

XV Encuentro Nacional de Investigación e Innovación en enfermedades Infecciosas 2026

V Encuentro Latinoamericano de Investigación e Innovación en enfermedades Infecciosas

PRESENTACIONES ORALES

Epidemiología hospitalaria y control de infecciones

O-001 *FC

Vigilancia por laboratorio del sarampión y la rubéola en Colombia como pilar fundamental en los programas de eliminación

Peña-Guzmán C, Pardo-Díaz N, Espinosa-Muñoz D, Nocua-Martínez P, Gómez-Rangel S.

Grupo de Virología, Instituto Nacional de Salud.

Bogotá

cpenag@ins.gov.co

Introducción. La vigilancia de los virus del sarampión y la rubéola (MeV-RuV), liderada por el Instituto Nacional de Salud (INS), permitió clasificar los brotes investigados en 2026. La alta circulación viral en países vecinos aumentó el riesgo de importación de casos a Colombia. La captación oportuna de casos y las medidas de control minimizan la probabilidad de circulación comunitaria y permiten a Colombia estar certificada como país libre de circulación endémica de MeV-RuV. **Objetivos.** Describir los resultados de la vigilancia por laboratorio del MeV-RuV en Colombia conforme a los planes de eliminación en las Américas. **Materiales y métodos.** Con corte a agosto 2026, se analizaron más de 2.078 muestras notificadas al Laboratorio Nacional de Referencia del INS con sospecha de infección por MeV/RuV. El algoritmo diagnóstico internacional se aplica en Colombia con investigación serológica, molecular y análisis filogenéticos de cada caso. La red nacional de laboratorios notifica obligatoriamente los casos al INS para caracterización epidemiológica y análisis de la dinámica viral. **Resultados.** Más de 1.300 análisis serológicos y 1.600 análisis moleculares permitieron confirmar infección reciente o presencia del virus en 17 casos. Entre ellos, 16 fueron por MeV: dos asociados a vacuna y 14 confirmados como infección por virus salvaje. El genotipo predominante fue D8: DsID 9171, linaje MVs/Ontario.CAN/47.24. Dos casos se identificaron como DsID 12307 con variación en las posiciones 217 (citocina por adenina) y 218 (adenina por guanina) del gen N450. Todos los casos estuvieron relacionados con secuencias reportadas en Centroamérica 2025 y 2026. Un caso no pudo ser caracterizado por secuenciación. Con respecto a RuV, un caso fue confirmado como genotipo 1a asociado a virus vacunal. **Conclusiones.** En Colombia se han confirmado 14 casos de sarampión, todos importados. La vigilancia por laboratorio es una herramienta indispensable para la caracterización de casos sospechosos y el estudio de la circulación viral en el país.

*FC: fuera de concurso.

O-002

Microbiota ambiental y patógenos responsables de infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS): explorando su asociación en una unidad de cuidados intensivos (UCI) en Colombia

Matiz-González J, Moreno Z, Sarmiento P, Arias C, Rincón S, Porras A, Reyes J, Carvajal L.

Unidad de Genética y Resistencia Antimicrobiana, Universidad El Bosque; Epidemiología e Investigación; Los Cobos Medical Center; Center for Infectious Diseases, Houston Methodist Hospital; Houston Methodist Research Institute; Facultad de Medicina, Instituto de Genética Humana; Grupo de Enfermedades Infecciosas, Pontificia Universidad Javeriana.

Bogotá

jmmatiz@unbosque.edu.co

Introducción. Las IAAS representan un problema crítico en las UCI, donde las superficies de alto contacto pueden actuar como reservorios potenciales de patógenos. Colombia carece de estudios de microbiota de superficies hospitalarias y su relación con IAAS. **Objetivos.** Analizar la variación temporal de la microbiota de superficies de alto contacto en un hospital de alta complejidad de Bogotá y su relación con patógenos causantes de IAAS. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, observacional y longitudinal en una UCI adultos de un hospital inaugurado en 2019. Se muestrearon 20 superficies pareadas, antes (n = 20, Sep-2018) y después (n = 20, Sep-2022) de la apertura hospitalaria, incluyendo camas (barandas y colchones), mesas auxiliares, monitores y lavamanos, en 4 de 12 habitaciones seleccionadas aleatoriamente. La microbiota se caracterizó mediante metabarcoding 16S-rRNA, y su composición fue contrastada con especies bacterianas causantes de IAAS entre 2019–2024 en la institución. **Resultados.** En 2018, la microbiota estuvo dominada por taxones ambientales como *Acinetobacter* y *Pseudomonas*. Tras apertura, la composición cambió significativamente (PERMANOVA p = 0,001), con aumento de componentes de microbiota de origen humano, principalmente Enterobacteriaceae (10% → 27%) y *Staphylococcus* (2% → 12%). La abundancia de Enterobacteriaceae fue significativamente mayor en mesas auxiliares ($\beta=0,66$; p=0,041), identificándolas como puntos críticos de contaminación. La epidemiología de IAAS en la UCI (127 aislamientos) reveló que los patógenos más frecuentes fueron especies de Enterobacteriaceae (n = 52, 41%): *E. coli* (n = 22, 42%) y *K. pneumoniae* (n = 18, 35%), y de *Staphylococcus* (n = 22, 17%): *S. aureus* (n = 14, 64%) y *S. epidermidis* (n = 8, 36%), patrón concordante en toda la institución. **Conclusiones.** Los taxones que incrementaron en superficies hospitalarias en 2022 coincidieron con los principales patógenos responsables de IAAS en la UCI en el mismo periodo, sugiriendo que las superficies de alto contacto son reservorios potenciales de estos microorganismos.

O-003

Diversidad genómica de aislamientos clínicos de *Staphylococcus aureus* resistente a Metilicina (MRSA) en un hospital en Pereira, Colombia

Orejuela-Cardona C, Matiz-González J, Ordoñez K, Ibarra-Vásquez L, Castellar C, Rincón S, Panesso D, Baptista R, Arias C, Carvajal L, Reyes J. *Universidad El Bosque; Hospital Universitario San Jorge de Pereira; Universidad Javeriana; Houston Methodist.*

Bogotá
corejuela@unbosque.edu.co

Introducción. MRSA representa un grave problema para la salud pública en Colombia y su epidemiología requiere actualización. Estudios de diversidad genómica permiten caracterizar diferentes linajes circulantes y contribuyen a identificar posibles desafíos clínicos. **Objetivos.** Evaluar la diversidad genómica de MRSA causantes de infecciones en un hospital de Pereira. **Materiales y métodos.** Análisis descriptivo y comparativo de caracterización genómica de 19 MRSA de infecciones graves en un hospital de Pereira (2024-2025). Se identificaron linajes genéticos (ST y CC, *agr*), resistoma, análisis filogenómicos y cuantificación de core-SNPs (polimorfismos único nucleótido) incluyendo clones de referencia. **Resultados.** De los 19 MRSA, 10 pertenecían al CC8 (ST8, ST2802 y ST3756, n=52,7%), los últimos dos clones correspondían a variantes SNP del ST8. Adicionalmente, seis cepas correspondieron al ST72-CC72 (n=32%) y se identificó una cepa perteneciente a cada uno de los clones ST88-CC88, ST6-CC6 y ST5-CC5. Todos presentaron *agr*-I, excepto el MRSA-ST88 y MRSA-ST5 que portaban *agr*-III y *agr*-II, respectivamente. La mayoría de MRSA-ST8 (n=10;53%), correspondieron a USA300-LV, clon frecuente en Colombia (ST8/SCCmec IVc/E/*agr*-I), seguido de genotipos no reportados previamente: ST72-SCCmecVT/*agr*-I (n=5;26%), ST72-SCCmecIVb/*agr*-I (n=1;5%), ST6-SCCmecIVa/*agr*-I (n=2;11%, COLST6) y ST5-SCCmecV/*agr*-II (n=1;5%, COLST5). Entre MRSA-ST72, aquellos con SCCmecV presentaron alta similitud genómica (118–190 SNP) con ER03364, (MRSA de sangre; USA-2015). COLST6 mostró mayor similitud con aislamientos del clon epidémico europeo (MRSA-ST6-SCCmecIVa) asociados a infección en piel y tejidos blandos (142–256 SNP), COLST5 no presentó relación estrecha con clones ST5 (USA100, USA800, o Chileno-Cordobés, >377 SNP). Todos los linajes de MRSA fueron resistentes a OXA, mientras que aquellos con SCCmecVT exhibieron adicionalmente resistencia a TET/FUS, y uno de estos a DAP. MRSA con SCCmec-IVb, fue resistente a CIP. **Conclusiones.** Identificamos tres linajes de MRSA de infecciones no reportados previamente en Colombia, circulando en un mismo hospital, evidenciado así la relevancia de una vigilancia genómica activa.

O-004

Caracterización genómica de aislamientos del complejo *Serratia marcescens* asociados a brotes en hospitales de Colombia, 2025–2026

Saavedra S, Vargas-Flórez N, Montilla-Escudero E, Torres Y, Gutiérrez M, Peña H, Ovalle M, Acosta E, Moreno V, Bonilla S, Duarte C, Rodríguez E.

Instituto Nacional de Salud.
Bogotá
sysaavedrar@gmail.com

Introducción. El complejo *Serratia marcescens* (SMC) agrupa diversas especies estrechamente relacionadas genéticamente y que, hasta hace poco, eran identificadas como *Serratia marcescens* (Sma). Estos microorganismos oportunistas son responsables de múltiples infecciones y brotes hospitalarios. **Objetivos.** Caracterizar fenotípica y genotípicamente aislamientos de Sma, asociados a brotes hospitalarios, recibidos durante 2025–2026 a través de la Vigilancia Nacional por Laboratorio de Resistencia Antimicrobiana del Instituto Nacional de Salud. **Materiales y métodos.** Durante este periodo se reportaron siete brotes asociados a Sma en hospitales de Colombia: tres en Antioquia y uno en Bogotá, Caldas y Cesar, respectivamente. Se analizaron 19 aislamientos, los cuales fueron reidentificados usando MALDI-TOF y su susceptibilidad antimicrobiana determinada usando difusión en disco, según criterios CLSI. Todos los aislamientos fueron secuenciados usando la plataforma Miseq de Illumina y los resultados obtenidos se analizaron usando AMRFinderPlus para la detección de genes de resistencia y pipelines IQ-TREE y snp-sites, para el análisis filogenético. **Resultados.** La identificación por MALDI-TOF, demostró que todos los aislamientos pertenecen al SMC. El análisis genómico reveló la presencia de cuatro especies: *Serratia nevei*, en tres hospitales (dos en Antioquia y uno en Cesar); *Serratia marcescens* sensu stricto, en un hospital de Bogotá; *Serratia bockelmannii*, en un hospital de Caldas; y *Serratia ureilytica*, en

un hospital de Antioquia. La mayoría (12/19; 63,2%) de aislamientos mostraron resistencia a carbapenémicos. Los aislamientos de *S. nevei* portaban KPC-2 y correspondieron principalmente a la secuencia tipo ST461. Los aislamientos de *S. bockelmannii* presentaron KPC-2, VIM-24 y NDM-1, y pertenecieron a la ST223*-new. Mientras que, los aislamientos de *S. marcescens* sensu stricto fueron productores de CTX-M-12 y correspondieron a la ST403*-new. **Conclusiones.** Los resultados evidencian una alta diversidad de especies dentro del SMC asociadas a brotes hospitalarios en Colombia y resalta la importancia de implementar herramientas genómicas para una identificación específica como complemento de la información clínica y epidemiológica.

