganoderico C2 (-9,0 ± 0,00 Kcal/mol) y con el Lucidumol A (-8,9 ± 0,00). En la dinámica molecular, Ganodermanontriol presentó oscilaciones < 3°A para la envoltura, helicasa de ZIKV y helicasa de CHIKV durante 5 a 10 ns. **Conclusiones.** Estudios en curso *in vitro* nos permitirán comprobar la actividad antiviral que estos compuestos poseen.

MICOBACTERIAS

263. Evaluación clínica de la prueba BD MAXTM MDR - TB para la detección simultánea del complejo *Mycobacterium tuberculosis* y resistencia a rifampicina e isoniazida en muestras pulmonares y extrapulmonares.

Urburu-Gómez M, Molina-Upegui O, Salazar-Vásquez S, Cano-Romero M, Losada-Blandón M, Atehortúa-Muñoz S. Hospital Pablo Tobón Uribe. Clínica Universitaria Bolivariana - UPB. Medellín. saatehortua@hptu.org.co

Introducción. La prueba BD MAXTM MDR-TB es una nueva plataforma molecular para la detección simultánea del complejo *Mycobacterium tuberculosis* (MTB) y mutaciones asociadas a resistencia a rifampicina e isoniazida (RH). En este estudio se evaluó su rendimiento y validez diagnóstica en muestras respiratorias y extrapulmonares. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de comparación de la prueba BD MAXTM MDR-TB frente al GeneXpert MTB/RIF y al cultivo, utilizando 16 muestras respiratorias y 34 extrapulmonares de pacientes con sospecha de tuberculosis (TB) del HPTU y la clínica UPB, durante 2021 y 2022. Se estableció la concordancia analítica y se calculó el índice kappa mediante tablas de contingencia dos por dos. **Resultados.** La prueba BD MAXTM MDR-TB presentó una sensibilidad y especificidad en muestras respiratorias del 87,5% y 100%, y en muestras extrapulmonares 93,3% y 78,9%, respectivamente; en cuatro de estas muestras el cultivo fue negativo y se detectó DNA de MTB. Se detectó una muestra resistente a HR por la prueba BD MAXTM MDR-TB, confirmada por pruebas fenotípicas, y GeneXpert (rifampicina). No se detectaron monoresistencia a H. Se encontró 92,9% de concordancia para la detección de sensibilidad/resistencia a rifampicina comparado con el Xpert MTB/RIF. **Conclusiones.** La prueba BD MAXTM MDR-TB cumple con las especificaciones de desempeño establecidas por la OMS para diagnóstico molecular de TB pulmonar y extrapulmonar. Además, al determinar susceptibilidad a la isoniazida evita el riesgo de terapias inadecuadas en especial al cambiar a segunda fase de tratamiento donde solo se utilizan HR.

264. Efectividad de una aplicación móvil en los conocimientos de las personas con tuberculosis pulmonar sensible.

Muñoz Sánchez A, Cantor-Cutiva L, Urrego-Parra H, Antolínez-Figueroa C, Caguazango-Atiz P, Jiménez-Chala E. Facultad de Enfermería, Facultad de Medicina: Universidad Nacional de Colombia. Bogotá. hnurregop@unal.edu.co

Introducción. Las personas afectadas por tuberculosis requieren de un seguimiento estricto, educación y motivación durante las fases de diagnóstico y tratamiento. Por ende, el objetivo de este estudio fue determinar la efectividad de la aplicación móvil "CuidarT-Bien UN" en los conocimientos de los pacientes con tuberculosis pulmonar sensible. **Materiales y métodos.** Estudio piloto cuasi experimental con prueba pre y post intervención desarrollado en la ciudad de Bogotá en el 2021. El desarrollo de la intervención educativa se basó en el Modelo de Información - Motivación de habilidades de comportamiento. Se utilizó el instrumento de Conocimientos, Actitudes y Prácticas para personas con tuberculosis validado y confiable para realizar las mediciones. La aplicación móvil estaba conformada por 4 módulos educativos, mensajes motivacionales, recordatorios de toma de medicamento y preguntas frecuentes. El grupo control tuvo la atención habitual. Actualmente, la aplicación móvil se encuentra disponible para Android y iOS. **Resultados.** El grupo de estudio estuvo conformado por 14 participantes en cada grupo. Después de la intervención los conocimientos del grupo experimental (90,1±9,3%, med=89,1%) fueron mayores que el grupo control (78,9±16,2%, med=82,6%), siendo un cambio significativo (p=0,019). En relación con las actitudes, hubo cambios significativos en la percepción del apoyo del personal, siendo mayor la frecuencia en el grupo intervención que en el control, (p=0,047). **Conclusiones.** La intervención educativa basada en una aplicación móvil aumentó los conocimientos de forma significativa en el grupo intervención (p=0,019). La aplicación "CuidarT-Bien UN" es la primera para pacientes con tuberculosis pulmonar en Colombia. Proyecto financiado por el MinCiencias, código 46560.

265. Mortalidad y factores asociados a la tuberculosis extrapulmonar en Santiago de Cali, 2015-2019.

García-Carvajal M, Guzmán-Salazar V, Luna L, Pacheco-López R, Ferro-Ramos B. Universidad ICESI. Secretaría de Salud Pública de Cali. Cali. isacarvajal30010@gmail.com

Introducción. A pesar de la importancia de la tuberculosis para la salud pública en Cali, no se cuenta con una caracterización reciente de las presentaciones extrapulmonares de esta enfermedad. El objetivo de esta investigación fue determinar el perfil clínico y programático de la tuberculosis extrapulmonar (TBE) en Cali. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, se analizaron 841 registros de TBE inscritos en el programa de micobacterias de Cali, 2015-2019. **Resultados.** De 5.936 casos de tuberculosis, 841 (14,2%) fueron TBE; 10% murieron. La mediana de edad fue 37 años (RIC 26-53), 60% fueron hombres, 15,5% afrocolombianos y 58,4% pertenecían al régimen contributivo. La farmacodependencia y coinfección con VIH se reportaron en 3,5% y 16,8% respectivamente; 3,1% tenían diabetes y/o malnutrición, 94,5% eran casos nuevos. Las presentaciones más frecuentes fueron pleural (46,4%), ganglionar (17,5%) y meníngea (14,7%). En 81,8% de los casos se realizó baciloscopia con positividad de 7,5%, 17,3% tuvo cultivo positivo; solo al 25,6% se realizó prueba molecular, siendo el 17% positivo. El retraso del inicio del tratamiento fue de 44 días (RIC 21-111), el 83,5% finalizó tratamiento. La mortalidad estuvo relacionada con la presentación meníngea (OR 3,33; IC95% 1,89-5,86; p 0,000), coinfección con VIH (OR 3,62; IC95% 1,9-6,75; p 0,000) y ser adulto mayor (OR 5,39; IC95% 3,02 - 9,59; p 0,000). **Conclusiones.** Aunque la proporción de TBE en Cali es similar a la reportada en Colombia, la mortalidad es alta. Contar con mejores herramientas diagnósticas y tratamiento oportuno es una necesidad.

266. Incidencia de tuberculosis latente y activa en contactos estrechos de pacientes en el marco de la pandemia por COVID-19 en Cali, Colombia, durante el periodo 2019-2020.

García-Goez J, Tello-Cajiao M, Montes-Tello S, Rivera-Muñoz R, Domínguez-Zemanate D. Fundación Valle del Lili. Universidad ICESI. Cali. jose.garcia.go@fvl.org.co

Introducción. La principal acción colectiva en tuberculosis es la búsqueda activa de contactos en pacientes con diagnóstico de esta entidad, lo cual permite determinar la incidencia de tuberculosis latente y activa de la población con mayor riesgo en el 2019, antes de la emergencia sanitaria, y en el 2020 durante la pandemia por COVID-19 en Cali Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte de búsqueda activa de contactos del municipio de Cali entre 2019 y 2020, muestra exhaustiva, seguimiento en 3 momentos después del inicio del tratamiento del caso índice (a los primeros 8 días, a los seis meses y a los doce meses) durante las cuales se recolectaron datos clínicos y paraclínicos. En el análisis solo se incluyeron los contactos con información que permitiera determinar su estado infeccioso (tuberculosis activa, latente o sano). **Resultados.** Se observa en el año 2019 una densidad de incidencia de tuberculosis activa de 1 caso por 10 años persona en comparación al año 2020 de 2,4 casos por 10 años persona. Mientras que la densidad de incidencia de tuberculosis latente en el 2019 fue de 11,6 casos de tuberculosis latente por año persona al igual que en el año 2020. **Conclusiones.** En relación a la incidencia, se observó en este grupo de contactos evaluados, una creciente incidencia en relación a los individuos evaluados entre los dos años (previo a la emergencia sanitaria y durante pandemia por COVID-19) y también frente a otras cohortes a nivel local y latinoamericano, bajo las mismas condiciones del modelo de contactos colombiano.