O-005

Bacteriófagos como estrategia de biocontrol en drenajes hospitalarios: prevención de biopelículas de *Pseudomonas aeruginosa* resistente a carbapenémicos

Tellez-Carrasquilla S, Salazar-Ospina L, Jiménez-Quiceno N. *Línea de Epidemiología Molecular y Resistencia Bacteriana (EPIMOL), Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia.*
Medellín
sara.tellez@udea.edu.co

Introducción. Las tuberías de drenaje y los sifones hospitalarios constituyen reservorios críticos para la persistencia y diseminación de patógenos resistentes a los antimicrobianos. Estos microorganismos cuentan con un ambiente propicio para la formación de biopelículas; lo cual dificulta su erradicación mediante estrategias convencionales de limpieza y desinfección. En este contexto, los bacteriófagos representan una alternativa prometedora para el biocontrol de biopelículas en ambientes clínicos. **Objetivos.** En este estudio nos planteamos evaluar la efectividad de bacteriófagos en la prevención de biopelículas de *Pseudomonas aeruginosa* resistente a carbapenémicos sobre materiales utilizados en tuberías de drenaje. **Materiales y métodos.** Estudio experimental. Se seleccionó una cepa de *P. aeruginosa* resistente a carbapenémicos productora de VIM del ST111, con expresión fuerte de biopelícula. Se realizaron tratamientos preventivos con bacteriófagos individuales y cócteles de fagos en microplacas de 96 pozos y sobre materiales de policloruro de vinilo (PVC) presentes en ductos de drenaje. Posterior al tratamiento (24h) se determinó la cantidad de biomasa mediante el método de cristal violeta. **Resultados.** Los resultados en microplacas de 96 mostraron que el bacteriófago vB_Pae_FPA1 evitó la formación de biopelículas en un 90,9% (MOI de 100), mientras que el cóctel (vB_Pae_FPA1, vB_Pae_FPA7) logró una reducción del 29,9% y de 20,9% a MOI de 10 y 100 respectivamente. Al evaluar la actividad del fago individual y del cóctel en el material de PVC se observó que vB_Pae_FPA1 (MOI 100) evitaba la formación de biopelículas en un 97% y el cóctel en un 5,4% a MOI de 10 y del 6,9% a MOI de 100. **Conclusiones.** Estos resultados evidencian el potencial de los bacteriófagos para la prevención de biopelículas en drenajes hospitalarios, generando un gran impacto en el control de la diseminación de *P. aeruginosa* resistente a los carbapenémicos en el entorno hospitalario. Financiación MINCIENCIAS 111589785393, CODI 2024-76285.

O-006

Higiene de manos 4.0: programa inteligente de control de infecciones asistido por IA en un hospital en Colombia

Gutiérrez-Tobar I, Soto-Jiménez D, Aguilar-Moreno L, Bravo-Ojeda J, Álvarez-Moreno C.

Clínica Infantil Santa María del Lago; Clínica Colsanitas.
Bogotá
ivanfelipegutierrez@gmail.com

Introducción. La higiene de manos es la intervención más costo-efectiva contra las infecciones asociadas a la atención en salud. Sin embargo, los programas tradicionales se ven limitados por falta de personal, tiempo y recursos, y por la imposibilidad de analizar los datos en tiempo real para retroalimentar a los equipos e intervenir oportunamente. **Objetivos.** Implementar y sostener en producción un programa digital inteligente de higiene de manos que automatice la vigilancia, el análisis y la retroalimentación a los líderes en tiempo real mediante inteligencia artificial, para cerrar el ciclo de mejora con el personal y los recursos disponibles. **Materiales y métodos.** Plataforma web sin papel (Next.js, Supabase/PostgreSQL, Vercel) con seis módulos: captura de observaciones anclada en los cinco momentos OMS con cumplimiento individual por momento; tres tableros en tiempo real (público, directivo y de técnica); reporte automá-

tico semanal por correo cuyo análisis y recomendaciones redacta un modelo de lenguaje grande (Claude Haiku 4,5) con guardarrailes anti-alucinación; una aplicación web progresiva que mide el consumo real de alcohol gel y jabón por lectura de código de barras, con trazabilidad de lote; y capacitación con videos y evaluación. **Resultados.** La plataforma operó en 20 servicios, registrando 4.540 observaciones por 27 observadores en seis meses. Generó tableros en tiempo real para la intervención oportuna de líderes, desplegó la medición objetiva de consumo por código de barras y envió 216 reportes automáticos con análisis por inteligencia artificial, eliminando el procesamiento manual. La adherencia, que en 2025 con la herramienta previa (Google Forms) era 84% (10.486/12.419 oportunidades), se elevó y sostuvo sobre la meta OMS (rango mensual 91,3%–94,2%). **Conclusiones.** La digitalización inteligente transformó la vigilancia de higiene de manos en un sistema autónomo que analiza, retroalimenta e interviene en tiempo real, elevando la adherencia sobre la meta OMS. Un modelo factible y replicable para cualquier comité de infecciones.

O-007

Impacto clínico y económico de un brote por *Klebsiella pneumoniae*, resistente a carbapenémicos por carbapenemas tipo KPC, en un hospital universitario de alta complejidad de la ciudad de Cali

Álvarez-Payares J, Álvarez-Payares C, Betancur-Romero J, Muñoz-Lombo J, Reyes-Caicedo K.
Universidad del Valle; Institución Universitaria Antonio José Camacho (UNIAJC); Universidad de Antioquia; Hospital Universitario del Valle.
Cali
alvarezpjorge@gmail.com

Introducción. Los brotes por *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos con carbapenemas tipo KPC (en inglés, *Klebsiella pneumoniae* carbapenemase) representan una amenaza significativa para la salud pública, especialmente en ambientes hospitalarios. Estos brotes no solo afectan los pacientes, sino que imponen una carga económica considerable sobre el sistema de salud. **Objetivos.** Evaluar el impacto clínico y económico de un brote de *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos por KPC ocurrido en las Unidades de Cuidados Intensivos (UCIs) de un Hospital Universitario de la ciudad de Cali. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de cohorte retrospectivo y se analizó clínicamente a la población expuesta durante el brote entre enero y febrero del 2018, clasificándola en subgrupos clínicos, infectados, colonizados y sin aislamiento de *Klebsiella pneumoniae* con KPC. Utilizando los registros reales de facturación (RIPS) y consumo de insumos, se contrastó la producción financiera de un escenario de funcionamiento ideal (100% de ocupación y giro de cama eficiente) frente al escenario real de disrupción y aislamiento forzado. **Resultados.** Se analizaron 25 pacientes (8 infectados, 6 colonizados y 11 sin aislamiento de KPC) en 3 UCIs con capacidad total para 38 pacientes. En la cohorte infectada se identificó una letalidad global del 62,5% y estancia hospitalaria entre 102 y 121 días). La facturación total en RIPS fue de \$1.325.318.271, los costos directos de contención devoraron el margen operativo sumando \$945.997.723, impulsados por un gasto elevado en dispositivos médicos (\$681.565.821) y antimicrobianos especializados (\$233.561.702). **Conclusiones.** El brote por *Klebsiella pneumoniae* KPC aumentó significativamente la mortalidad en estas unidades, prolongó la estancia hospitalaria y elevó los costos, destacando la necesidad de medidas de control más efectivas para mitigar su impacto y exponiendo la importancia de invertir en la prevención de estos brotes y la evaluación económica en tiempo real u oportuna de los costos que conllevan.

O-008

Emergencia del MRSA ST72-SCCmecV en infecciones de un hospital de Pereira, con primera detección del fenotipo hVISA en Colombia

Carvajal L, Ordoñez K, Matiz J, Orejuela C, Ibarra L, Castellar C, Arias C, Rincón S, Reyes J.
Unidad de Genética y Resistencia Antimicrobiana, Universidad El Bosque; Hospital San Jorge de Pereira; Division of Infectious Diseases, Houston Methodist Hospital; Facultad de Medicina, Instituto de Genética Humana; Grupo de Enfermedades Infecciosas, Departamento de Microbiología, Pontificia Universidad Javeriana.
Bogotá
carvajallinap@unbosque.edu.co

Introducción. MRSA USA300-LV (ST8-SCCmecIVc/E) es el clon establecido y más prevalente en Colombia. Datos contemporáneos sobre epidemiología de MRSA circulantes en el país son escasos. Aplicación de genómica en vigilan-

cia epidemiológica es esencial para identificar variantes emergentes y orientar estrategias de control de infecciones. **Objetivos.** Caracterización molecular y genómica de MRSA de infecciones de invasivas en un hospital de alta complejidad en Pereira 2024-2025. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, observacional de 42 MRSA de infecciones invasivas de 38 pacientes de un hospital en Pereira 2024-2025. Se evaluó susceptibilidad antimicrobiana, incluyendo fenotipos inusuales de resistencia a VAN (hVISA), identificación de género-especie, genes de resistencia y SCCmec (tipos/subtipos) por PCR. En cepas representativas se realizó secuenciación de genoma completo (Illumina) para caracterizar ST, resistoma y viruloma. **Resultados.** 42 MRSA presentaron *mecA* y *OXA*>8 µg/mL/R. SCCmec-IVc/E fue el predominante (69%;n=29). Interesantemente, identificamos SCCmecV en (17%;n=7), no reportado previamente en Colombia. En los 29 MRSA-SCCmecIVc/E (76%;n=22) presentaron *lukS/lukF-PVL* y *merA* (83%; n=24), y resistencia únicamente a OXA, perfil consistente con USA300-LV. Los 7 MRSA-SCCmecV presentaron resistencia a FUS y TET. Uno de estos aislamientos fue resistente a DAP (CIM:4/R) y exhibió fenotipo hVISA con VAN (CIM:1/S) y (PAP-AUC=0,91). Análisis genómicos revelaron además del ST8 (USA300-LV-SCCmecIVc/E) en (67%;n=10), un nuevo clon MRSA-ST72-SCCmecV no reportado antes en Colombia en (33%;n=5). MRSA-ST72-portaban una variante truncada SCCmecVT con elemento de resistencia (*fusC/tetK*). Además presentaron enriquecimiento de enterotoxinas vSaβ, En contraste con factores de adhesión (*ebh*, *clfA*, *clfB*) detectados en ST8-USA300-LV. **Conclusiones.** Identificamos por primera vez en Colombia la emergencia del clon MRSA-ST72/SCCmecVT, constituyendo además el primer aislamiento con fenotipo hVISA y el segundo caso descrito de resistencia a daptomicina.