MEDICINA TROPICAL, ZONOSIS Y MEDICINA DEL VIAJERO

267. Detección molecular de coronavirus en murciélagos del departamento de Córdoba-Colombia.

Martínez-Bravo C, Calderón-Rangel A, Guzmán C, Mattar-Velilla S. Universidad de Córdoba. Montería. cattymlenam@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. Los murciélagos son reservorios de varias familias virales, como los coronavirus, las amenazas antrópicas disminuyen la diversidad de murciélagos y nos exponen a una mayor transmisión y propagación de virus asociados a ellos, poniendo en riesgo la salud mundial y la seguridad alimentaria, dado los múltiples roles ecológicos que cumplen. **Materiales y métodos.** se realizó un muestreo no probabilístico por conveniencia en 11 municipios de Córdoba. La captura se hizo utilizando redes de niebla en áreas rurales. El tamaño de la muestra fue de 135. Cada espécimen capturado se clasificó

taxonómicamente por claves dicotómicas e inmovilizados por administración de una dosis (0,05 mg/g) de pentobarbital sódico (200 mg) para realizar la eutanasia y necropsia. Los órganos fueron almacenados a -80 °C, en el laboratorio, se realizaron extracciones de ARN, con el Kit JET RNA purification K0732, en muestras de intestino, y se realizó detección bajo las condiciones de la PCR anidada para Pan-coronavirus descrita por Chu, et al., 2011. Los productos fueron revelados por electroforesis (440 pb), los cuales serán secuenciados. **Resultados.** Se detectó una muestra con coronavirus, (1/135= 1%), en la especie *Phyllostomus discolor*, especie omnívora, encontrado en el municipio de Montería, cerca al río Sinú y al centro urbano, donde es posible la interacción con diferentes elementos del paisaje. **Conclusiones.** se evidenció molecularmente la presencia de coronavirus, la vigilancia de los virus circulantes en poblaciones de murciélagos es importante para la salud pública y del ecosistema

268. What has been researched about Monkeypox? A bibliometric analysis of an old zoonotic virus causing global concern.

Rodríguez-Morales A, Ortiz-Martínez Y, Bonilla-Aldana D. Fundación Universitaria Autónoma de las Américas. Universidad Industrial de Santander. Pereira.
alfonso.rodriguez@uam.edu.co

Introducción. Monkeypox has recently emerged as a cause of global concern, particularly in Europe, even leading to the World Health Organization (WHO) to hold an emergency meeting on May 20, 2022, to discuss the recent outbreak and its implications. The list of countries affected by this Poxvirus is growing, most of them in Western Europe but even in Latin America, with Argentina reporting suspected cases. But, a question around this zoonosis is how much has been researched and published internationally about it. **Materials and methods.** A bibliometric analysis was done, using available information retrievable in 4 bibliographical databases to assess the status of Monkeypox-related literature worldwide. PubMed, Scopus, CrossRef, and Google Scholar, using the application Publish or Perish® v.8, were examined, using the term "Monkeypox" at the article title as the primary search operator, up to December 31, 2021. **Results.** Only 439 Monkeypox related articles were indexed in Scopus, 425 in PubMed, and 454 in CrossRef up to December 31, 2021. The median of articles from 1964-to 2021 was 4, 3, and 2, respectively. Since 1964, the most critical year for change in the number of articles was 2003, with the US Outbreak. From 2003 to 2021, the median of articles increased to 16, 16, and 19, respectively. **Conclusions.** As far as we are concerned about Monkeypox as a threat, we also can realize now, with the current findings, that still there is a lack of research on this emerging zoonotic virus, even compared to other emerging pathogens.

269. Bacterias patógenas y fagos en un microbioma de agua residual del sistema de la cuenca baja del río Bogotá.

Bernal J, Valencia M, Donado-Godoy P. AGROSAVIA. Bogotá.
jfbernal@agrosavia.co

Introducción. La incorporación de tecnologías genómicas en la vigilancia de patógenos infecciosos en Colombia proporciona datos precisos para la acción en salud pública. Este estudio busca generar un análisis comparativo de la abundancia de bacterias patógenas y de sus fagos en un microbioma de agua residual en la cuenca baja del río Bogotá durante 2016. **Materiales y métodos.** Se procesaron 2 litros de agua según el protocolo descrito por Hendriksen et.al, 2019. Los datos crudos fueron analizados usando el pipeline Metaphage (github.com/MattiaPandolfoVR/MetaPhage). Un análisis descriptivo patógeno-fago fue generado usando la lista de bacterias priorizadas por la OMS, determinando su asignación taxonómica (NCBI) y los valores representativos de abundancias (>0,01). **Resultados.** *E. coli* resulto ser la bacteria más representativa con el 0,71% de abundancia entre las bacterias, seguida por *Pseudomonas spp.* (0,17%), *Klebsiella pneumoniae* (0,16%) y *Streptococcus sp.* (0,1%). *Acinetobacter johnsonii*, *iwoffi* y *baumanii* tuvieron abundancias de 0,06, 0,02 y 0,02, respectivamente. También, se identificó *Enterococcus sp.* (0,04%) y *Salmonella entérica* (0,01%). El 88,95% de los datos de bacteria están sin clasificación. El análisis permitió identificar un total de 261 fagos de ADN en *E. coli* (n=40), *Pseudomonas spp.* (n=89), *Klebsiella sp.*(n=6), *Streptococcus sp.* (n=37), *Acinetobacter sp.* (n=18), *Enterococcus sp.* (n=21) y *Salmonella entérica* (n=50). **Conclusiones.** Estos resultados sugieren un riesgo de contaminación para el ambiente, las producciones alimentarias y para la población del área. Los indicadores presentados podrían incorporarse en un sistema preciso de vigilancia basado en poblaciones con enfoque de Una salud, además, de representar una fuente masiva de información útil de nuevos patógenos y terapias antimicrobianas.

270. Prevalencia de arbovirus y sus factores relacionados en una población de Génova, Quindío en el año 2019.

Celis-Giraldo D, Velasco-Velásquez S, Arias M, Zuluaga M, Torres-Morales E. Universidad del Quindío. Armenia.
dancelgi@gmail.com

Introducción. El dengue, Zika y chikungunya son arbovirosis con distribución global y constituyen un reto para la salud pública. El objetivo del estudio fue establecer la prevalencia de anticuerpos IgG e IgM para dengue, Zika y chikungunya y sus variables sociodemográficas y de saneamiento básico en una población que acudió a una brigada de salud en Génova, Quindío. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo transversal para determinar la prevalencia de anticuerpos IgG e IgM para dengue, Zika y chikungunya en Génova, Quindío, durante una brigada de salud en 2019. Se tomó una muestra de sangre y se diligenció una encuesta. Los niveles de anticuerpos fueron analizados utilizando el kit recomLine Tropical-Fever IgG. **Resultados.** Se entrevistaron 61 participantes, con una media de edad de 48,5±16 años. El 40,9% fueron mujeres. El 62,22% fue estrato <2. La población rural representó el 65,5%. El 35% tenía pozo séptico en su vivienda. El 60,6% (37/61) refirió que almacenaba el agua en su hogar, de estos el 55,5% (15/27) refirió que mantenía los recipientes cubiertos. La prevalencia de anticuerpos IgG para dengue fue del 67,8% (40/59), y el 4,9% (3/61) presentó anticuerpos IgM positivos. La prevalencia de IgG para chikungunya fue del 8,5% (5/59); no hubo presencia de anticuerpos IgM. La infección por Zika fue prevalente en el 6,7% (4/59) para IgG, y de 1,6% para IgM. **Conclusiones.** La arbovirosis más común fue el dengue. El 75,9% de la población presentó anticuerpos IgG+ para al menos una arbovirosis. Cerca de un tercio de la población no cuenta con condiciones básicas de saneamiento.

NUEVAS TERAPIAS EN ENFERMEDADES INFECCIOSAS

271. Producción de liposomas cargados con curcumina y timol y evaluación de su actividad antimicrobiana y citotóxica *in vitro*.

Bedoya Agudelo J, Padilla-Sanabria L, Castaño-Osorio J. Universidad del Quindío. Armenia
jpbbedoyaa@uqvirtual.edu.co

Introducción. La curcumina y el timol tienen un amplio espectro de actividades biológicas, no obstante, su hidrofobicidad e inestabilidad fisicoquímica, han limitado su uso terapéutico. Se ha indicado que la encapsulación en liposomas representa un enfoque factible para aumentar la estabilidad física de las sustancias activas, mejorar su bioactividad y reducir su toxicidad. A la fecha no se encuentran reportes de la co-encapsulación de estos compuestos en liposomas. El objetivo de este trabajo fue producir liposomas cargados con curcumina y timol y evaluar su actividad antimicrobiana y citotóxica *in vitro*. **Materiales y métodos.** Se evaluó la actividad antimicrobiana y citotóxica del timol frente a *S. aureus*, células Vero y HaCaT (queratinocitos humanos). Se produjeron liposomas vacíos y cargados por el método de capa delgada y se caracterizaron fisicoquímicamente. Se evaluó su actividad antimicrobiana frente a 4 microorganismos ATCC mediante microdilución en caldo. **Resultados.** El timol no presentó actividad antimicrobiana frente a *S. aureus*. Sin embargo, el IC50 frente a células Vero y HaCaT fue de 205 y 522 µM, respectivamente. Se obtuvieron liposomas unilamelares, monodispersos, con tamaños en el rango de 123-127 nm. El potencial zeta de los liposomas vacíos (-89mV) y cargados (-10,8mV), indicó una estabilidad excelente e incipiente, respectivamente. La eficiencia de encapsulación de curcumina fue de 74,54% (607µM). No se observó actividad antimicrobiana de los liposomas frente a los microorganismos evaluados. **Conclusiones.** Se lograron producir liposomas unilamelares, de tamaños nanométricos y monodispersos, observando una buena incorporación de los compuestos al interior de los liposomas, demostrando su viabilidad como vehículo para estos compuestos naturales. Minciencias Cod.111380762802.

MICOLOGÍA

272. Identificación de 2 nuevos biomarcadores específicos para la histoplasmosis con potencial aplicación en plataformas de inmunodiagnóstico.

Puerta-Arias J, Isaza J, Naranjo T. Universidad de Santander. Corporación para Investigaciones Biológicas CIB. Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín.
jpuerta@cib.org.co

Introducción. En los últimos años, la histoplasmosis, micosis de alta frecuencia y mortalidad a nivel mundial, ha venido tomando gran relevancia debido al aumento en el número de personas susceptibles a infectarse y desarrollar formas clínicas más severas. Las pruebas inmunológicas son las más utilizadas para el diagnóstico de esta micosis, sin embargo, presentan limitaciones de rendimiento y falsos-positivos por reacción cruzada con otras micosis de igual importancia. Por lo anterior, nos propusimos identificar nuevos biomarcadores antigénicos específicos para la histoplasmosis, y con potencial para ser usados en plataforma de inmunodiagnóstico. **Materiales y métodos.** La identificación de los biomarcadores se realizó mediante un modelo de análisis computacional que incluyó la aplicación de herramientas bioinformáticas y el análisis de datos experimentales de transcriptómica y proteómica. Para el estudio, se utilizó un sistema procarionta de producción de proteínas recombinantes y se adaptó un protocolo rápido de inmunización en ratones BALB/c. Finalmente, se evaluó la reactividad y especificidad de los anticuerpos con extractos de cultivo de *H. capsulatum* y muestras de pacientes con histoplasmosis confirmada. **Resultados.** Se identificaron 2 nuevos genes candidatos a biomarcadores de diagnóstico. Cada gen, fue sintetizado mediante sistema procarionta de expresión de proteínas recombinantes y se generaron anticuerpos policlonales reactivos anti-Histoplasma. Finalmente, se demostró la reactividad de los anticuerpos contra extractos cultivos de *H. capsulatum* y muestras de pacientes con histoplasmosis. **Conclusiones.** El uso de herramientas computacionales y el análisis de datos experimentales, permiten la identificación de nuevos biomarcadores y el desarrollo de nuevos métodos de diagnóstico contra patógenos de importancia en salud

273. Mecanismos asociados con la susceptibilidad disminuida a fluconazol de aislamientos clínicos colombianos de *Cryptococcus neoformans* y *Cryptococcus gattii*.

Carvajal S, Melendres J, Escandón P, Firacative C. Instituto Nacional de Salud. Universidad del Rosario. Bogotá. scarvajal@ins.gov.co

Introducción. La criptococosis es una micosis mundialmente distribuida, causada por *Cryptococcus neoformans* y *Cryptococcus gattii*. En Colombia se han reportado aislamientos con susceptibilidad disminuida al fluconazol, un antifúngico ampliamente usado. Con este estudio, se determinó la capacidad de adaptación a concentraciones crecientes de fluconazol, o heterorresistencia, de aislamientos clínicos colombianos de *C. neoformans* y *C. gattii* y se estableció la variación genética del gen ERG11 que codifica la enzima diana del fluconazol. **Materiales y métodos.** usando microdilución en caldo, se determinó la concentración inhibitoria mínima (CIM) a fluconazol de 31 aislamientos de *C. neoformans* y 24 de *C. gattii*. La heterorresistencia se evaluó sembrando cada aislamiento en agar con concentraciones iguales o superiores a su CIM e incrementos hasta 128 µg/ml. Se secuenció el gen ERG11 de los aislamientos. **Resultados.** todos los aislamientos fueron susceptibles a fluconazol, sin embargo, desarrollaron heterorresistencia con incrementos en la CIM de 2 hasta 6 diluciones. Dieciocho y cinco aislamientos, principalmente de *C. gattii*, crecieron hasta 64 y 128 µg/ml de fluconazol, respectivamente. Los aislamientos de *C. neoformans* presentaron CIM más bajas que los de *C. gattii* ($p > 0,05$), lo cual puede estar atribuido a que, 21 de los 550 aminoácidos de las proteínas diana del fluconazol, difieren entre estas dos especies (96,2% de homología). **Conclusiones.** en Colombia circulan aislamientos clínicos de *C. neoformans* y *C. gattii* que desarrollan heterorresistencia al fluconazol en altas concentraciones, lo cual es importante ya que esta característica contribuye a la recaída de la criptococosis durante la terapia con este triazol.

274. Epidemiología genómica de *Candida auris* en Colombia.

Escandón P, Misas E, Alvarado M, Gade L, Cáceres D, Hurst S, Litvintseva A, Duarte C, Chow N. Instituto Nacional de Salud. Centers for Disease Control and Prevention, CDC. Bogotá. pescandon@ins.gov.co

Introducción. En Colombia, la vigilancia de *C. auris* inició en el 2016, con reportes en múltiples ciudades. El objetivo de este estudio es describir la epidemiología genómica de *C. auris* en Colombia, 2016-2021. **Materiales y métodos.** Se analizaron 99 aislamientos y se confirmó especie, susceptibilidad antifúngica y Secuenciación de Genoma Completo (WGS). Se incluyeron 37 secuencias generadas previamente de Colombia, Venezuela, Panamá, Israel y Estados Unidos. Se empleó MycoSNP para determinar calidad de secuencias e identificar polimorfismos en nucleótidos (SNPs). Se generaron distancias pareadas y un árbol filogenético (NJ). IQtree se empleó para generar árbol de

máxima verosimilitud. **Resultados.** Se identificaron 1.493 SNPs. Los aislamientos se agruparon en el Clado IV, predominantemente por país, excepto 16 aislamientos de Bogotá resistentes al fluconazol, agrupados con 5 aislamientos venezolanos. En este cluster, 95% aislamientos fueron resistentes a fluconazol y 24% resistentes a fluconazol y micafungina. Noventa y ocho aislamientos de Colombia se agruparon en un cluster con dos subgrupos, separados por 13 SNPs. Subgrupo 1: cluster con 18 aislamientos de la costa norte: 94% resistentes a anfotericina B. Subgrupo 2: 26 aislamientos del Cesar y Norte de Santander: 84% resistentes al fluconazol. **Conclusiones.** *C. auris* en Colombia se agrupa en el clado IV; los aislamientos resistentes a anfotericina B provienen principalmente de la costa norte, los resistentes al fluconazol de un área geográfica más amplia, y los resistentes a equinocandinas de Bogotá. Dentro del cluster colombiano compuesto por 2 subgrupos, observamos una gran asociación genética entre los aislamientos de diferentes regiones geográficas, sugiriendo transmisión entre ciudades

275. Vigilancia de mucormicosis en tiempos de la COVID-19.

Lizarazo-Vásquez D, Escandón-Hernández P, Gamba-Calderón J, Duarte-Valderrama C. Instituto Nacional de Salud. Bogotá. dlizarazo@ins.gov.co

Introducción. Debido al incremento de casos de mucormicosis asociada a la COVID-19 (CAM) en la Región de las Américas, se generó una alerta epidemiológica el 11 de junio de 2021. Colombia a partir de julio del mismo año implementó la vigilancia nacional por laboratorio. El objetivo de estudio es presentar los resultados de la vigilancia de CAM en el país. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de casos de CAM notificados entre el 1 de julio de 2021 y el 30 de enero de 2022 a través de la vigilancia nacional por laboratorio realizada por el Grupo de Microbiología del Instituto Nacional de Salud (INS). **Resultados.** Se notificaron 15 casos de CAM, de los cuales 5 fueron descartados y 10 confirmados de los departamentos de Antioquia (1) Bolívar (1), Casanare (1), Córdoba (1), Norte de Santander (2), Santander (3) y Valle del Cauca (1). El 81,3% de los casos correspondían a pacientes del género masculino y el rango de edad fue entre 31-63 años. El 90% de los casos tuvieron una presentación clínica rinocerebral, enfermedad subyacente diabetes mellitus tipo II y recibieron tratamiento con esteroides y anfotericina B. La condición final de los pacientes fue 3 fallecidos y 7 vivos. **Conclusiones.** Se confirma la circulación de casos de CAM en el país por tanto es indispensable continuar con la vigilancia nacional, para generar acciones oportunas de prevención y control.

276. *Histoplasma capsulatum* activa, induce apoptosis y afecta la diferenciación de las células madre hematopoyéticas.

Rodríguez-Echeverri C, Gómez B, González A. Escuela de Microbiología: Universidad de Antioquia. Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud: Universidad del Rosario. Medellín. angel.gonzalez@udea.edu.co

Introducción. La histoplasmosis se presenta principalmente en individuos inmunosuprimidos con un cuadro clínico grave con diseminación a médula ósea (M.O.), y se asocia con anemia y pancitopenia. El objetivo de este estudio fue evaluar, *in vitro*, los efectos de la infección por *H. capsulatum* sobre la activación, proliferación y diferenciación de las células madre hematopoyéticas HSC. **Materiales y métodos.** Las HSC se obtuvieron de M.O. de ratones C57BL/6. Se determinó la expresión basal de TLR2, TLR4 y Dectina-1 mediante citometría de flujo. Las HSC se infectaron con levaduras de *H. capsulatum* (MOI=5) y se incubaron durante 24h. Algunos cultivos fueron tratados con anticuerpos anti-TLR2, anti-TLR4 o con un péptido específico para Dectina-1. Se realizaron ensayos de fagocitosis, microbicidas, de proliferación y diferenciación celular, y se determinó la expresión de genes que codifican para varios mediadores inflamatorios (IL-1β, IL-6, IL-10, IL-17, TNF-α, TGF-β, arginasa-1 e iNOS). **Resultados.** Se observó que las HSC fagocitan el hongo, pero no afecta su supervivencia. *H. capsulatum* indujo, en las HSC, un aumento significativo en la expresión de TLR2, Dectina-1, IL-1β, IL-6, IL-10, IL-17, TNF-α, TGF-β, arginasa-1 e iNOS. Interesantemente, el bloqueo de estos receptores disminuyó significativamente la fagocitosis y la expresión de todos los mediadores inflamatorios evaluados. Adicionalmente, *H. capsulatum* indujo apoptosis y afectó la diferenciación, pero no inhibió la proliferación de estas células. **Conclusiones.** Estos resultados indican que *H. capsulatum* tiene la capacidad de activar y afectar la viabilidad de las HSC. En conjunto, estos hallazgos sugieren que *H. capsulatum* podría afectar el proceso de hematopoyesis como se refleja en la pancitopenia que presentan los pacientes con histoplasmosis diseminada.

277. Identificación de *Candida auris* clado sudamericano mediante el uso del sistema de identificación de levaduras VITEK® 2, versión 9.02.

Berrio I, Villa J, Macedo D, García-Effron G, Cuesta D, Colombo A, Escandón P. Hospital General de Medellín. Medical And Experimental Mycology Group. CIB. Cátedra De Parasitología y Micología –F de Bioquímica – UN del Litoral. Santa Fe-Argentina. Universidad Pontificia Bolivariana. Escola Paulista de Medicina: Universidade Federal De São Paulo, São Paulo-Brazil. Grupo de Microbiología: Instituto Nacional de Salud. Medellín.
indiraberriom@hotmail.com

Introducción. *Candida auris* es una levadura históricamente identificada incorrectamente por métodos fenotípicos. El sistema de identificación automatizado VITEK® 2 (BioMérieux) incluyó la información de *C. auris* desde su versión 8.01, reportando diferencias según clado genético. Se ha descrito 100% de identificación correcta solo para el clado sudamericano. El objetivo del estudio fue evaluar el desempeño de este método para identificar *C. auris* del clado suramericano. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo en 99 aislamientos clínicos de *C. auris* y especies relacionadas de tres centros, Corporación para Investigaciones Biológicas e Instituto Nacional de Salud de Colombia y Universidad Federal de São Paulo-UNIFESP de Brasil (cepas procedentes de Venezuela). Se evaluaron 80 *C. auris*, y 19 cepas de especies relacionadas. Se obtuvo secuenciación de las regiones ITS (ADNr) como prueba de referencia y se estimó la frecuencia de identificación concordante por VITEK® 2. **Resultados.** El 94% (75/80) de las *C. auris* fueron correctamente identificadas por VITEK® 2 y con alta confianza de identificación ($\geq 89\%$), las restantes con identificación inconsistente fueron informadas como *C. duobushaemulonii* (n=2), *C. famata* (2) y con la incapacidad de distinguir entre *C. auris* y *C. famata* (1). Ninguna de las cepas no-*auris* fue identificada como *C. auris*. **Conclusiones.** El sistema VITEK® 2 identificó correctamente con menos frecuencia *C. auris* clado sudamericano que lo descrito en la literatura. Toda identificación como *C. duobushaemulonii*, *C. famata* o entre *C. auris* y otra especie identificada con "low discrimination", requiere identificación adicional por método molecular o proteómico para descartar *C. auris*.