Medicina tropical y parasitología

O-009

Predictores tempranos de mortalidad intrahospitalaria en pacientes críticamente enfermos con Fiebre Amarilla durante el brote colombiano 2024-2025

Melo-Pedraza J, Melo-Pedraza J, Dias-Aldana A, Ramírez-Reyes D, Morales-Olivera J, Forero-Delgadillo A, Narváez-Ramírez P, Aguirre-Gutiérrez V, Sanabria-Herrera N, Bustos I, Martínez-Lemus L, Serrano-Mayorga C, Sánchez-Rubio J, Robayo-Amórtégui H, Duque S, García-Gallo E, Reyes L.
Universidad del Tolima; Hospital Federico Lleras Acosta; Universidad de La Sabana; Clínica Universidad de La Sabana; Fundación Clínica Shaio; Universidad de Oxford.
Ibagué
jmelop@ut.edu.co

Introducción. La fiebre amarilla grave mantiene alta letalidad en pacientes ingresados a unidad de cuidado intensivo, y aún no existen herramientas pronósticas validadas para estratificar tempranamente el riesgo durante brotes. **Objetivos.** Identificar factores clínicos y de laboratorio obtenidos en las primeras 24 horas de ingreso a UCI asociados independientemente con mortalidad intrahospitalaria en pacientes críticamente enfermos con fiebre amarilla. **Materiales y métodos.** Estudio observacional prospectivo de cohorte realizado en el Hospital Federico Lleras Acosta, Ibagué, Colombia, centro nacional de referencia para atención en UCI durante el brote colombiano 2024-2025. Se incluyeron adultos con fiebre amarilla confirmada por RT-PCR e ingreso a UCI entre octubre de 2024 y julio de 2025. El desenlace primario fue mortalidad intrahospitalaria. Se empleó un modelo de Cox penalizado por Firth con predictores preespecificados y se comparó, de forma exploratoria, la discriminación de MELD frente a qSOFA mediante AUC. **Resultados.** De 62 pacientes evaluados inicialmente, 56 fueron incluidos en el análisis final; 22 fallecieron durante la hospitalización, para una mortalidad intrahospitalaria de 39%. Los no sobrevivientes presentaron mayor compromiso hepático y renal al ingreso, con INR, AST, bilirrubina, creatinina y MELD significativamente más elevados. La lesión renal aguda estuvo presente en 82% de los no sobrevivientes frente a 12% de los sobrevivientes. En el modelo multivariable, el INR al ingreso se asoció independientemente con mortalidad intrahospitalaria (HR penalizado 5,16; IC95% 2,24–12,80; p<0,001), al igual que la lesión renal aguda (HR 4,44; IC95% 1,19–20,38; p=0,026). MELD mostró mayor discriminación que qSOFA para mortalidad intrahospitalaria (AUC 0,912 vs. 0,660; p=0,0012). **Conclusiones.** El INR elevado y la lesión renal aguda al ingreso a UCI identificaron tempranamente a los pacientes con mayor riesgo de muerte por fiebre amarilla grave; MELD podría fortalecer la estratificación pronóstica durante brotes, pendiente de validación externa.

O-010

Central nervous system involvement in wild-type yellow fever: a systematic review of neurological manifestations, neuroinvasion, and clinical outcomes

Rodríguez-Morales A, Bonilla-Aldana J, Bonilla-Aldana D, Rodríguez-Morales A.
Institución Universitaria Visión de las Américas; Virology Group; Universidad El Bosque; College of Medicine; Korea University; Policlínico Neurología, Chile; Centro de Referencia de Salud Dr. Salvador Allende Gossens, Chile.
Pereira
ajrodriguezmmmd@gmail.com

Introduction. Yellow fever (YF) is a re-emerging arboviral disease associated with substantial morbidity and mortality in Africa and South America. Although hepatic, renal, and hemorrhagic manifestations are well recognized, neurological involvement in wild-type YF remains incompletely characterized. Increasing reports of encephalitis, meningoencephalitis, seizures, and central nervous system (CNS) infection suggest that neuroinvasive disease may be underrecognized. **Objectives.** To systematically review neurological manifestations, evidence of neuroinvasion, and clinical outcomes associated with wild-type yellow fever virus infection. **Materials and methods.** A systematic review was conducted according to PRISMA 2020 recommendations. Searches were performed in PubMed/MEDLINE, Embase, Web of Science, Scopus, LILACS, and SciELO. Eligible studies included human cases of laboratory-confirmed wild-type YF reporting neurological symptoms, neurological syndromes, cerebrospinal fluid (CSF) findings, neuroimaging abnormalities, neuropathology, or neurological outcomes. Vaccine-associated neurological disease was excluded. **Results.** 15 publications from South America and Africa were identified, including case reports, case series, observational studies, outbreak investigations, and neuropathological analyses. Neurological manifestations ranged from headache, confusion, altered consciousness, and seizures to encephalitis, meningitis, meningoencephalitis, focal neurological deficits, and coma. CNS involvement was documented through CSF abnormalities, including pleocytosis and elevated protein concentrations. In a Brazilian outbreak investigation, 13 fatal YF cases underwent postmortem CSF analysis, with anti-YFV IgM detected in 8 cases and YFV RNA identified in CSF. Additional studies demonstrated YFV detection in CNS tissues. Neuroimaging findings included cerebral edema and intracranial hemorrhage, while neuropathological studies described inflammatory infiltrates, vascular injury, neuronal damage, edema, and hemorrhagic changes. Neurological involvement was predominantly associated with severe disease and fatal outcomes. **Conclusions.** Wild-type YF may cause a broad spectrum of neurological manifestations, including confirmed neuroinvasive disease. Clinical, laboratory, neuroimaging, and neuropathological evidence supports CNS involvement in a subset of patients. Greater recognition and standardized reporting are needed to improve diagnosis, surveillance, and understanding of severe YF.

O-011

Dengue in pediatric oncology patients in Guatemala: a retrospective series of 18 cases

Chang-Cojulan A, Cordova-Recinos A, Melgar-Toledo M, Rodríguez-Morales A.
Unidad Nacional de Oncología Pediátrica (UNOP), Guatemala; Institución Universitaria Visión de las Américas.
Pereira
ajrodriguezmmmd@gmail.com

Introduction. Evidence on dengue among children and adolescents with neoplastic disease is limited. Clinical and laboratory manifestations may overlap with cancer- or treatment-related complications. **Objectives.** To describe dengue cases in pediatric oncology patients in Guatemala. **Materials and methods.** We conducted a retrospective review of children and adolescents with neoplastic disease and laboratory-confirmed dengue infection (NS1 antigen and/or dengue IgM) treated at a referral center in Guatemala between 2019 and 2024. Categorical variables are presented as counts and percentages, and continuous variables are presented as medians and interquartile ranges (IQR). **Results.** 9 (50%) were female, median age 7.7 years (IQR 6.7–11.0). Acute lymphoblastic leukemia was the most frequent diagnosis (59%). Dengue-NS1 antigen was positive in 72% of patients, dengue IgM in 44%, and dengue IgG in 33%. Fever was present in 67% of patients, rash in 35%, abdominal pain in

28%. Evidence of plasma leakage included pleural effusion in 33% of patients, ascites in 17%, and edema in 22%. Median platelet nadir was $42 \times 10^9/L$ (IQR 20–66), hemoglobin 9.0 g/dL (IQR 7.7–12.1), leukocyte $1.1 \times 10^9/L$ (IQR 0.6–2.3), and C-reactive protein 64.3 mg/L (IQR 30.2–139.4). Six patients (33%) required transfusions and had significantly lower platelet and hemoglobin nadirs and higher CRP levels than non-transfused patients ($p=0.0058$, $p=0.013$, and $p=0.042$, respectively). Seventeen patients (94%) were alive at 3 months, and one death (6%) was recorded. **Conclusions.** Dengue in pediatric oncology patients in Guatemala was frequently associated with marked cytopenias and signs of plasma leakage, with one-third of patients requiring transfusion support. Deeper thrombocytopenia, anemia, and a higher inflammatory response were associated with a greater need for transfusion, underscoring the need for close monitoring and early supportive care in this vulnerable population.

O-012

Recurrencias oculares en pacientes pediátricos colombianos con toxoplasmosis congénita: un estudio longitudinal

León-Parra N, García-Madero J, Mesa-Londoño G, López J, Duarte-Arias J, De La Torre A, Gómez-Marín J.
Universidad del Quindío; Universidad del Rosario.
Armenia
nicolas.leonp@uqvirtual.edu.co

Introducción. Los estudios de seguimiento a largo plazo en niños con toxoplasmosis congénita se han realizado principalmente en cohortes europeas, reportando un índice de recurrencia de 0,17 (equivalente a una recaída en 50 años). Un metaanálisis reciente no encontró datos de seguimiento a largo plazo en Sudamérica. **Objetivos.** Aislar los predictores clínicos independientes de recurrencia retinocoroidea a largo plazo, estimar un índice de recurrencia ajustado y estratificar perfiles de riesgo en niños colombianos con toxoplasmosis congénita. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio longitudinal retrospectivo en dos centros de referencia en Bogotá y Quindío. Se incluyeron 55 pacientes con diagnóstico confirmado de Toxoplasmosis congénita y un periodo de seguimiento mayor a 2 años. Se calculó un índice de recurrencia ajustado mediante un modelo de regresión binomial negativa; se aplicaron pruebas de Mann-Whitney U, Chi-cuadrado y un análisis de componentes principales (PCA), definiendo significancia estadística como $p < 0.05$. **Resultados.** El índice de recurrencia de la cohorte fue de 0,82, una carga 4,8 veces mayor que el referente europeo (0,17). El tratamiento prenatal se asoció con una reducción del 69,8% en el promedio de lesiones retinianas al nacer (1,21 vs. 4,00 lesiones; $p < 0,0001$). En el modelo multivariado, el número total de lesiones fue el único predictor clínico independiente de recurrencia a largo plazo (IRR = 1,219; IC95%: 1,047–1,419; $p = 0,011$). El PCA ratificó la clara separación espacial de los pacientes según la severidad clínica y el control terapéutico. **Conclusiones.** El número total de lesiones retinianas en el momento del nacimiento es el único predictor clínico independiente de recurrencia a largo plazo en la población pediátrica colombiana evaluada, demostrando que el impacto protector del tratamiento prenatal actúa de manera indirecta al reducir significativamente la carga lesional inicial al nacer.

O-013

Venezuelan hemorrhagic fever in Venezuela during 2025–2026: persistence of an endemic Arenaviral threat

Rodríguez-Morales A, Bonilla-Aldana D, Bonilla-Aldana J, Lucano-Tello S, Cardona-Ospina J.
Institución Universitaria Visión de las Américas; College of Medicine; Korea University; Virology Group; Universidad El Bosque; Universidad Libre; School of Public Health, University of California, USA; Asociación Científica de Estudiantes de Medicina de la Universidad Libre (ACEMLI).
Pereira
ajrodriguezmmmd@gmail.com

Introduction. Venezuelan hemorrhagic fever (VHF), caused by Guanarito virus (Mammarenavirus guanaritoense), is a rodent-borne arenaviral disease endemic to the western plains of Venezuela. Despite its relatively low incidence, VHF is associated with high case-fatality rates and recurrent outbreaks in rural areas, particularly in Barinas and Portuguesa states. **Objectives.** To assess the epidemiological situation of Venezuelan hemorrhagic fever in Venezuela during 2025 and the first 16 epidemiological weeks (EW1–EW16) of 2026. **Materials and methods.** An ecological analysis was conducted using official surveillance data from the Venezuelan Ministry of Health and the National Institu-

te of Hygiene. Confirmed cases, mortality, case-fatality rates, and geographic distribution were evaluated. **Results.** During 2025, 791 patients with suspected VHF were investigated, of whom 32 were laboratory-confirmed, resulting in 16 deaths and a case-fatality rate (CFR) of 50.0%. Confirmed cases occurred mainly in Portuguesa (16 cases) and Barinas (14 cases), with two additional cases in Apure. During EW1–EW16 of 2026, 251 suspected cases were evaluated and six confirmed cases were identified, including four in Barinas and two in Portuguesa. Four of these six patients died, yielding a CFR of 66.7%. Overall, from 2025 through EW16–2026, 1,042 suspected cases were investigated, with 38 confirmed cases and 20 deaths, corresponding to an overall CFR of 52.6%. Most suspected cases evaluated during 2026 originated from Barinas (74.1%) and Portuguesa (20.7%), confirming the persistence of transmission in these endemic foci. **Conclusions.** Venezuelan hemorrhagic fever remains an important public health concern in western Venezuela. The high mortality observed in early 2026 highlights the need for strengthened surveillance, rapid diagnosis, timely clinical management, and prevention measures to reduce human exposure to infected rodent reservoirs in endemic agricultural communities.

O-014

Diagnóstico etiológico del absceso hepático amebiano usando el panel BioFire® FilmArray® gastrointestinal: datos preliminares en el hospital militar central

Faccini-Martínez Á, Badel-Ramos L, Vergara-Samur H.
Hospital Militar Central.
Bogotá
afaccini@gmail.com

Introducción. En Colombia, *Entamoeba histolytica* es causa importante de absceso hepático, sin embargo, su confirmación etiológica es infrecuente ante la ausencia de métodos diagnósticos directos de rutina. Por lo anterior, el diagnóstico suele ser clínico asociado a tratamiento de amplio espectro (antiparasitario y antibacteriano). Estudios recientes han demostrado el beneficio del panel BIOFIRE® FILMARRAY® Gastrointestinal en el diagnóstico (off-label) de absceso hepático amebiano. El presente estudio pretende aportar evidencia en esta línea diagnóstica. **Objetivos.** Describir, de forma preliminar, el uso (off-label) del panel BIOFIRE® FILMARRAY® Gastrointestinal como herramienta de diagnóstico molecular para la confirmación etiológica del absceso hepático amebiano en el Hospital Militar Central, durante el periodo entre octubre de 2025 a mayo de 2026. **Materiales y métodos.** Muestras de material drenado a partir de abscesos hepáticos de pacientes con diagnóstico presuntivo de etiología amebiana (cuadro febril subagudo, lesiones tomográficas sugestivas de absceso hepático y tinción de Gram del material sin hallazgos de microorganismos) fueron procesadas mediante el panel BIOFIRE® FILMARRAY® Gastrointestinal. La detección de *Entamoeba histolytica*, en el panel, fue interpretada como resultado confirmatorio de etiología amebiana. **Resultados.** Durante el periodo descrito, tres pacientes cumplieron los criterios de diagnóstico presuntivo para absceso hepático amebiano. En las tres muestras, correspondientes a cada uno de estos pacientes, el panel indicó, únicamente, "Detected *Entamoeba histolytica*" sin otro microorganismo detectado. Por otro lado, en uno de los pacientes, el panel también fue positivo a partir de la muestra de materia fecal. **Conclusiones.** Aunque limitados por el tamaño muestral (n=3), nuestros datos preliminares respaldan el concepto del uso del panel BIOFIRE® FILMARRAY® Gastrointestinal en el diagnóstico etiológico del absceso hepático amebiano. Se requieren estudios prospectivos con mayor muestra para validar este protocolo, sin embargo, el uso de este panel podría optimizar el tratamiento antimicrobiano (monoterapia con antiparasitario) y disminuir la estancia hospitalaria en pacientes con diagnóstico de absceso hepático amebiano.

O-015

Aislamiento y caracterización molecular de *Leptospira* spp. en roedores sinantrópicos del departamento del Atlántico, Colombia

Lagares-Guzmán A, Rodríguez V, Mattar S.
Universidad del Atlántico; Universidad de Córdoba.
Barranquilla
alfredolagares@mail.uniatlantico.edu.co

Introducción. La leptospirosis es una zoonosis bacteriana transmitida principalmente por roedores sinantrópicos, que actúan como reservorios renales crónicos. En el departamento del Atlántico (Caribe colombiano), la en-

fermedad es endémica, es uno de los departamentos donde más se presentan casos a nivel nacional. Se desconoce la circulación de especies patógenas en roedores domésticos. **Objetivos.** Identificar la presencia de *Leptospira* spp. patógenas en roedores capturados en viviendas de municipios con alta incidencia humana, mediante cultivo, qPCR y secuenciación del gen 16S rRNA. **Materiales y métodos.** Se capturaron 151 roedores sinantrópicos en 10 municipios del Atlántico priorizados por mapas de riesgo. Se extrajo tejido renal, se sembró en medio EMJH semisólido y se incubó hasta 6 meses. Los cultivos presuntivos (anillos) se confirmaron por microscopía de campo oscuro y qPCR (kit TaqMan). Los aislados positivos se secuenciaron para el gen 16S rRNA y se realizó análisis filogenético. **Resultados.** Del total, 136 (90%) fueron *Mus musculus*, 13 (8,6%) *Rattus rattus* y 2 (1,3%) *Rattus norvegicus*. Por qPCR renal, 27 roedores (17,8%) resultaron positivos: 11/13 *R. rattus* (84,6%), 15/136 *M. musculus* (11%) y 1/2 *R. norvegicus*. Se obtuvieron 13 aislamientos en cultivo (22 a 35 días). La secuenciación identificó *Leptospira borgpetersenii* en dos *R. rattus* de Soledad y cuatro *M. musculus* de Sabanalarga, y *Leptospira kirschneri* en un *R. rattus* de Sabanalarga. Además, 3/36 muestras de agua residual fueron qPCR positivas y una creció en cultivo. **Conclusiones.** *Mus musculus*, ampliamente ignorado como reservorio, presenta infección activa por *L. borgpetersenii*. *Rattus rattus* mostró alta prevalencia de ambas especies patógenas. La combinación de cultivo, qPCR y secuenciación 16S es fundamental para la vigilancia molecular. Se recomienda incluir *M. musculus* en los programas de control de roedores bajo el enfoque Una Sola Salud.

O-016

Vigilancia centinela multietiológica de la fiebre aguda en Villavicencio: cocirculación de patógenos respiratorios, arbovirus, malaria y zoonosis bacterianas

Montilla-Escudero E, Carreño M, Guerra A, Segura M, Triana A, Molina Y, Espinosa D, Nocua P, Cuello M, Ríos W, Vargas N, Méndez T.
Instituto Nacional de Salud.
Bogotá
emontilla@gmail.com

Introducción. La enfermedad febril aguda (EFA) representa un desafío diagnóstico persistente en regiones tropicales, donde la circulación simultánea de múltiples patógenos con presentación clínica similar dificulta la identificación etiológica oportuna. **Objetivos.** Caracterizar la diversidad etiológica de la EFA en pacientes del Hospital Departamental de Villavicencio entre agosto de 2024 y marzo de 2025. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo-analítico transversal en pacientes ≥ 5 años con fiebre $\geq 38^{\circ}\text{C}$ de ≤ 7 días de evolución. Los virus respiratorios se evaluaron con BioFire® RP2.1 y RT-qPCR multiplex (CDC); DENV se tamizó con Bioline™ Dengue Duo (NS1-Ag + IgG/IgM) y se confirmó y serotipificó por RT-qPCR junto a otros arbovirus (MAYV, OROV, CHIKV, ZIKV, YFV) en el LNR-INS. Malaria se confirmó por PCR anidada (18S rRNA) con diferenciación de especie y evaluación de delecciones pfrp2/hrp3; Chagas por ELISA secuencial (Chagatest-Wiener); *Leptospira* spp. por IgM-ELISA/MAT/PCR (LipL32); *Brucella* spp. por Rosa de Bengala, y rickettsiosis por IFI (IgG $\geq 1:64$). Los datos se capturaron en Epicollect5 y se analizaron en R. **Resultados.** De 1.842 participantes, 310 con síntomas respiratorios mostraron positividad del 45,2%: Rhinovirus/Enterovirus (45%), Influenza B linaje Victoria (19,3%) e Influenza A H1N1/H3N2 (15%). DENV fue el agente no respiratorio más frecuente (10,5%), con cocirculación de DENV-2 genotipo Cosmopolitan y DENV-3 linajes 3III_C.1/3III_B.3.2, y se detectó un caso de virus Mayaro. Malaria representó el 2% (*P. vivax* 73,3%) y se identificaron diez casos de Chagas (dolor lumbar OR 6,59; IC 2,06–21,05). La seropositividad para *Leptospira* fue 13,6%, con ictericia como predictor en casos MAT-confirmados (OR 4,87; IC 1,50–15,8); rickettsiosis alcanzó 6,7% (grupo fiebre manchada), asociada a sangrado severo (OR 3,08; IC 1,08–8,76). Artralgia, exantema y dolor retro-orbital se asociaron a dengue; artralgia, dolor óseo y cefalea a malaria. **Conclusiones.** La cocirculación de múltiples patógenos, la detección de virus Mayaro y la necesidad de ensayos complementarios evidencian que la vigilancia centrada en dengue es insuficiente.

Resistencia bacteriana

O-017

Mercury resistance genes contribute to Adaptive advantage in USA300-LV Latin American variant MRSA exposed to Subinhibitory concentrations of mercury

Reyes J, Rincón S, Castellar C, Orejuela C, Ibarra L, Matiz-González J, Arias C, Carvajal L.

Pontificia Universidad Javeriana; Universidad El Bosque; Houston Methodist Research Institute.

Bogotá

jinnethereyes@yahoo.com

Introduction. USA300-LV is the predominant MRSA in northern South America, especially in Colombia and now dominating several infections. This clone carries the COMER genetic element adjacent to SCCmec, including mercury and copper resistance genes. Given increasing mercury pollution in Colombia, contribution of these genes to USA300-LV persistence warrants investigation. **Objectives.** To evaluate whether mercury resistance genes confer an adaptive advantage to USA300-LV MRSA clone. **Materials and methods.** Two bloodstream USA300-LV MRSA isolates from Colombian hospitals were analyzed: UC151 (*merA*+) and UC311 (*merA*-). Presence of *merA* was confirmed by PCR, and mercury tolerance was assessed in TSB with HgCl₂. Growth kinetics with and without sub-MIC HgCl₂ were evaluated at 33°C for 24h. Controls included: CA-MRSA-12 (one of the first USA300-LV identified, *merA*+) and *S. aureus* ATCC29213 (*merA*-). WGS (Illumina) was performed to characterize the mer operon and SNPs. Competitive assays were conducted for 10 days at sub-MIC HgCl₂ (0.32 µM), and proportions of *S. aureus* and *merA*+ populations were quantified daily by q-PCR. **Results.** UC311 (HgCl₂ MIC=32µM) lacked the mer operon despite retaining the remaining COMER components, whereas UC151 (HgCl₂ MIC=256µM) carried a complete COMER element with intact mer operon. Both isolates belonged to ST8, carried SCCmecIV-c/E, and lacked additional antibiotic resistance genes. Genomic analysis showed close relatedness among CA-MRSA-12, UC151, and UC311, with no SNPs detected in the mer operon region between UC151 and CA-MRSA-12. UC151 and UC311 displayed similar basal growth and were selected for competition assays. In the presence of HgCl₂, the *merA*+ population increased significantly reaching 72% at day 5 (p<0.01), and 94% at day 10 (p<0.001). Without HgCl₂, the *merA*+ population progressively declined to 30% by day 10 (p<0.05). **Conclusions.** Mercury resistance genes in USA300-LV confer an adaptive advantage under subinhibitory HgCl₂ exposure, potentially contributing to the establishment and persistence of this MRSA clone in mercury-polluted settings such as Colombia.

O-018

Evaluación de una prueba inmunocromatográfica de flujo lateral para la detección y diferenciación rápida de carbapenemasas en *Acinetobacter* spp

Josa-Montero D, Rodríguez S, Pescador A, Martínez D, Trujillo P, López S, Silva E, Leal R, Mejorano J, Torres I, Benavides R, Montaño D. Clínica Shaio.