INFECTOLOGÍA ADULTOS**278. Evaluación clínica de una prueba de PCR en tiempo real (qPCR) para el diagnóstico de *Pneumocystis jirovecii*.**

Urburu-Gómez M, Salazar-Vásquez S, Cano-Romero M, Atehortúa-Muñoz S. Hospital Pablo Tobón Uribe. Clínica Universitaria Bolivariana. Medellín.
muruburu@hptu.org.co

Introducción. *Pneumocystis jirovecii* es un hongo patógeno que puede causar neumonía grave (PJP) en pacientes inmunocomprometidos. Su diagnóstico se basa en el examen microscópico directo en lavado broncoalveolar (LBA) y mediante técnicas moleculares. Este estudio evaluó el rendimiento de la PCR en tiempo real (qPCR) *Pneumocystis* ELITE MGB®, y estableció un umbral para discriminar infección activa de colonización. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de comparación de la qPCR con una PCR anidada, utilizando 21 muestras de LBA recolectadas entre febrero y abril del 2022. Se estableció la concordancia analítica y se calculó el índice kappa mediante tablas de contingencia dos por dos, se revisaron datos clínicos para correlacionar resultados. **Resultados.** 18/21 de los pacientes (85,7%) tenían algún grado de inmunosupresión, 9 (42,8%) de ellos con resultado positivo por qPCR para *P. jirovecii*. Se obtuvo una concordancia diagnóstica del 81% de la qPCR frente a la PCR anidada, un índice kappa 0,60 y una sensibilidad y especificidad de 85,7% y 78,6%, respectivamente. Se estableció que Ct superiores a 35 correlacionados con la clínica del paciente eran sugestivos de colonizaciones. Así, dos muestras consideradas falsos positivos al comparar con PCR anidada, corresponden a colonizaciones, lo que aumentó la concordancia diagnóstica (89,5%), el índice kappa (0,77) y la especificidad (91,7%) de la qPCR. **Conclusiones.** La qPCR mejora el diagnóstico de PJP, al ser más sensible que los métodos de referencia. Además, al considerar los valores de Ct correlacionados con los signos clínicos, permitiría la discriminación de infección activa de colonización.

279. Características clínicas y de carga treponémica en una cohorte de pacientes con sífilis temprana en Cali, Colombia.

Vargas-Cely F, García J, Romero N, Amortegui-Quintero M, Silva Peña S, Ramírez L, Karanian C, Hawley K, Radolf J, Sena A, Salazar J, Galindo

X, López-Medina E. CIDEIM. Universidad de Connecticut. Universidad de Carolina del Norte. Corporación de la Lucha Contra el Sida. Centro de Estudios en Infectología Pediátrica CEIP. Cali.
fsvargas@cideim.org.co

Introducción. Se ha creado un consorcio global para secuenciar las proteínas de membrana externa del *Treponema pallidum* en pacientes con sífilis temprana (ST) de diferentes continentes. El objetivo a largo plazo es el desarrollo de una vacuna contra esta enfermedad. Este reporte preliminar describe los casos de ST detectados en Cali entre mayo del 2019 y Abril del 2022. **Materiales y métodos.** Vigilancia en toda la red pública y 2 clínicas de VIH (108 instituciones) para captación de pacientes con ST. Recolectamos datos clínicos y cuantificamos cargas treponémicas en sangre, lesiones mucosas y lesiones de piel por medio de reacción en cadena de polimerasa (PCR) del gen *poA*. Cargas treponémicas (CT) >1 y >70 copias/uL fueron categorizadas como positivas y secuenciables, respectivamente. **Resultados.** Incluimos 73 pacientes (mediana 31 años, 70% hombres, 50% homosexuales, 48% VIH+). 15 con sífilis primaria (SP) (la mayoría con dos úlceras genitales, 73% con PCR positiva en lesiones mucosas, 40% secuenciables, mediana de CT 10,8 copias/uL); 58 con sífilis secundaria (SS) (todos con exantema macular, 23% con parches mucosos, 18% con condilomas planos, 9% con alopecia parcheada, 81% con PCR positiva, 40% secuenciables, mediana de CT 23 copias/uL). En pacientes con SS, lesiones en piel tuvieron mayor CT que lesiones mucosas o sangre. **Conclusiones.** La creación de una red de vigilancia para la evaluación de pacientes con ST, nos ha permitido secuenciar un gran número de los *T. pallidum* que circulan en Cali, y contribuir con el entendimiento de sus proteínas de membrana externa para el futuro desarrollo de una vacuna preventiva.

INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA**280. Mortalidad en enfermedad neumococcica invasiva, en población pediátrica de Colombia, 2008-2021.**

Patiño-Niño J, Restrepo A, Camacho-Moreno G, Leal-Castro A, Moreno-Mejía V, Gutiérrez-Tobar I, Beltrán-Higuera S, Álvarez-Olmos M, Mariño-Drews C, Barrero-Barreto R, Rojas J, Espinosa F, Arango C, Suarez M, Trujillo M, López-Medina E, López P, Coronell W, Pinzón H, Ramos N, Montañez A. Fundación Valle del Lili. HOMI: Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia. Universidad Nacional de Colombia. Red Neumocolombia. Clínica Infantil Colsubsidio. Clínica Universitaria Colombia. Clínica Pediátrica Colsanitas. Fundación Cardioinfantil. Instituto de Cardiología. Hospital Militar Central. Hospital Universitario Clínica San Rafael. Unidad de Servicios de Salud Santa Clara. Fundación Clínica Infantil Club Noel. Fundación Hospital Infantil Universitario de San José. Hospital Universitario San Vicente Fundación. Unidad de Servicio de Salud Tunal. Hospital Pablo Tobón Uribe. Centro Médico Imbanaco. Hospital Universitario del Valle. Hospital Infantil Napoleón Franco Parejo. Los COBOS Medical Center. Bogotá.
vivimarmoreno@hotmail.com

Introducción. La enfermedad neumococcica invasiva (ENI), causa alta mortalidad en menores de 5 años. Colombia administra PCV10 desde 2012, la red Neumocolombia vigila la ENI en pacientes pediátricos de Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio de series de casos en pacientes pediátricos fallecidos admitidos con ENI en diez hospitales de Bogotá 2008-2021 cuatro hospitales de Cali, dos de Medellín y uno de Cartagena en 2017-2021. **Resultados.** Ingresaron 739 casos de ENI 85 (11,5%) murieron. Promedio de edad 32 meses (0-180 meses). 65 pacientes (76%) fueron menores de 48 meses. Los 85 pacientes fallecidos presentaron promedio de estancia hospitalaria de 9 días, 75 (88,2%) ingresaron a UCI. 46 casos (56%) fueron neumonía, 17 (20%) bacteriemia, 17 (20%) meningitis y 5 (5,8%) neumonía más meningitis. La tasa de letalidad por diagnóstico fue: neumonía 9,7% (46/473), meningitis 22,3% (17/76), bacteriemia 11,9% (17/153) y meningitis más neumonía 45,4% (5/11). 51 aislamientos (60%) fueron serotipificados. Los serotipos con mayor tasa de letalidad son: serotipo 19A 11,8% (15/127), serotipo 3 10,8% (5/46) y serotipo 14 10,7% (7/65) respectivamente. Cuatro pacientes presentaron factores de riesgo para ENI: autoinmunidad y esplenectomía. 21 casos (24,7%) presentaron sensibilidad disminuida a penicilina. **Conclusiones.** La mortalidad por ENI es mayor en niños menores de dos años, la mayor letalidad fue en pacientes con meningitis más neumonía. El serotipo con mayor letalidad fue 19A, importante continuar la vigilancia de la mortalidad causada por la ENI después de la implementación de la vacunación masiva.

281. Etiology and risk factors for admission to the pediatric intensive care unit in children with encephalitis in a developing country

Guerrero-González M, Romero A, López-Medina E, Davalos D, Cantor E, López P. Universidad del Valle. Hospital Universitario del Huila. Centro Médico Imbanaco. Centro de Estudios en Infectología Pediátrica CEIP. Bogotá.
mpguerrero@unal.edu.co

Introducción. Encephalitis in children is a serious condition associated with substantial morbidity, disability and high resource utilization. A substantial number of children need admission to the pediatric intensive care unit too. We describe a cohort of pediatric patients with encephalitis and their risk factors for admission to the Pediatric Intensive Care Unit (PICU). **Materiales y métodos.** Children (<18 years old), with encephalitis evaluated by conventional microbiology and syndromic, multiplex test in cerebrospinal fluid (CSF) between July 2017 and July 2020, were recruited from 14 hospitals that comprise the Colombian Network of Encephalitis in Pediatrics. Multivariate analyses were used to evaluate risk factors associated with the need for PICU admission. **Resultados.** 202 children were included; the median age was 23 months (IQR 5.7–73.2). Seventy-eight patients (38.6%) required management in the PICU. The etiologies were bacteria (27%), unspecified viral encephalitis (22%) and enteroviruses (13%) with variations according to age group. In multivariate analysis factors associated with admission to the PICU were the presence of generalized seizures (OR 2.73; 95% CI 1.82–4.11), status epilepticus (OR 3.28; 95% CI 2.32–4.62) and low leukocyte counts in the CSF (OR 2.86, 95% CI 1.47–5.57). Compared with enterovirus, herpes simplex encephalitis (OR 11.81, 95% CI 1.44–96.64), autoimmune encephalitis (OR 22.55, 95% CI 3.68–138.16) and bacterial etiology (OR 7.50, 95% CI 1.0–56.72), increased the risk of PICU admission. **Conclusiones.** Data from this national collaborative network of pediatric patients with encephalitis allow early identification of children at risk of needing advanced care and can guide the risk stratification of admission to the PICU.