Bogotá

diego.josa@shaio.org

Introducción. La propagación de aislamientos de *Acinetobacter* spp. productores de carbapenemasas, principalmente metalobetalactamasas y carbapenemasas clase D, representa un desafío crítico en el ambiente hospitalario, imponiendo un gran reto diagnóstico y terapéutico. **Objetivos.** Evaluar el rendimiento diagnóstico y concordancia de la prueba de flujo lateral LFA Acinetos5® (NG Biotech, Francia) frente al método molecular de PCR e hibridación en la detección de carbapenemasas en aislamientos clínicos de *Acinetobacter* spp. **Materiales y métodos.** Estudio de concordancia diagnóstica, retrospectivo, realizado en la Fundación Clínica Shaio. Se analizaron 35 aislamientos de *Acinetobacter* spp. (28 *A. baumannii* complex, 4 *A. nosocomialis*, 1 *A. ursinguii*, 1 *A. bereziniae* y 1 *A. soli*) identificados por MALDI TOF MS. Fueron procesados simultáneamente mediante LFA Acinetos5® (detecta OXA-23, OXA-58, OXA-24/143, VIM y NDM), y la prueba molecular MDR DNA Flow Chip HybriSpot® (Vitro Master Diagnostica, España). **Resultados.** Se identificaron 27 aislamientos positivos y 8 negativos. Las enzimas más frecuentes fueron: NDM (n = 18), OXA-58 (n = 15), OXA-23 (n = 10) y OXA-24/143 (n=2). El 55,6% (n=15) de los positivos presentaron coproducción, siendo el perfil doble NDM + OXA-58 el más prevalente (40,7%), seguido por la triple producción NDM + OXA-23 + OXA-58 (11,1%) y un caso de NDM + OXA-23. El LFA Acinetos5 detectó correc-

tamente todas las coproducciones y mostró un desempeño diagnóstico óptimo frente a la PCR (VP=27, VN=8, FP=0, FN=0), con sensibilidad, especificidad, VPP y VPN del 100% (IC95% Sensibilidad: 87,2–100%; Especificidad: 63,0–100%) y Kappa de Cohen κ=1.000. **Conclusiones.** El LFA Acinetos5 demostró una excelente concordancia frente al método molecular. Esto lo convierte en una alternativa diagnóstica rápida y confiable para la detección simultánea de carbapenemasas de alto impacto en *Acinetobacter* spp., fundamental para la toma de decisiones clínicas y la optimización de antimicrobianos.

O-019

Coexistencia del operón de resistencia a mercurio y blaKPC-3 en plásmidos conjugativos de *Klebsiella pneumoniae* de pacientes de UCI en hospitales colombianos

Castellar-Mendoza C, Matiz-González J, Tabares-Gerena A, De La Cadena E, García-Betancur J, Villegas M, Rincón S, Carvajal L, Reyes J. Unidad de Genética y Resistencia Antimicrobiana, Universidad El Bosque; Maestría en Ciencias Básicas Biomédicas, Universidad El Bosque; Pontificia Universidad Javeriana.

Bogotá

ccastellarm@unbosque.edu.co

Introducción. *Klebsiella pneumoniae* (Kpn) es un patógeno oportunista en infecciones asociadas a atención en salud. Se ha documentado presencia inusual de genes que codifican resistencia al mercurio (operón mer) en plásmidos que portan carbapenemasas en cepas clínicas de India e Inglaterra. La contaminación por mercurio en Colombia podría favorecer selección de elementos genéticos móviles portadores de carbapenemasas y genes de resistencia al mercurio. **Objetivos.** Analizar el contexto genómico y movilidad de plásmidos portadores del operón mer y carbapenemasas en Kpn de hospitales colombianos. **Materiales y métodos.** Estudio experimental in-vitro. A partir de 200 cepas analizadas, se seleccionaron cuatro Kpn de pacientes de UCI recuperados entre 2019 y 2021 portando *merA* y *blaKPC-3*+: 2 Kpn colonizadores (nasal y rectal), y 2 Kpn infecciosas recuperadas de líquido peritoneal y secreción orotraqueal. Se evaluó la funcionalidad de *merA* y *blaKPC-3* determinando la CIM (HgCl₂, Imipenem, Meropenem, respectivamente). Se realizó secuenciación con Illumina (MiSeq) y Minlon (Oxford-Nanopore). El ensamblaje híbrido se realizó con Unicycler. Los elementos genéticos móviles fueron anotados mediante PROKKA y BLASTx. Experimentos de conjugación se realizaron utilizando *E. coli* J53 como receptora. **Resultados.** Los genes *merA* y *blaKPC-3* fueron funcionales en Kpn infecciosos y colonizadores (MIC HgCl₂ >256 µM; IMI/MER >4ug/mL). Cabe destacar que *blaKPC-3* y el operón mer se encontraron en la misma ubicación plasmídica en las cuatro Kpn. Los aislamientos infecciosos compartían un plásmido IncFII (110 kb) con el operón merRTPCADE completo. Mientras que los colonizadores portaban plásmidos diferentes (C1: IncFIB/IncFIA, 109 kb; C2: IncFIB/IncFIA/IncFII, 186 kb) con un operón simplificado (*merACDE*). La frecuencia de conjugación fue de 1 transconjugante por cada 5000 donadores. **Conclusiones.** Estos hallazgos tienen importantes implicaciones en nuestro país debido a la contaminación ambiental por mercurio, la cual puede ejercer presión de selección sobre bacterias tolerantes, favoreciendo cotransferencia de genes de resistencia a carbapenemasas y metales pesados. PCI 0002-2023, Universidad El Bosque.

O-020

Emerging patterns of the Cefazolin inoculum effect (CzIE) in *Staphylococcus aureus*: implications for therapy in the USA and Latin America

Rincón S, Reyes J, Dziadula J, Panesso-Botero D, Singh K, Carvajal L, Ghosh A, Schettino-Intriago M, Flores E, Lechtig-Wasserman S, Long S, Cernoch P, Ordoñez K, Vélez J, Moreno N, Parra J, Spencer M, Peters A, Baptista R, Howden B, Tong S, Munita J, Miller W, Tran T, Arias C. Pontificia Universidad Javeriana; Houston Methodist Research Institute; Universidad El Bosque; Houston Methodist Hospital; Fundación Valle del Lili; Hospital San Jorge de Pereira; Universidad del Desarrollo; University of Melbourne.

Bogotá

rincon_sandral@javeriana.edu.co

Introduction. CzIE has been linked to unfavorable clinical outcomes in patients with serious MSSA infections and reduced effectiveness of cefazolin. CzIE detection remains challenging in routine diagnostic workflows and frequently being underrecognized in clinical practice. CzIE prevalence rates among bloodstream MSSA ranged 0-28% in USA and 40% Latin America. **Objectives.** To in-

investigate current patterns of CziE epidemiology in contemporary bloodstream MSSA from USA and Latin America. **Materials and methods.** Patients with MSSA bacteremia were prospectively enrolled from 6 sites across 3 countries USA n=207; Chile n=65; Colombia n=152; in 2023-2025. PCR confirmed the isolates. CziE was determined by i) gold standard (MIC by microdilution at standard and high-inoculum) using two criteria to define CziE and ii) rapid nitrocefin test to estimate diagnostic test performance. WGS (Illumina) identified BlaZ types, allotypes, and lineages. **Results.** 424 patients contributed 469 MSSA. Overall prevalence of CziE was 32% (criteria 16µg/mL cutoff). 133 patients (31%) had MSSA with CziE. The USA showed the major frequency of CziE (42%,91/218) and Chile showed the lowest (14%,11/78). Among 319 MSSA genomes (68%, 20% and 12% from USA, Colombia and Chile) (37%,117/319) exhibited CziE. Of these, type C BlaZ was predominant (57%,67/117) and BlaZ-1 was dominant allotype (35%,41/117). While in 202 MSSA lacking CziE (92%,185/202) carried blaZ. Of these, type B BlaZ was the most common (54%,100/185) with BlaZ-7 being principal allotype (28%,51/185). ST30 and ST8 were predominant lineages among MSSA exhibiting CziE (20% and 18%, respectively), and ST398 was dominant in MSSA lacking CziE (21%). Rapid test diagnostic performance with 16µg/mL cutoff criteria showed 98% sensitivity, 86% specificity, and 90% accuracy. In contrast, using ≥4fold criteria, CziE prevalence nearly double (63%) and showed 93% specificity, 60% sensitivity, and 72% accuracy. **Conclusions.** We noted a change in CziE epidemiology with marked rise in the prevalence in USA and a decline in Latinamerican countries. NIH grant R01AI173138-01A1.

O-021

Determinación de la sensibilidad antimicrobiana y caracterización genómica de variantes blaCTX-M en Enterobacteriales aislados de aguas residuales y ríos de Bogotá y Cundinamarca

Reyes-Perdomo C, García-Garay D, Abril-Riaño D, Vanegas-Duarte E, Moreno-Salas M, Baldión-Elorza A, Escobar-Pérez J, Leal-Castro A. Departamento de Patología y Laboratorios, Fundación Santa Fe de Bogotá; Laboratorio de Genética Bacteriana Molecular, Universidad El Bosque; Facultad de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad de los Andes; Salud Poblacional; Departamento de Medicina Interna, Fundación Santa Fe de Bogotá.
Bogotá
carolina.reyes@fsfb.org.co

Introducción. El uso indiscriminado de antibióticos y la contaminación proyectan 10 millones de muertes para 2050. Como solución, el enfoque One Health propone vigilar las aguas residuales mediante secuenciación genómica y análisis tradicional para rastrear genes de resistencia clínica (como blaCTX-M) en zonas de alto impacto humano, las cuales actúan como focos evolutivos entre bacterias ambientales y patógenos. **Objetivos.** Identificar y comparar los perfiles de resistencia fenotípica en Enterobacteriales aislados de aguas residuales y con alto impacto humano en Bogotá, Chía, Facatativá y Soacha, caracterizando mediante secuenciación el gen blaCTX-M en los aislamientos productores de BLEE. **Materiales y métodos.** Estudio transversal (abril-diciembre 2024) en 47 puntos de Cundinamarca (aguas residuales, ríos y recreativas). Los Enterobacteriales se tamizaron en agar cromogénico, se identificaron por MALDI-TOF y su susceptibilidad se evaluó con Vitek® 2. Los aislamientos BLEE se analizaron mediante secuenciación de genoma completo (WGS, MinION) para identificar genes de resistencia y elementos móviles. **Resultados.** De los aislamientos recuperados, predominaron Enterobacteriales (51,56%) y otras Gram-negativas (40,14%), siendo *Aeromonas* el género más abundante (33,22%). En Enterobacteriales, destacó la resistencia a quinolonas (30,87%), BLEE (8,72%) y carbapenemasas (3,36%), con picos generales en ciprofloxacino (31,03%) y trimetoprima/sulfametoxazol (29,00%). La resistencia a carbapenémicos predominó en aguas hospitalarias y a quinolonas en agropecuarias. Mediante WGS se detectó el gen blaCTX-M (variantes 3, 12, 15, 30 y 55), identificando en *E. coli* los clones ST131, ST744 y ST58. La detección de ST744 y ST58, clones pandémicos multirresistentes de alto riesgo zoonótico, constituye el primer reporte en entornos ambientales en Colombia. **Conclusiones.** Las aguas residuales dispersan genes de resistencia, destacando el primer reporte ambiental en Colombia de los clones pandémicos ST744 y ST58. Esto evidencia la necesidad de fortalecer la vigilancia ambiental bajo el enfoque One Health para contener estos mecanismos y proteger la salud humana, animal y ambiental.

Minciencias - Convocatoria 918-Contrato 600 de 2022.