TRABAJOS COMPLETOS**TC282. Experiencia de un hospital de tercer nivel en Medellín-Colombia, empleando antivirales de acción directa en el tratamiento contra hepatitis C entre enero del 2017 a enero del 2020.**

Martínez-Rosado L, Martínez-Pérez R. Equipo Latinoamericano de Investigación en Infectología y Salud Pública: ELISAP. Servicio de Infectología y Hospitalización: E. S. E. Hospital La María. Universidad Remington. Secretaría de Salud del Estado De Nayarit. C.S.R.C. Xalisco-México. Medellín.
lubarmed22@gmail.com

Introducción. La infección por el virus de la hepatitis C (VHC) es una de las principales causas de enfermedad hepática crónica en todo el mundo. Su distribución geográfica es variable, sin embargo se encuentra un mayor peso de la enfermedad en la región del Mediterráneo Oriental como en la de Europa con aproximadamente 12 millones de personas afectadas. Existen reducidas publicaciones a su respecto en la literatura latinoamericana y falta investigación sobre grupos clave. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo con intención analítica de un subgrupo. **Resultados.** 10 pacientes (83,3%) presentan coinfección con VIH y eran indetectables para este agente. El genotipo más reportado fue el 1 subtipo a en 7 (58,3%) de los casos, seguido del genotipo 4 (25%). Solo en el 33% de los pacientes no se reportó consumo de sustancias psicoactivas y el mayor consumo reportado fue el de N.A.B.I en 50% de los pacientes. En total 11 pacientes (91,7%) recibieron sofosbuvir/velpatasvir (SOF/VPT). A todos los pacientes se les realizó genotipo HCV. **Conclusiones.** Nuestro hallazgo guarda relación con el incremento de casos del genotipo 4 en los últimos tres años en Colombia, la mayoría relacionados con la infección concomitante de VIH. Reportamos un 67% de consumo de PSA en la fuente analizada, donde el consumo de N.A.B.I (Popper) fue reportado en el 50% de los pacientes. Estudios han detectado carga viral de VHC en secreciones nasales de sujetos infectados con alta viremia; ¿es esta una vía de transmisión subestimada? Hacén falta estudios de mayor poder estadístico para poder dilucidar esta hipótesis.

TC283. La actividad anti-arbovirus de los derivados di-halogenados de L-tirosina es dependiente de los cambios estructurales de los compuestos y del modelo viral.

Loaiza-Cano V, Restrepo-Méndez L, Hernández-Mira E, Pastrana-Restrepo M, Galeano E, Martínez-Gutiérrez M. Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA: Universidad Cooperativa de Colombia.

Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada MICROBA, Grupo de Investigación en Productos Naturales Marinos: Universidad de Antioquia. Medellín.
vanessa.loaiza@udea.edu.co

Introducción. Dado que ninguno de los tres arbovirus más importantes, DENV, ZIKV y CHIKV, tiene medicamentos antivirales autorizados específicos para tratar o prevenir la infección, el objetivo de este estudio fue evaluar la potencial actividad antiarboviral *in vitro* de los compuestos derivados de L-tirosina dihalogenada con diferencias estructurales. **Materiales y métodos.** Se evaluaron ocho compuestos derivados de L-tirosina dibromados y diclorados con diferentes sustituciones clasificados en los grupos: fenólico (PH), metilación en el hidroxilo fenólico (O-ME) y esterificado (PH/EST o O-ME/EST). Se realizaron estrategias antivirales en células Vero contra CHIKV/Col, ZIKV/Col y DENV-2/S16803. El efecto inhibitorio se cuantificó mediante ensayo de plaqueo, qPCR y Cell-ELISA. **Resultados.** En el tamizaje antiviral, las partículas virales CHIKV/Col y la proteína viral fueron inhibidas por los compuestos PH, mientras los compuestos PH/EST también inhiben las copias genómicas, por su parte, el compuesto bromado/O-ME inhibió la partícula viral infecciosa, la proteína y el genoma viral de CHIKV. ZIKV/Col fue inhibido por compuestos PH/EST, O-ME y O-ME/EST clorados que inhiben tanto partículas como proteínas virales. DENV-2/S16803 fue inhibido por el compuesto bromado O-ME y el compuesto clorado O-ME/EST. La inhibición de las partículas virales infecciosas, proteína y genoma viral, fue dependiente del tiempo de adición del tratamiento, el tipo de compuesto y el modelo viral. **Conclusiones.** Pequeñas diferencias estructurales pueden afectar la actividad y los mecanismos de acción según el modelo arboviral.

TC284. Comparación genómica de *Salmonella typhimurium* variante monofásica de origen humano y porcino.

Restrepo-Rivera L, Sánchez-Jiménez M, Cuesta-Astroz Y, García-Huertas P, Cardona-Castro N. Instituto Colombiano de Medicina Tropical: Universidad CES. Bello.
restrepor.lina@uces.edu.co

Introducción. La salmonelosis es una infección de origen zoonótico de transmisión oro-fecal. El consumo de carne de cerdo contaminada representa un riesgo para la salud, además de pérdidas para el sector porcícola. La vigilancia de salmonelosis con la secuenciación de genoma completo permite rastrear brotes, atribuir fuentes y evaluar riesgos. En Colombia, la vigilancia genómica de *Salmonella* en porcinos no se ha explorado a profundidad. Este estudio genera información genómica a partir de aislamientos de *Salmonella* de origen humano y porcino, que permiten esclarecer características de resistencia, virulencia y plásmidos asociados. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, observacional, de corte transversal con enfoque analítico. Se recolectaron cepas (n=22) de *Salmonella* aisladas de humanos (n=5) Medellín, porcinos (n=4) y canales de cerdo (n=13) de Medellín, La Pintada y Don Matías (2020-2021). La predicción de serotipo se hizo mediante PCR-M. Se realizó secuenciación de genoma completo de las cepas previamente identificadas como *Typhimurium* (n=7), las secuencias fueron analizadas por bioinformática. **Resultados.** Las cepas secuenciadas fueron *S. Typhimurium* variante monofásica, seis cepas ST19 y una ST34. El genoma core está conformado por 4926 CDS, y se identificaron genes de resistencia, virulencia, plásmidos. La filogenia mostró relación entre dos cepas provenientes de humanos y una cepa de canal de cerdo. **Conclusiones.** Este estudio provee información nueva acerca de las características genómicas de *S. Typhimurium* 1,4,5,12:- circulante en las áreas estudiadas. La variante monofásica aislada de humanos y porcinos son similares en cuanto a genes de virulencia, genes de resistencia y plásmidos, lo que sugiere ser fuente de infección.

TC285. Bacteremia in cancer patients in a Latin American country: clinical and molecular data.

Cruz-Vargas S, García-Muñoz L, Cuervo-Maldonado S, Álvarez-Moreno C, Saavedra-Trujillo C, Álvarez-Rodríguez C, Arango-Gutiérrez A, Gómez-Rincón J, García-Guzmán K, Leal-Castro A, Garzón-Herazo J, Martínez-Vernaza S, Guevara-Pulido F, Jiménez-Cetina L, Mora L, Cortés-Luna J. Universidad Nacional de Colombia. Instituto Nacional de Cancerología. Clínica Universitaria Colombia. Hospital Universitario Nacional de Colombia. Hospital Universitario Clínica San Rafael. Hospital Universitario San Ignacio. Clínica Reina Sofía. Grupo en Enfermedades Infecciosas en Cáncer y Alteraciones Hematológicas (GREICAH) Ibagué.
sacruzv@unal.edu.co

Introducción. Among the complications of cancer, bacterial infections stand out given their impact due to higher morbidity and mortality. Empirical antibiotic treatment is one of the pillars of sepsis management. This paper aims to determine the frequency, antibiotic susceptibility profiles, and antimicrobial resistance genes of microorganisms involved in bacteremia, as well as risk factors associated with mortality in cancer patients in a developing country. **Materiales y métodos.** In this epidemiological, observational, prospective, and multicenter study, an active search was carried out for adult patients with cancer and bacteremia. Variables of interest were obtained; according to the resistance phenotype of microorganisms, genotyping tests were performed to identify resistance genes. **Resultados.** A total of 195 patients with cancer and bacteremia were identified, with 206 isolated microorganisms. Of the total isolates, 142 (68.9%) were Gram-negative bacteria. The principal bacteria-related genes with extended-spectrum beta-lactamases and carbapenemases were blaCTX-M and blaKPC, respectively. Mortality at 30 days was 50 patients (25.6%). **Conclusiones.** In Colombia, in patients with cancer and bacteremia, most bacteria have high resistance to beta-lactams by BLEE-type beta-lactamases and carbapenemases, with resistance genes that differ from what is described in other regions of the world.

TC286. Efecto de la infección del torrente sanguíneo en la supervivencia de los pacientes de COVID-19 ingresados en la Unidad de Cuidados Intensivos: Un análisis de cohortes emparejadas.

Cortés-Luna J, Valderrama-Ríos M, Nocua-Báez L, Quitián L, Lozada F, Buitrago G. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
lcnocuab@unal.edu.co

Introducción. Se han identificado diversas complicaciones entre los pacientes con COVID-19 que pueden conducir a la muerte. El objetivo de este trabajo es determinar el impacto de la Infección del torrente sanguíneo (ITS) y otros factores de riesgo para mortalidad en pacientes con COVID-19 en estado crítico. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva, realizada en el Hospital Universitario Nacional de Colombia (HUN); entre el 29 de marzo y el 19 de diciembre del 2020. Se incluyeron pacientes con COVID-19, en Unidad de cuidado intensivo (UCI), quienes fueron emparejados 1:4 en dos cohortes, una con ITS y la otra sin ella. El desenlace primario fue la mortalidad a los 28 días. Se utilizó un modelo de riesgos proporcionales de Cox para estimar las diferencias en el riesgo de mortalidad. **Resultados.** Se identificaron 456 pacientes. La cohorte total fue de 320, 18% (n=59) en el grupo con ITS y 82% (n=261) en el control. Fallecieron 125 (39%) pacientes, 30 (51%) en el grupo con ITS y 95 (36%) en el de control (P= 0,040). La ITS se asoció con un aumento del riesgo de mortalidad intrahospitalaria a 28 días, [HR] 1,77 (IC 95%: 1,03 - 3,02; P = 0,037). La ventilación mecánica invasiva y la edad se asociaron con un incremento del riesgo de mortalidad. El mes del año de la estancia hospitalaria se asoció con una reducción del riesgo de mortalidad. **Conclusiones.** La ITS en pacientes con COVID-19 en UCI, incrementa la mortalidad intrahospitalaria a 28 días. Otros factores de riesgo fueron la VMI y la edad.