O-022

Bacteriophages with preferential activity against esbl-producing ExPEC phylogroup B2 *Escherichia coli*: biological characterization and cocktail development

Salazar-Ospina L, Tellez-Carrasquilla S, Jiménez-Quiceno N. Línea de Epidemiología Molecular y Resistencia Bacteriana (EPIMOL), Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICRO-BA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia.
Medellín
lorena.salzaro@udea.edu.co

Introduction. Extraintestinal pathogenic *Escherichia coli* (ExPEC), particularly extended-spectrum β-lactamase (ESBL)-producing strains belonging to phylogroup B2 and the globally disseminated ST131 lineage, represent a major public health challenge due to their high virulence potential and multidrug resistance. Bacteriophages have emerged as promising alternatives for controlling these pathogens; however, little is known about phages displaying preferential activity against clinically relevant ExPEC lineages. **Objectives.** Isolate and characterize bacteriophages active against ESBL-producing *E. coli*. **Materials and methods.** Wastewater samples collected from a wastewater treatment plant were used for bacteriophage isolation against ESBL-producing *E. coli*. Isolated phages were characterized through host range analysis, efficiency of plating (EOP), bacteriophage cocktail evaluation, bacterial killing assays, adsorption kinetics, one-step growth curves, pH and temperature stability assays, and transmission electron microscopy. **Results.** Seven lytic bacteriophages were isolated and purified. Although individual phages exhibited a narrow host range (1–10%), two phages showed preferential activity against ESBL-producing isolates belonging to phylogroup B2, including ST131-associated strains. High infection efficiency was observed among susceptible isolates, with most EOP values ≥0.5. The most active cocktail, composed of phages vB_Eco_FEC1, vB_Eco_FEC2, and vB_Eco_FEC4, increased activity against B2 isolates to 65%, outperforming individual phages. Both individual phages and the selected cocktail significantly inhibited bacterial growth at low multiplicities of infection (MOI 0.1 and 0.01), maintaining activity for up to 24 h. The selected phages exhibited rapid adsorption (5–10 min), short replication cycles (30–40 min), and remained stable across a broad range of environmental conditions (4–50°C and pH 4–12). Morphological analysis classified all phages within the class Caudoviricetes. **Conclusions.** This study identified bacteriophages with preferential activity against ESBL-producing ExPEC phylogroup B2 isolates, including high-risk ST131-associated strains. Their efficient infection dynamics, activity at low MOIs, and environmental stability support their potential development as precision phage-based interventions for controlling clinically relevant multidrug-resistant *E. coli* within a One Health framework.

O-023

Resolución de perfiles atípicos de resistencia antimicrobiana mediante secuenciación genómica en hospitales de Bogotá, Colombia

Picón-Moncada L, Hernández P, Pavia P, Josa D, Cortés J, Ramírez J, Muñoz M. Instituto de Biotecnología (IBUN), Universidad Nacional de Colombia; Fundación Clínica Shaio; Hospital Universitario Mayor - Méderi; Universidad del Rosario; Hospital Universitario Nacional; Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología, Escuela de Ciencias e Ingeniería.
Bogotá
lpiconm@unal.edu.co

Introducción. La resistencia antimicrobiana representa una amenaza creciente para la salud pública en el ámbito hospitalario, donde los perfiles atípicos de resistencia dificultan el diagnóstico y tratamiento. En este contexto, la secuenciación de alto rendimiento (SAR) se justifica como una herramienta complementaria a los métodos convencionales, permite identificar mecanismos de resistencia, factores de virulencia y elementos genéticos móviles no detectados fenotípicamente. **Objetivos.** Caracterizar a nivel genómico aislamientos bacterianos clínicos con perfiles atípicos de resistencia antimicrobiana para identificar determinantes moleculares de resistencia y virulencia potencialmente emergentes en instituciones hospitalarias de Bogotá. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo, tipo serie de casos a partir de aislamientos clínicos especiales. Se analizaron aislamientos bacterianos clínicos recolectados en tres meses en tres instituciones hospitalarias de Bogotá D.C., Colombia. Se realizó identificación fenotípica, extracción de ADN y

SAR empleando plataformas Illumina y Oxford Nanopore. A partir de estos datos, se caracterizaron el resistoma (CARD), el viruloma (VFDB) y el mobiloma (PlasmidFinder). **Resultados.** Se analizaron 17 aislamientos clínicos con perfiles atípicos de resistencia antimicrobiana. La caracterización genómica permitió identificar determinantes asociados a resistencia frente a carbapenémicos, betalactámicos, aminoglucósidos y moléculas de último recurso en Colombia, también factores de virulencia y elementos genéticos móviles relacionados con la adaptación y persistencia en el entorno hospitalario. Entre los hallazgos más relevantes se identificaron aislamientos de *Klebsiella pneumoniae* portadores de los genes *blaKPC-2* y *blaKPC-39*, *Pseudomonas aeruginosa* con *blaKPC-2* y *blaKPC-3*, así como *Acinetobacter ursingii* con *blaNDM-1* y *Streptococcus pneumoniae* con elementos genéticos móviles asociados a determinantes genómicos atípicos de resistencia. **Conclusiones.** Estos resultados demuestran las limitaciones de las pruebas tradicionales y destacan el valor de la SAR para caracterizar perfiles atípicos de resistencia antimicrobiana evidenciando la circulación de determinantes genéticos de importancia clínica y epidemiológica, aportando a los esquemas de vigilancia de la resistencia antimicrobiana y enfoques terapéuticos.

O-024

Evaluación de la actividad in vitro de imipenem-relebactam frente a aislamientos de Enterobacteriales y Pseudomonas aeruginosa mediante test de gradiente. Experiencia en un hospital de Alta complejidad de Colombia

Josa-Montero D, López S, Pescador A, Trujillo P, Rodríguez S, Martínez D, Silva E, Torres I.
Clínica Shaio.
Bogotá
diego.josa@shaio.org

Introducción. El incremento de infecciones por Enterobacteriales y *Pseudomonas aeruginosa* productores de carbapenemasas, sumado al surgimiento de variantes de KPC (KPCv) que confieren resistencia a antimicrobianos de nueva generación como ceftazidima-avibactam (CAZ-AVI), representa un desafío terapéutico. Ante este complejo escenario, imipenem-relebactam (IMI-REL) emerge como una alternativa prometedora para restaurar la actividad frente a estas cepas multirresistentes de difícil tratamiento. **Objetivos.** Evaluar la actividad in vitro de imipenem-relebactam frente a aislamientos de Enterobacteriales y *Pseudomonas aeruginosa* mediante test de gradiente (E-test), e interpretar su perfil de susceptibilidad comparándolo con el de ceftazidima-avibactam. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo prospectivo que incluyó 60 aislamientos clínicos (45 Enterobacteriales y 15 *P. aeruginosa*). La determinación de la concentración mínima inhibitoria (CMI) para IMI-REL se realizó mediante test de gradiente (E-test® bioMérieux) con interpretación según los puntos de corte vigentes CLSI M100 2026. Se realizó análisis comparativo con E-test CAZ-AVI y confirmación molecular de carbapenemasas por PCR e inmunocromatografía. **Resultados.** El 80,0% de los aislamientos fue sensible a IMI-REL (n=48), 3,3% intermedio (n=2) y 16,7% resistente (n=10). Los Enterobacteriales mostraron susceptibilidad del 95,6% (43/45), en contraste con *P. aeruginosa* donde solo el 33,3% fue sensible (5/15). De los 24 aislamientos que presentaron resistencia a CAZ-AVI, IMI-REL demostró una notable actividad in vitro con una sensibilidad global del 66,7% (16/24). Destaca su alta eficacia en la población productora de posibles variantes de KPC (n=13), donde logró restablecer la actividad in vitro en el 92,3% (12/13) de los casos. **Conclusiones.** Imipenem-relebactam demostró alta actividad in vitro frente a Enterobacteriales productores de KPC con tasas de sensibilidad superiores al 95%, y representa una alternativa relevante frente a cepas que han desarrollado resistencia a Ceftazidima/Avibactam. Su actividad limitada en *P. aeruginosa* subraya la necesidad de realizar pruebas de susceptibilidad individualizadas para orientar el tratamiento dirigido.

Virología

O-025

Tamizaje universal de citomegalovirus congénito mediante estrategia de pool testing en saliva: estudio prospectivo, multicéntrico, de implementación hospitalaria

Valencia Y, Molina O, Africano M, Tarazona J, Arias-Sánchez A.
Clínica Medical Duarte; Clínica San Luis; IGR Infectoped; Universidad de Santander.
Cúcuta
felipe.arias4@hotmail.com

Introducción. La infección congénita por citomegalovirus (cCMV) es la principal causa infecciosa de hipoacusia neurosensorial y discapacidad del neurodesarrollo. La mayoría de los recién nacidos son asintomáticos al nacer, por lo que las estrategias basadas en síntomas o factores de riesgo dejan sin diagnóstico una fracción sustancial de casos. **Objetivos.** Evaluar el rendimiento del tamizaje universal mediante pool testing en saliva y cuantificar la brecha diagnóstica frente a la práctica habitual. **Materiales y métodos.** Estudio prospectivo, multicéntrico, de implementación en dos clínicas (2026). Se tamizaron 675 recién nacidos mediante PCR en saliva agrupada en pools (CMD: 375 muestras/75 pools; San Luis: 300/60 pools). Cada pool positivo se desagregó y todos los casos se confirmaron individualmente mediante PCR en orina, prueba diagnóstica de referencia. Se calcularon prevalencias, tasas por 1.000/10.000 nacidos vivos e intervalos de confianza exactos del 95% (Clopper-Pearson), comparándose con la detección histórica de 2025. **Resultados.** Se confirmaron por PCR en orina 2 casos (CMD 1/375; San Luis 1/300). Prevalencia combinada 0,30% (2/675; 2,96/1.000; IC95% 0,36–10,66/1.000), consistente con cifras internacionales. La proyección anual sobre los nacimientos de ambos centros (10.109) fue de ≈30 casos, frente a 3 detectados por práctica habitual en 2025: brecha de ≈27 casos (90%) y razón de detección de 10×. Ningún caso del tamizaje habría sido identificado por síntomas; solo uno (RCIU) cumplía criterio selectivo Leipzig/SLIPE 2024. **Conclusiones.** El tamizaje universal por pool testing en saliva, con confirmación en orina, reveló un subdiagnóstico cercano al 90% bajo estrategias convencionales, recuperando casos elegibles para seguimiento audiológico y neurológico temprano. El método resulta operativa y económicamente factible y escalable para Latinoamérica y países de ingresos medios.