TC287. Cambio de terapia antirretroviral en Colombia: Cohorte retrospectiva.

Valderrama-Beltrán S, Martínez-Vernaza S, Correa-Forero S, Jaimes-Reyes M, Arévalo-Mora L, Martínez-Buitrago E, Franco J, Beltrán C, Urrego-Reyes J, León S, García-Garzón M, González C, Fonseca N, Botero M, Andrade J, Alzamora D, Lenis W, Pardo J, Alzate J, Mantilla M, Sussmann O, Montero L, Álvarez-Moreno C. Hospital Universitario San Ignacio. Pontificia Universidad Javeriana, Grupo VIH-COL. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
vanel1028@hotmail.com

Introducción. La terapia antirretroviral (TAR) para el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) ha mejorado la esperanza de vida de las personas que viven con el VIH/SIDA. Entre el 2,4% y el 50% de las PVVS que inician TAR requieren un cambio en primer año. Nuestro objetivo fue analizar causas, tiempo hasta el cambio y factores asociados al cambio de TAR en una cohorte. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte retrospectivo en 20 clínicas de VIH, se incluyeron pacientes ≥ 18 años con VIH, que se sometieron al menos a un cambio de TAR entre 2017-2019 y con al menos 6 meses de seguimiento. Se realizó un análisis de tiempo hasta el evento y un modelo de Cox. Además una regresión logística para comparar personas con un solo cambio versus aquellas que tenían 2 o más cambios. **Resultados.** 796 pacientes cambiaron de TAR durante el periodo de estudio. La mayoría eran hombres (77,1%) y menores de 50 años (71,6%). La principal

causa de cambio fue la tolerabilidad (56,4 %) seguida del fracaso virológico (17,2 %). La tolerabilidad tuvo una mediana de tiempo hasta el cambio de 12,2 meses, siendo la más corta, la mediana más larga hasta el cambio fue la simplificación (42,4 meses). En el modelo de Cox las personas > 50 años (HR=0,6; IC95(0,5-0,7)) y el estadio 3 del CDC (HR=0,8; IC95(0,6-0,9)) tuvieron menos probabilidad de cambio. Encontramos además que la dislipidemia aumentaba la probabilidad de cambiar más de una vez a diferencia de tener recuentos de CD4 > 200 células/mL. **Conclusiones.** La tolerabilidad fue la principal causa de cambio de TAR y con el tiempo más corto, la dislipidemia y recuentos de CD4.

TC288. Optimización de un método de precipitación para la recuperación del virus de la hepatitis E en afluente de abastecimiento y en agua residual.

Pinto-Valencia Y, Díaz-Rojas L, Muñoz-Sánchez G, Lora-Suárez F. Universidad del Quindío. Montenegro.
yimmivalencia03@gmail.com

Introducción. El Virus de la Hepatitis E se transmite a los humanos, por el consumo de agua contaminada, esto se debe a que las partículas virales son resistentes a condiciones ambientales. Los diferentes métodos empleados para la detección del virus en matrices acuosas se basan en técnicas que resultan costosas y poco asequibles para pruebas de rutina, es por esta razón que se hace necesario optimizar un método convencional para la recuperación del virus de la hepatitis E en matrices acuosas. **Materiales y métodos.** El método se optimizó teniendo en cuenta parámetros de investigaciones previas como: las gravedades, tiempo, temperatura y reactivos de precipitación (Metanol y Polietilenglicol). Se inocularon diluciones seriadas del control positivo en agua para establecer el límite de detección. Para la aplicación del método optimizado en muestras ambientales, se muestrearon 5 puntos en el municipio de Salento, Quindío, durante los meses de septiembre y noviembre del 2019, que se determinaron por la cercanía de porcícolas con afluentes que abastecen plantas de tratamiento. **Resultados.** Se determinó el límite de detección empleando ambos reactivos, en donde la concentración mínima detectada para el metanol fue de 1,760 ng/ μ L y para el Polietilenglicol 400 fue de 55 ng/ μ L, con respecto a la aplicabilidad del método en muestras ambientales, se logró la detección del virus en los dos tipos de matrices evaluadas. **Conclusiones.** Tanto los parámetros del método, como los reactivos empleados lograron precipitar el virus siendo el polietilenglicol el más apto debido a la concentración mínima detectada y su aplicabilidad en matrices ambientales.

TC289. Infecciones bacterianas en pacientes pediátricos receptores de trasplante de hígado entre 2016 y 2021.

Andrade-Fernández J, Álvarez-Olmos M, Medina-Ramos D, Cruz-Acevedo D, Vargas-Mendoza I, Rivera J, Ordoñez-Guerrero F. Fundación Cardioinfantil. Bogotá.
joam.andrade@gmail.com

Introducción. El potencial de complicaciones quirúrgicas, combinado con el impacto de la inmunosupresión, predispone a los receptores de trasplantes de órgano sólidos a complicaciones infecciosas clínicamente importantes. Este trabajo busca caracterizar infecciones bacterianas de pacientes pediátricos receptores de trasplante de hígado en una institución de alta complejidad de referencia nacional. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, retrospectivo, incluyó pacientes pediátricos receptores de hígado trasplantados entre julio del 2016 y 2020 en la Fundación Cardioinfantil de Bogotá-Colombia. Se recolectaron datos de hospitalizaciones con infecciones bacterianas desde el trasplante hasta septiembre de 2021. **Resultados.** Se identificaron 126 pacientes, con 3 retrasplantes y 316 episodios infecciosos. 65,07% de sexo femenino y 51,94% menores de 1 año. El 53,17% con diagnóstico de atresia de vías biliares. El 75,97% tuvo al menos una infección bacteriana durante la hospitalización del trasplante, y 76,98% tuvo entre 1 y 14 hospitalizaciones con infecciones; las intraabdominales fueron las más frecuentes (33,41%). Un tercio de las infecciones se presentaron en el primer mes posttrasplante, con disminución de eventos infecciosos en 1 a 6 meses posteriores. *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* fueron los aislamientos más frecuentes; se documentaron ERC en 18 hospitalizaciones. El tratamiento empírico más utilizado fue ampicilina/sulbactam (24,21%) con tiempo medio de tratamiento de 13,13 días; 55,80% cursaron con coinfecciones virales y/o fúngicas, observándose mayor mortalidad en este grupo, con diferencia significativa. El tiempo medio de hospitalización fue 17,99 días. Se registró 10,32% mortalidad asociada a infecciones y por ERC 1,59%. **Conclusiones.** Las infecciones son causa importante de morbimortalidad en niños trasplantados de hígado en nuestro medio.

TC290. Kinetics of the humoral immune response induced by the BNT162b2 against the SARS-CoV-2 variants.

Hernández J, Zapata-Cardona M, Chvatal-Medina M, Lopera T, Rúgeles C, Flórez-Álvarez L, Zapata W, Aguilar W, Díaz F, Tabora N, Rúgeles M. Universidad Cooperativa de Colombia. Universidad de Antioquia. Corporación Universitaria Remington. Medellín. juankhernandez@gmail.com

Introduction. The circulation of SARS-CoV-2 virus variants raises concerns about their potential evasion of the immune response and associated clinical consequences. Decay in the magnitude of the immune response over time after completion of the vaccination schedule has been evidenced. The aim of this study was to evaluate the kinetics of neutralizing antibodies after vaccination and the impact of circulating variants. **Materials and methods.** Prospective longitudinal study, with a cohort of 60 Colombian adults, who received the complete BNT162b2® vaccine schedule, and were followed for 6 months to determine the kinetics of antibodies. Plaque reduction neutralization assays were performed with live virus, using the B.1 lineage (D614G), and the Gamma, Alpha, Delta, Mu and Omicron variants of the SARS-CoV-2 virus. **Results.** Neutralizing capacity against all variants was observed in all individuals after 1 month of vaccination; however, a progressive decrease in neutralizing capacity was observed after 3 and 6 months. Compared to the B.1 lineage, the neutralizing response against the Delta, Mu and Omicron variants presented the greatest decrease, evidencing their immune escape capacity, followed by the Gamma and Alpha variants. The decrease in antibody titers was more evident in men older than 40 years. **Conclusions.** Despite the safety and effectiveness of the vaccines, it is important to improve and monitor them in order to improve the protective response they can offer.

TC291. Histoplasma capsulatum modula la respuesta inmune, afecta la proliferación, la diferenciación e induce apoptosis de las células estromales mesenquimales.

Rodríguez-Echeverri C, Gómez B, González A. Escuela de Microbiología: Universidad de Antioquia, Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud: Universidad Del Rosario. Medellín. angel.gonzalez@udea.edu.co

Introducción. Se ha demostrado que la infección de las células estromales mesenquimales (MSC), por diferentes patógenos, puede atenuar sus propiedades inmunomoduladoras; sin embargo, los mecanismos por los cuales las MSC responden a la invasión del patógeno es poco entendida. El objetivo fue determinar si la infección de las MSC, derivadas de médula ósea, con levaduras de *Histoplasma capsulatum* afecta la activación, la diferenciación o la proliferación de estas células. **Materiales y métodos.** Las MSC se obtuvieron de M.O. de ratones C57BL/6; se aislaron, purificaron y caracterizaron. Se determinó la expresión basal de TLR2, TLR4 y Dectina-1 mediante citometría de flujo. Las MSC se infectaron con levaduras de *H. capsulatum* (MOI=5). Algunos cultivos fueron tratados con anticuerpos anti-TLR2, anti-TLR4 o con un péptido específico para Dectina-1. Se realizaron ensayos de fagocitosis, microbicidas, de proliferación y diferenciación celular, y se determinó la expresión de genes que codifican para varios mediadores inflamatorios (IL-1 β , IL-6, IL-10, IL-17, TNF- α , TGF- β , arginasa-1, iNOS). **Resultados.** se observó que las MSC tienen la capacidad de fagocitar las levaduras de *H. capsulatum*, pero no ejercen un efecto antifúngico. Por el contrario, la infección de estas MSC con el hongo no solo modula la expresión de mediadores inflamatorios, por un mecanismo dependiente de TLR2, TLR4 y Dectina-1, sino que también afecta su viabilidad y capacidad de diferenciación. **Conclusiones.** estos hallazgos indican que la infección de las MSC por *H. capsulatum* no solo podría afectar la hematopoyesis sino también modular la respuesta inmune en el hospedero infectado y, además, estas MSC podrían proporcionar un nicho para el hongo, permitiéndole persistir y evadir la respuesta inmune del hospedero.