O-026

Respuesta humoral y celular frente a MPXV en personas con infección por mpox, con o sin VIH, e individuos vacunados contra viruela humana: resultados preliminares

García-Acevedo S, Tabares J, Monsalve-Escudero L, González-Duque J, Díaz F, Estrada S, Álvarez-Mesa N, Zapata W, Rodríguez-Perea A, Aguilar-Jiménez W.
Grupo Inmunovirología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia; Unidad de Vigilancia Epidemiológica, Subsecretaría de Salud Pública de Medellín; Laboratorio Clínico, Salud Vid; Grupo de Investigación Ingeniar, Corporación Universitaria Remington; Grupo Infettare, Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia.
Medellín
alucia.rodriguez@udea.edu.co

Introducción. En 2022, el virus de la mpox (MPXV) causó un brote global persistente, con una proporción importante de casos en personas con VIH. Aún se requieren estudios que definan la magnitud y duración de la inmunidad por infección natural, el efecto del VIH y la inmunidad cruzada derivada de la vacunación antivariólica. **Objetivos.** Caracterizar la respuesta humoral y celular frente a MPXV en personas con infección aguda o 1-3 años post-infección, con o sin VIH, y en vacunados contra viruela humana antes de su erradicación. **Materiales y métodos.** Estudio observacional en desarrollo realizado en Medellín, Colombia (2022-2025). Se conformaron seis grupos: mpox agudo/VIH (n=11), mpox agudo sin VIH (n=7), post-infección/VIH (n=12), post-infección sin VIH (n=15), vacunados (n=31) y controles sanos (n=5). Los anticuerpos neutralizantes se midieron por PRNT50 en plasma y la respuesta celular mediante marcadores inducidos por activación (AIM) y producción intracelular de citocinas por citometría de flujo tras estímulo de células mononucleares con péptidos de MPXV. **Resultados.** No se han observado diferencias significativas en síntomas, distribución de lesiones ni títulos neutralizantes entre grupos con infección por mpox. En fase post-infección, 58% de los individuos con VIH mantuvieron títulos neutralizantes > 1:20, con mayor dispersión (1:51-1:281), frente al 79% sin VIH. En personas con VIH, títulos altos se asociaron con CD4+ >400 células/μL, mientras títulos < 1:20 predominaron con CD4+ < 300 células/μL. La respuesta celular fue detectable en todos los grupos. En el grupo post-infección/VIH se observó mayor proporción de respondedores con células T CD4+ y CD8+ AIM+ que en el grupo post-infección sin VIH. Los vacunados mostraron inmunidad cruzada predominantemente celular. **Conclusiones.** Estos resultados preliminares sugieren respuestas humorales y celulares frente a MPXV tras infección natural, con persistencia 1-3 años post-infección y variabilidad asociada al VIH, así como inmunidad cruzada celular en vacunados. Se están realizando análisis de citocinas, citotoxicidad y polifuncionalidad. Financiación: UdeA-UCC-CUR (2023-66230).

O-027

Biomarcadores, epidemiología, años de Vida perdidos y desenlaces del COVID-19 en un hospital de Alta complejidad de São Paulo (2020–2022)

Pacheco-López R, Villegas-Solarte F, Martínez-Chamorro J, Henao-Agudelo J, De Almeida D, Deceño-Arévalo S.
Universidade Ices; Universidade Federal de São Paulo; Fundação Valle del Lili.
Cali
robinson.pacheco.73@gmail.com

Introducción. La carencia de una herramienta biomolecular estandarizada para predecir el pronóstico clínico de COVID-19 en América Latina justifica la validación de biomarcadores locales para optimizar la toma de decisiones y la distribución de recursos hospitalarios. **Objetivos.** Describir la estancia, factores relacionados a la mortalidad y cuantificar los años de vida potencialmente perdidos (AVPP) por covid-19 en una UCI de Brasil entre enero de 2020 y marzo de 2022. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo longitudinal retrospectivo realizado en un hospital de alta complejidad de São Paulo, Brasil. La población incluye adultos (≥ 18 años) admitidos en UCI con diagnóstico confirmado de covid-19 y registro de biomarcadores en tres momentos: admisión, pico y egreso. El desenlace principal es la mortalidad hospitalaria. **Resultados.** 584 pacientes, edad media 61 años. Mortalidad global 51,2%. Predictores independientes de mortalidad en análisis multivariado: edad (OR 1,0325; IC95% 1,0170–1,0482; $p < 0,001$), pico de RDW (OR 1,3061; IC95% 1,1564–1,4751; $p < 0,001$) y pico de urea (OR 1,0112; IC95% 1,0084–1,0140; $p < 0,001$). Efecto protector: pico de eritrocitos (OR 0,6866; IC95% 0,5214–0,9039; $p = 0,007$) y estancia en UCI ≥ 14 días (OR 0,2799; IC95% 0,1693–0,4626; $p < 0,001$). Leucocitos y plaquetas irrelevantes (OR ≈ 1). En términos de carga de enfermedad, los 299 fallecimientos registrados generaron 3.514,6 años de vida potencialmente perdidos (AVPP), equivalentes a 11,75 años perdidos por cada defunción. **Conclusiones.** En esta cohorte la edad, RDW elevado y urea alta se asociaron a mayor mortalidad, mientras que eritrocitos altos y estancia ≥ 14 días a menor mortalidad, confirmando la utilidad pronóstica de marcadores accesibles como el RDW y el hemograma.

O-028

Epidemiología del virus de la rabia en Colombia: vigilancia y desafíos para la iniciativa ZERO by 30

Castiblanco-Martínez H, Barbosa-Barajas L, Gómez-Rangel S.
Instituto Nacional de Salud.
Bogotá
hcastiblanco@ins.gov.co

Introducción. La rabia es una zoonosis de importancia en salud pública por su elevada letalidad y amplia distribución mundial. El estudio de la diversidad genética del virus permite comprender mejor su epidemiología, al relacionar variantes virales con reservorios específicos y patrones de transmisión, como herramienta en las acciones integradas de vigilancia, prevención y control para alcanzar las metas de la estrategia global Zero by 30. **Objetivos.** Caracterizar la epidemiología molecular de las variantes genéticas del Virus de la Rabia circulantes en Colombia durante el periodo 2020-2026. **Materiales y métodos.** Entre 2020 y el primer semestre de 2026, el Laboratorio Nacional de Referencia del Instituto Nacional de Salud analizó las muestras provenientes de la Red Nacional de Laboratorios. La detección del virus se realizó mediante inmunofluorescencia directa, y la variante genética se determinó por secuenciación Sanger del gen de la nucleoproteína viral. **Resultados.** Se procesaron 2.312 muestras, de las cuales 26 resultaron positivas para rabia, correspondiente a una tasa de positividad del 1,12%. La variante cosmopolita predominó entre los casos detectados (53,8%; $n = 14$), principalmente en caninos y zorros, mientras que las variantes asociadas a murciélagos hematófagos y no hematófagos representaron el 46,2% ($n = 12$), afectando principalmente a felinos, humanos y quirópteros. La mayor concentración de casos se observó en Magdalena, seguido por Valle del Cauca, Huila, Sucre y Cundinamarca. **Conclusiones.** La detección simultánea de diferentes variantes genéticas en un mismo periodo e incluso en los mismos departamentos, evidencia la co-circulación de ciclos epidemiológicos, lo que representa un desafío para las estrategias de vigilancia, prevención y control. Estos hallazgos resaltan la necesidad de fortalecer el enfoque de “Una Salud”, la vacunación animal y control de rabia silvestre, para avanzar hacia las metas de eliminación de la rabia humana planteadas por la iniciativa Zero by 30, particularmente en contextos donde persisten múltiples reservorios y fuentes de transmisión viral.

O-029

Mutaciones predichas en la traducción de la cadena aminoacídica de la proteína de fusión (F) del virus Sincitial respiratorio humano en el contexto de la vigilancia rutinaria durante 2023 -2024

Vargas-Barandica N, Rodríguez-Romero P, Gómez-Rangel S, Martínez-Puentes J.
Instituto Nacional de Salud.
Bogotá
prodriguez@ins.gov.co

Introducción. El virus sincitial respiratorio humano (VSRH) es uno de los principales agentes causales de infección respiratoria aguda en el mundo, principalmente en infantes. Sin tratamientos farmacológicos disponibles, se dispone de medidas profilácticas como anticuerpos monoclonales y vacunas usando como blanco la proteína F. Previamente se ha reportado que una fuerte presión de selección puede llevar a la aparición de mutaciones que confieran capacidad de evasión disminuyendo la eficacia de los biológicos. **Objetivos.** Establecer las mutaciones relacionadas con sitios de reconocimiento inmune y con anticuerpos monoclonales comerciales predichas en la traducción de la cadena aminoacídica de la proteína F a partir de las secuencias genómicas de VSRH de Colombia captados con la vigilancia virológica durante 2023 - 2024. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo con 41 genomas de VSRH pertenecientes al grupo antigénico A y 23 del B, captados en el Laboratorio Nacional de Referencia y secuenciados con plataforma Oxford Nanopore (R9.4), con primers de diseño in house. Se empleó Nextclade para establecer las mutaciones presentes en la predicción de la cadena aminoacídica resultante. **Resultados.** Para VSRH-A se encontró una mutación frecuente en el sitio II (blanco de Palivizumab): S276N, de reporte internacional en clados post-pandemia y mutaciones poco frecuentes en el sitio V (blanco de Suptavumab): S173L y A190N. Para VSRH-B se encontraron mutaciones en 4 de 6 sitios de reconocimiento: Ø A74V (Nirsevimab); V A190N (Suptavumab); II I252T, S275P y I268Y (Palivizumab), sitio I S389P, con más frecuencia para este grupo antigénico. **Conclusiones.** Se identificaron múltiples mutaciones en sitios de reconocimiento en los genomas de los dos grupos antigénicos. Es importante mantener esta vigilancia representativa territorial en el país que permita el seguimiento a las mutaciones que se puedan fijar en la población disminuyendo la eficacia de los biológicos.

O-030

Artificial intelligence-powered infrared spectroscopy enables rapid and reagent-free detection of dengue virus infection

Guevara-Vega M, Honório-Silva G, Souza P, Márquez-Pajuaba A, Carvalho-Caixaeta D, Aguilón-Torres J, Guimarães-Carneiro M, Patriarca-Mineo T, Mineo J, Sabino-Silva R.
Federal University of Uberlândia.
Uberlândia
marco.guevara.vega@gmail.com

Introduction. Dengue continues to expand beyond endemic regions and remains a major and growing public health threat. This scenario demands next-generation diagnostic strategies while highlighting persistent limitations of conventional diagnostics. The application of artificial intelligence-assisted attenuated total reflectance Fourier-transform infrared spectroscopy offers a transformative pathway toward rapid and sustainable dengue virus detection. **Objectives.** To discriminate serum samples from individuals with and without dengue virus infection using artificial intelligence algorithms applied to infrared spectral data acquired through a portable and sustainable biophotonic platform. **Materials and methods.** We used serum samples control and positive for dengue virus IgM by ELISA, from the biobank of the Immunoparasitology Laboratory of the Federal University of Uberlândia, approved by the Institutional Research Ethics Committee (#76912823.1.0000.5152). Serum samples spectra were recorded using the portable Agilent Cary 630 spectrometer. Spectral data were processed using Orange 3.35 software, and principal component analysis was performed as an exploratory assessment of spectral variance. Subsequently, machine learning and deep learning models were developed, optimized, and validated in Python-based environments to evaluate their ability. **Results.** The dataset was divided into training ($n = 400$) and validation ($n = 104$), each group containing control and dengue virus-infected subgroups. For Principal component analysis, two components formed 51.5% of the explained variance. Among the evaluated algorithms, XGBoost achieved the highest performance in the validation set, yielding an accuracy of 75%,

sensitivity of 77%, and specificity of 72%, supporting the feasibility of infrared spectroscopy combined with artificial intelligence for dengue discrimination while highlighting the need for validation in larger and independent cohorts.

Conclusions. The integration of attenuated total reflectance Fourier-transform infrared spectroscopy with artificial intelligence enables the discrimination of dengue virus-positive and control serum samples, demonstrating potential as a rapid, reagent-free, sustainable, and portable screening strategy, although further validation in larger and independent cohorts is required to establish its clinical applicability. Funding: CNPq INCT 406840/2022-9.