TC292. Complicaciones infecciosas en pacientes pediátricos postrasplante hepático en los primeros 3 meses en la Fundación Valle del Lili, un centro Latinoamericano de trasplantes.

Pérez-Camacho M, Botero-Osorio V, Carvajal-Cárdenas D, Acevedo-García M, Manzi-Tarapués E, Torres-Canchala L, Sandoval-Calle L, Caicedo-Rusca L. Fundación Valle del Lili. Universidad ICESI. Cali. paula.perez.ca1@fvl.org.co

Introducción. En pacientes pediátricos con trasplante hepático, una de las principales complicaciones son las infecciones. Su etiología varía de acuerdo con el tiempo transcurrido posterior al trasplante, presentándose de forma temprana infecciones bacterianas y fúngicas, con posterior aparición de infecciones virales y parasitarias. Existe poca literatura que describa la prevalencia de complicaciones infecciosas en este grupo de pacientes en Colombia.

Materiales y métodos. Describir las complicaciones infecciosas en pacientes con trasplante hepático posterior al procedimiento en los primeros 3 meses en la Fundación Valle del Lili de Cali-Colombia. **Resultados.** El diagnóstico principal al momento del trasplante fue atresia de las vías biliares en un 65%. Se registraron 215 episodios infecciosos en 92 trasplantes hepáticos pediátricos. Los microorganismos más frecuentes fueron: *Klebsiella pneumoniae* (21%), *Cytomegalovirus* (7%), *Pseudomonas aeruginosa* (7%), *Escherichia coli* (6%) y *Virus Epstein Barr* (6). La supervivencia del paciente a tres meses fue del 88%. **Conclusiones.** Las complicaciones infecciosas en los primeros tres meses post-trasplantes hepático pediátrico se desarrollaron principalmente por bacterias. Se presentaron de manera más temprana infecciones de origen bacteriano y fúngico, con aparición más tardía de infecciones virales. Las complicaciones infecciosas no afectaron la supervivencia del paciente a 3 meses en este grupo.

TC293. Carbapenem-resistant enterobacteriales colonization in newborns is related with worst clinical outcomes: a cohort study.

Londoño-Ruiz J, Álvarez-Olmos M, Medina-Ramos D, Troncoso G, De La Hoz-Valle J, Sandoval-Espinosa S, Gonzalez-Estefan L. Fundación Cardioinfantil. Universidad El Bosque. Universidad del Rosario. Bogotá. jp.londono81@gmail.com

Introduction. Carbapenem resistant enterobacteria (CRE) is a global public health problem, especially in vulnerable populations. In newborns, colonization and infection are of particular concern because of the increased morbidity and mortality of these infections. In this study, we find differences in clinical outcomes between CRE-colonized and CRE-non-colonized newborns.

Materials and methods. We performed a retrospective, observational, and longitudinal cohort study for the surveillance of CRE colonization in neonates admitted between 2018 and 2021 in the Neonatal Intensive Care Unit (NICU) of a Children's hospital in Bogotá, Colombia. The data was analyzed in R 4.0.3. **Results.** We reviewed 462 clinical records of 4 years-period. We found 21 (4,5%) CRE colonized newborns. Sixty-three CRE-not colonized (CRE-NC) were used as control group. All isolates from rectal culture were *Klebsiella pneumoniae*. We found that 71,4% of CRE-C and 25% of CRE-NC used antibiotics before admission (p value 0,0005), and 19% and 1,6% in CRE-C and CRE-NC reported previous use of carbapenems (p value 0,01). We found that colonization with CRE increases the risk of sepsis episodes (RR 1,68 CI 1,09 - 2,58), antibiotic requirement (RR 1,45 CI 1,04 - 2,03), carbapenem therapy (RR 6,75 CI 2,32 - 19,66) and, the need for empirical therapy for CRE (RR 4,5 CI 1,4 - 14,4). **Conclusions.** This study is the first to report worse clinical outcomes among newborns colonized by CRE and, it supports the importance of rectal screening in NICUs, beyond the prevention of outbreaks in this population.

TC294. High frequency of colonization by ESBL-producing Gram-negative bacilli, and knowledge, attitudes, and practices (KAP) regarding antibiotic use in hemodialysis patients and their household contacts: A comprehensive approach.

Montoya-Urrego D, Vanegas-Múnnera J, Roncancio-Villamil G, Jiménez-Quiceno N. Línea de Epidemiología Molecular y Resistencia Bacteriana, Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada MICROBA: Universidad de Antioquia. Grupo de Investigación en Salud Pública, Escuela de Ciencias de la Salud: Universidad Pontificia Bolivariana. Departamento de Enfermedades Infecciosas: Clínica Cardio Vid. Medellín. daniela.montoyau@udea.edu.co

Introduction. Hemodialysis patients and their household contacts present specific characteristics that favor high colonization frequencies by resistant Bacteria. They constantly circulate between hospital and community environments, acting as carriers of these bacteria and facilitating their transmission. Additionally, the inappropriate antibiotics use contributes to increased selection pressure by resistant microorganisms. We study the beta-lactam-resistant Gram-negative bacilli (BR-GNB) colonization between hospital and community, and evaluate the Knowledge, Attitudes and Practices (KAPs) about antibiotics use and bacte-

rial resistance by a comprehensive approach. **Materials and methods.** Two descriptive studies were proposed to evaluate BR-GNB colonization and KAPs about antibiotics use and bacterial resistance. Thirty-six hemodialysis patients and 90 household contacts were included. Clinical and epidemiological information was collected and a KAP-type survey was applied. BR-GNB colonization was assessed from stool samples. Bacterial identification and susceptibility were obtained by Vitek-2. Molecular analysis included beta-lactam resistance gene detection, typing by PFGE, MLST, and Clermont method. **Results.** Colonization by BR-GNB occurred in 58.3% of patients and 22.2% of household contacts. The main beta-lactamase detected was CTX-M-group-1 (40.5%). PFGE and MLST showed high diversity in *E. coli* isolates, and the most frequent phylo-groups were B1 and B2. Regarding KAPs, misconception about antibiotic resistance, lack of adherence to treatment and prescription of antibiotics by non-medical personnel was evidenced. **Conclusions.** A high frequency of colonization by potentially pathogenic BR-GNB was found in patients and household contacts. This demonstrates the need to prevent the spread of bacterial resistance also outside hospitals. The gaps identified in the KAP-type survey allow focusing education strategies on this population. (MinCiencias: 111577756947).

TC295. Jóvenes adultos con diagnóstico de neumonía grave por SARS-CoV-2, exhiben desregulación monocitaria a nivel inflamatorio y post-transcripcional, que se asocia a severidad y predice mortalidad en Unidad de Cuidado Intensivos.

Henao-Agudelo J, Ayala S, Badiel-Ocampo M, Matta-Cortés L. UCEVA, Universidad del Valle. Hospital Universitario del Valle. Tuluá. jshenao@uceva.edu.co

Introducción. la letalidad por SARS-CoV-2 aumenta con la edad, afectando principalmente a los mayores de 65 años, sin embargo, pocos estudios han profundizado en los elementos inflamatorios y moleculares que gobiernan la COVID-19 en adultos jóvenes. Nuestro objetivo fue caracterizar el perfil inflamatorio y de microRNAs en adultos jóvenes con neumonía grave por COVID-19 internados en UCI. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte prospectivo realizado en el HUV en Cali-Colombia 2021. Los pacientes fueron confirmados por qPCR para SARS-CoV-2. Citocinas, perfil monocitario y microRNAs se tomaron durante las primeras 48hs de la internación. **Resultados.** Nuestros análisis demuestran que niveles elevados de IL-10, IL-8 e IL-6 fueron predictores de mortalidad (AUC: 0,89/ 0,91/ 0,93 respectivamente) para los jóvenes adultos. Análisis descriptivos revelaron una mortalidad acumulada del 30%. Detectamos que los pacientes que fallecieron (n12), exhibieron una reducción en la expresión de HLA-DR en los monocitos clásicos cuando confrontados con sobrevivientes (n28) o controles-sanos (n25), este fenotipo, se relacionó con mayor severidad (APACHE \geq 12) y co-infecciones. Array de microRNAs reveló 14-miRs downregulate y 12-miRs upregulate en los pacientes que fallecieron, por bioinformática se identificaron vías de señalización y factores de transcripción que explicaron la desregulación observada. **Conclusiones.** Nuestros resultados demuestran que la reducción de HLA-DR en monocitos clásicos, fue un predictor temprano de mortalidad independiente de comorbilidades. Además, que en conjunto con elevación de PD-L1, citocinas y señalización de PI3K/AKT, refuerzan la hipótesis de una desregulación monocitaria e inmunosupresión severa inducida por SARS-CoV-2 que conlleva a mortalidad para adultos jóvenes que ingresaron a UCI.

TC296. Intensidad y duración de la respuesta inmune humoral a la vacuna para COVID-19 en trabajadores de la salud, utilizando una prueba de anticuerpos IgG cuantitativos

Ospina S, Becerra G, Pizano L, Pérez D, Pérez E, Moncada J. Universidad de Antioquia, Hospital San Vicente Fundación Rionegro. Hospital San Vicente Fundación Medellín. Medellín. doctorsigifredo@gmail.com

Introducción. Objetivo: Determinar la intensidad y duración de la respuesta de anticuerpos IgG frente a la vacuna para COVID-19, en trabajadores de la salud de los Hospitales San Vicente Fundación de Medellín y Rionegro, Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte prospectiva para la evaluación de la respuesta inmune generada por la vacuna para COVID-19 en 305 trabajadores de la salud que presentaban el esquema de vacunación completo para COVID-19 y a los cuales se realizó la cuantificación de anticuerpos IgG para SARS-Cov-2 por el método de quimioluminiscencia indirecta, con la prueba Siemens Atellica IM SARS-CoV-2 IgG (sCOVG). Se realizaron mediciones a los 4, 8, y 12 meses post vacuna. **Resultados.** En la primera toma se estudiaron 306

trabajadores, cuya mediana de anticuerpos fue de 770.5 BAU/ml (RIQ: 338.7-2314.2), en la segunda toma se incluyeron 169 trabajadores, cuya mediana de anticuerpos fue de 185.7 BAU/ml (RIQ: 85.4-418.1), y en la tercera toma 88 trabajadores, cuya mediana fue de 3270 BAU/ml (RIQ:2480-3270). Se encontró una mayor respuesta de anticuerpos en los trabajadores con antecedente de COVID-19. No hubo diferencias significativas en la respuesta de anticuerpos por edad, sexo, cargo, o lugar de trabajo. **Conclusiones.** La vacuna para COVID-19 genera una buena respuesta de anticuerpos, pero éstos disminuyen en el tiempo y se recuperan con una dosis de refuerzo. La respuesta fue mayor en trabajadores con antecedente de COVID-19. La prueba de anticuerpos IgG cuantitativa contra RBD puede ser un buen correlato de protección.

TC297. Error diagnóstico en la era de la pandemia COVID-19, un estudio de cohorte.

Riño-Sánchez L, Puerto-López J, Cano-Arenas N, Cortés-Luna J. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá. lrianos@unal.edu.co

Introducción. El error de diagnóstico es considerado un problema serio en la seguridad del paciente del cual existe limitado conocimiento durante la pandemia. El objetivo fue evaluar el impacto del error diagnóstico en contexto de pandemia, en estancia hospitalaria y mortalidad. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva de 225 pacientes admitidos consecutivamente a UCI y medicina interna en un hospital en Colombia entre mayo y agosto del 2020. Exposición: pacientes con sospecha de COVID-19 luego descartada. Evaluación de error diagnóstico con "Safer Dx Instrument" y "Safer Dx Process Breakdown Supplement". Desenlace primario: impacto del error diagnóstico en mortalidad y estancia hospitalaria. Secundarios: Frecuencia de error diagnóstico determinada por instrumentos validados y factores de riesgo. **Resultados.** 215 pacientes, 110 expuestos y 105 no expuestos, mediana de edad 66,0 años (IQR 50,5-78,5), 107 (49,8%) hombres; puntaje Charlson 5 (IQR 4-7). Frecuencia error diagnóstico fue 16,7%. No hubo asociación de error diagnóstico con estancia hospitalaria (HR 1,41 IC 95% 0,94-2,12), ni entre error diagnóstico y mortalidad (OR 2,94, IC95% 0,63-13,65). La exposición se asoció con mayor estancia hospitalaria (HR 1,43, IC95% 1,07-1,92). La edad (OR por década 1,30, IC95% 1,05-1,64) y la sepsis (OR 1,46, IC95% 1,76-10,64) fueron predictores de error diagnóstico. **Conclusiones.** El error diagnóstico tuvo frecuencia de 16,7% en pacientes hospitalizados durante la pandemia por condiciones diferentes al COVID-19. No se encontró asociación entre error diagnóstico y estancia hospitalaria o mortalidad. Hubo asociación entre la exposición y prolongación de la estancia hospitalaria. Los datos podrían permitir implementar procesos de retroalimentación para minimizar el riesgo de error diagnóstico.

TC298. Riesgo de muerte por COVID 19: un enfoque con máquinas de aprendizaje

Martínez-Muñoz M, Martínez-Muñoz J, Hoyos-Pulgarín J, Martínez J. Clínica Santa Clara. Vanderbilt. Oncólogos del Occidente. Pereira. jose01william@utp.edu.co

Introducción. Entrenar modelos predictivos para clasificar el riesgo de muerte y la supervivencia de pacientes con SARS-CoV-2. **Materiales y métodos.** Estudio transversal utilizando los datos de los sistemas de vigilancia epidemiológica de Risaralda del 2020 hasta febrero del 2021. El procesamiento, análisis y validación de datos se realizó en R. El desenlace del modelo de clasificación fue "muerte por COVID-19". A los pacientes se les evaluó la probabilidad de muerte para cada día. Los datos (n = 22.404) se dividieron en dos conjuntos, el 80% para entrenamiento y el restante para validación. Se considero una partición estratificada considerando la variable desenlace. **Resultados.** El 2,4% de los datos presento el desenlace (muerte = 1). El algoritmo de centroides más cercanos presentó el mejor desempeño (sensibilidad= 78%, especificidad= 84%). Se entrenó un modelo de supervivencia utilizando *random forest*, el cual tiene la capacidad de estimar la supervivencia individual desde la fecha de consulta. Se propone un umbral de probabilidad de supervivencia 0.919. Los RSME de entrenamiento y validación fueron 4,15 y 6,21 respectivamente. **Conclusiones.** Los modelos canónicos no convergieron debido al exceso de ceros y la falta de poder predictivo de las variables explicativas. El uso de nuevas metodologías de máquinas de aprendizaje permitió realizar una mejor optimización de recursos logrando identificar las personas de mayor riesgo en una población con muy baja frecuencia del desenlace. Los modelos propuestos ofrecen una retroalimentación al clínico a la hora de diligenciar fichas de notificación y realizar el seguimiento de los pacientes.

Ancotosin®

(FLUCITOSINA 500 MG - CÁPSULAS)



- R.S. Invima 2019M-0019349 - Caja por 60 cápsulas
- Mayor supervivencia en comparación a otros esquemas de inducción.
- Menor toxicidad por disminución del uso de Anfotericina B en el tiempo.
- Mayor tasa de esterilidad del LCR, evitando repetir ciclos de inducción.
- Disponibilidad inmediata

La OMS (Organización Mundial de la Salud), actualizo la guía de tratamiento de la criptococosis meníngea, en el mes de junio de 2022, en pacientes con inmunosupresión por VIH, con modificaciones en algunas recomendaciones realizadas en el 2018. La prioridad actual es: Efectividad, Seguridad con evidencia orientada al mayor **Beneficio** del uso de **Anfotericina B Liposomal y Flucitosina**. Los mayores cambios realizados están basados en un artículo publicado este mismo año en **New England Journal of medicine**; un estudio aleatorio, multicéntrico, fase 3, de no inferioridad, con 844 pacientes, desarrollado en África, en donde se evaluó: dosis única de **Anfotericina B Liposomal**, seguido de 14 días de **Flucitosina y fluconazol a dosis altas**, comparándolo con el esquema de recomendación actual, al momento que eran los descritos en las guías OMS 2018. Los resultados documentaron una diferencia de mortalidad en análisis por protocolo de 4.05% y 5.04% en el análisis ajustado, con **similar esterilidad del Líquido cefalorraquídeo y menores reacciones adversas grado 3 y 4 en el grupo de dosis única**, Anfotericina B Liposomal (incluyendo eventos adversos potencialmente fatales, anemia y lesión renal).

Las otras opciones terapéuticas están basadas en el meta-análisis Cochrane del Dr. Tenforde, el cual demostró que la terapia **Flucitosina + Fluconazol dosis altas por 2 semanas vs Anfotericina B desoxicolato + Flucitosina por 1 semana seguido de fluconazol dosis altas por 1 semana vs Anfotericina B desoxicolato + Flucitosina o Fluconazol por 2 semanas**; tuvieron mortalidades a las 2 semanas de 18.2% vs 21.9% vs 21.4%, y mortalidad a las 10 semanas de 35.1% vs 24.2% vs 38.3% con un HR 0.56 (IC 95% 0.35 – 0.91), con mejor efectividad para el esquema de inducción **Anfotericina B desoxicolato + Flucitosina por 1 semana seguido de Fluconazol dosis altas x 1 semana**. El estudio también mostro, con el esquema oral (Flucitosina + Fluconazol) y el esquema de 1 semana de Anfotericina + Flucitosina, se obtuvo menos eventos adversos grado 3 y 4 en comparación a esquemas de 2 semanas de Anfotericina B; y las tasas de esterilización del líquido cefalorraquídeo, fueron mayores, evitando repetir ciclos de inducción.

ESQUEMA DE INDUCCIÓN EN CRIPTOCOCOSIS MENÍNGEA - PACIENTE CON VIH

Anfotericina B Liposomal, 10 mg dosis única + Flucitosina 100 mg /kg/día y Fluconazol 1200 mg iv día por 14 días.



1 semana de Anfotericina B desoxicolato 1 mg /kg /día + Flucitosina 100 mg/kg/día dividido en 4 dosis, seguido de 1 semana de Fluconazol 1200 mg v.o día.



En caso de condiciones clínicas que no permitan el uso de Anfotericina B, se propone: 14 días de Fluconazol 1200 mg iv día + Flucitosina 100 mg/ kg /día



El no contar con el recurso para las recomendaciones descritas, se puede utilizar el siguiente esquema, menos efectivo y mayor toxicidad: Anfotericina B desoxicolato 1 mg/ kg/ iv día + Fluconazol 1200 mg/iv día x 14 días.



El esquema de dosis única de Anfotericina B liposomal es una buena opción, si se cuenta con el recurso suficiente, las opciones alternativas son adecuadas al momento de tomar decisiones terapéuticas, siempre y cuando se ajusten a los recursos con los que se cuenta en el momento, es una de las conclusiones de la guía.

BIBLIOGRAFÍA

1. Guidelines for Diagnosing, Preventing and Managing Cryptococcal Disease Among Adults, Adolescents and Children Living with HIV. Geneva: World Health Organization; 2022i

3. Molloy SF, Kanyama C, Heyderman RS, et al. Antifungal Combinations for Treatment of Cryptococcal Meningitis in Africa. N Engl J Med. 2018;378(11):1004-1017. doi:10.1056/NEJMoa1710922

2. Jarvis JN, Lawrence DS, Mehta DB, et al. Single-Dose Liposomal Amphotericin B Treatment for Cryptococcal Meningitis. N Engl J Med. 2022;386(12):1109-1120. doi:10.1056/NEJMoa2111904

4. Tenforde MW, Shapiro AE, Rouse B, Jarvis JN, Li T, Eshun-Wilson I, Ford N. Treatment for HIV-associated cryptococcal meningitis. Cochrane Database of Systematic Reviews 2018, Issue 7. Art. No.: CD005647. DOI: 10.1002/14651858.CD005647.pub3. Accessed 13 March 2022.



GLOBAL
SERVICE
PHARMACEUTICAL

Patrocinadores

Diamante



Working together in HIV

Oro



Plata



General