O-031

Predicción in silico de interacciones entre microplásticos y proteínas clave en la replicación del virus de la influenza A (H5N1)

Osorno-Quintero L, Bedoya-Tuberquia A, Rojas-Valencia A, Gómez-Gallego D.
Universidad de Antioquia.
Medellín
leydy.osorno@udea.edu.co

Introducción. La contaminación por microplásticos ha emergido como un problema de salud ambiental debido a su capacidad de ingresar al organismo humano, inducir alteraciones celulares e interactuar con microorganismos en el ambiente. Paralelamente, el aumento reciente de casos del virus de la influenza A (H5N1), su expansión zoonótica y detección en nuevas especies hospedadoras han generado preocupación internacional por su potencial pandémico. Se ha sugerido que los microplásticos podrían actuar como vectores virales, o modular procesos relacionados con la infección y replicación viral. Sin embargo, la interacción molecular entre microplásticos y proteínas clave del virus aún es poco conocida. **Objetivos.** Evaluar las interacciones moleculares entre microplásticos y proteínas clave involucradas en la replicación del virus de la influenza A (H5N1) en un modelo in silico. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio experimental in silico basado en acoplamiento molecular y simulaciones de dinámica molecular. Las proteínas hemaglutinina (HA) y subunidad PA de la polimerasa viral fueron modeladas con AlphaFold a partir de secuencias recientes del virus de la influenza A (H5N1), mientras que ANP32B humana se obtuvo del Protein Data Bank. El acoplamiento molecular se efectuó utilizando HADDOCK v2.4 y SwissDock/AutoDock Vina. Posteriormente, se realizaron simulaciones de dinámica molecular en GROMACS para evaluar la estabilidad estructural de los complejos PET-HA y PET-ANP32B. **Resultados.** El acoplamiento molecular mostró una afinidad de unión favorable entre PET y las proteínas HA, PA y ANP32B, con interacciones importantes en los sitios activos. La simulación de dinámica molecular mostró estabilidad estructural relativa con fluctuaciones conformacionales en el tiempo. **Conclusiones.** Los hallazgos sugieren que el PET podría interactuar de manera estable con proteínas esenciales del virus de la influenza A (H5N1) y factores celulares del hospedero, apoyando la hipótesis de que los microplásticos pueden establecer complejos estables con la maquinaria del virus y modular procesos relacionados con la replicación viral.

O-032

Caracterización metagenómica del viroma en murciélagos de áreas disturbadas del departamento del Quindío, Andes centrales de Colombia

Astorquiza-Onofre J, Padilla-Sanabria L, Patiño L, Ramírez J.
Universidad del Quindío; Universidad del Rosario.
Armenia
jurannym.astorquiza@uqvirtual.edu.co

Introducción. Los murciélagos albergan una amplia diversidad de virus y desempeñan un papel importante en la ecología de enfermedades emergentes. Sin embargo, en Colombia existen vacíos significativos sobre la composición de sus comunidades virales, especialmente en paisajes transformados por actividades humanas. **Objetivos.** Caracterizar la diversidad y composición del viroma asociado a murciélagos presentes en áreas disturbadas del departamento del Quindío mediante secuenciación metagenómica. **Materiales y métodos.** Se capturaron murciélagos mediante redes de niebla en siete municipios del departamento del Quindío, Colombia, en sistemas urbano-periurbanos y agropecuarios. Se obtuvieron muestras orofaríngeas que fueron procesadas mediante extracción de ARN, enriquecimiento viral (Rapid SMART-9N) y secuenciación metagenómica con Oxford Nanopore Technologies. Las lecturas

fueron analizadas mediante herramientas bioinformáticas para la identificación taxonómica de virus y la caracterización de la diversidad viral. **Resultados.** Se identificó una comunidad viral diversa compuesta por virus de ARN y ADN pertenecientes a múltiples familias virales. El viroma estuvo dominado por Coronaviridae (18,2%), Hepeviridae (14,9%) y Circoviridae (13,3%), seguidas por Orthoherpesviridae, Astroviridae, Picornaviridae y Rhabdoviridae. Los grupos virales más prevalentes fueron Chirohepevirus eptesici (91%), constituyendo el primer reporte para Colombia, seguido por Circovirus (86%), Sarbecovirus (68%) y Alphacoronavirus (64%). La riqueza viral promedio fue de seis grupos virales por muestra. No se observaron diferencias significativas en la prevalencia ni en la diversidad viral entre sistemas urbano-periurbanos y agropecuarios, sugiriendo que la composición del viroma es ampliamente compartida entre los ambientes estudiados. **Conclusiones.** Este estudio constituye el primer reporte del viroma de murciélagos para la región andina de Colombia y evidencia una alta diversidad de virus de ADN y ARN, incluyendo el primer registro de Chirohepevirus eptesici para el país y la detección de grupos virales de interés en salud pública, como Sarbecovirus y Alphacoronavirus. Estos hallazgos proporcionan una línea base para futuras estrategias de vigilancia viral en ecosistemas andinos.

Infectología pediátrica

O-033

Descripción clínica y desenlaces de los niños con neumonía adquirida en la comunidad en un centro de referencia en Bogotá, Colombia, 2022-2024

Camacho-Moreno G, Rodríguez-Romero L, Ruiz-Álvarez M, Valero-Halaby J.
Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia (HOMI). Universidad Nacional de Colombia.
Bogotá
lxrodriguezr@gmail.com

Introducción. La neumonía adquirida en la comunidad (NAC) es una causa importante de hospitalización en niños. La caracterización local de sus características clínicas y microbiológicas es fundamental para orientar su manejo. **Objetivos.** Describir las características clínicas, patrones de resistencia bacteriana y desenlaces de los niños hospitalizados por NAC en un hospital pediátrico de referencia en Bogotá. **Materiales y métodos.** Estudio observacional analítico de cohorte retrospectiva realizado en HOMI (Bogotá, Colombia) en pacientes menores de 18 años hospitalizados con diagnóstico de NAC entre 2022 y 2024. Se recolectaron variables demográficas, clínicas, paraclínicas, microbiológicas y de vacunación, verificadas mediante las bases oficiales del Programa Ampliado de Inmunización (PAI). Se realizaron análisis descriptivos y modelos de regresión logística univariada y multivariada para identificar factores pronósticos. **Resultados.** Se incluyeron 1129 pacientes, con edad promedio de 3,6 años (DE 3,6, mediana 3, RIQ 4); el 73,2% tenía vacunación completa contra neumococo. El antecedente más frecuente fue bronquiolitis (12,7%). Los síntomas más frecuentes fueron fiebre (86,6%), tos (81,7%) y dificultad respiratoria (43,4%). Entre los hallazgos paraclínicos se documentaron anemia (18,9%), hipoalbuminemia (10,98%) y trombocitopenia (4,07%). Los principales agentes bacterianos identificados fueron *Streptococcus pneumoniae* (44,6%) y *Staphylococcus aureus* (25%), mientras que los principales virus fueron virus respiratorio sincitial (38%) y adenovirus (26%). La sensibilidad de *S. pneumoniae* a penicilina fue del 52% y el 64,3% de los aislamientos de *S. aureus* correspondieron a cepas meticilino-resistentes. El 29,7% de los pacientes ingresó a UCI, el 9,5% requirió intervención quirúrgica y la letalidad fue del 1,7%. **Conclusiones.** La NAC que requiere hospitalización en población pediátrica se asocia con una elevada frecuencia de desenlaces graves y una importante carga de resistencia antimicrobiana entre los principales patógenos bacterianos.

O-034

Vigilancia centinela en meningitis bacteriana en menores de 5 años en hospital pediátrico cuarto nivel, en Colombia enero 2016- abril 2026

Camacho-Moreno G, Duarte C, Palacios J, Rojas J, Sosa C, Moreno J, Ortiz L, Serrano A, Jiménez K, Rivera D, Flórez S, Perdomo-Rojas M.
Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia (HOMI); Universidad Nacional de Colombia; Grupo Microbiología Instituto Nacional de Salud; Grupo de Inmunoprev, Dirección de Promoción y Prevención; Subdirección de Enfermedades Transmisibles; Promoción de la Salud y Curso de

Vida; Organización Panamericana de la Salud; Laboratorio de Salud Pública, Secretaría Distrital de Salud.
Bogotá
gcamachom@unal.edu.co

Introducción. Meningitis bacteriana (MB) es una causa frecuente de mortalidad y morbilidad en < 5 años. Colombia administró vacuna PCV10 entre 2012-2022, cuando se cambió a PCV13 en esquema 2+1. Desde 1997 se administra vacuna Hib, en 2023, se cambió esquema de 3+0 a 3+1. **Objetivos.** Monitorear el comportamiento de las MB en < 5 años, evaluando impacto de las vacunas PCV10 y PCV13. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de niños < 5 años clasificados según protocolo de OPS: caso sospechoso fue todo menor hospitalizado con diagnóstico meningitis; caso probable donde el examen del LCR compatible con etiología bacteriana y caso confirmado donde se identificó por PCR o cultivo en el LCR o sangre una bacteria. Se compararon los periodos 2016-2022 y 2024-2026 (abril). **Resultados.** Durante 2016-2022 se incluyeron 450 casos sospechosos de MB, de los cuales, el 23,3% (n=105) fueron probables y de estos 56,2%(n=59) fueron confirmados; se encontró *S. pneumoniae* (Spn) 13 (22,0%): Spn19A 1 (7,7%), Spn23B 1 (7,7%), Spn15C 2 (15,4%), Spn6C/6D 1 (7,7%), no serotificados 8 (61,5%); para *H. influenzae* 11 (18,6%), con serotipos: b 6 (54,5%), HiNT 2 (18,2%), no serotificados 3 (27,3%); para *N. meningitidis* 6 (10,2%), con serogrupos: C 3 (50%), Y 1 (16,6%), no serotificados 2 (33,3%); otras bacterias fueron 29 (49,2%). Durante 2024 a abril de 2026, se hallaron 125 casos sospechosos de MB, probables fueron 19 (15,2%), con 16 (84,2%) confirmados, para Spn se identificaron 3 (21,4%): Spn3 1 (33,3%) Spn15A 1 (33,33%) y no serotificado 1 (33,3%); para Hi 2 (14,3%): serotipo b 1 (50%) y HiNT 1 (50%); en Nm 2 (14,3%), con serogrupo Y 1 (50%), y no serotificados 1 (50%); para otras bacterias hubo 9 (47,4%). La tasa de hospitalización por MB fue de 1,2/1.000 niños < 5 años y 13 fallecieron. La tasa de letalidad fue 9,2% entre los casos probables. **Conclusiones.** No se observaron casos de Spn 19A y Spn 6C en el periodo postvacunación. Se debe continuar la vigilancia para identificar el impacto del cambio de las vacunas.

O-035

Codetección viral en niños con enfermedad neumocócica invasora. Epidemiología e impacto en desenlaces clínicos

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

Introducción. Las infecciones respiratorias agudas son una causa importante de morbimortalidad pediátrica. La codetección de *S. pneumoniae* y virus respiratorios es frecuente y podría agravar la enfermedad. Sin embargo, su impacto en la enfermedad neumocócica invasora (ENI) sigue siendo poco conocido en Latinoamérica. **Objetivos.** Caracterizar la codetección viral en la ENI. **Materiales y métodos.** Estudio multicéntrico, observacional y retrospectivo, realizado en 29 hospitales de diez ciudades de Colombia. Se incluyeron menores de 18 años con ENI confirmada. Se recolectaron variables clínicas y microbiológicas y se compararon los desenlaces según la detección molecular de virus respiratorios. **Resultados.** Entre 2021 y 2025 se incluyeron 547 pacientes; 240 (44%) eran mujeres. La mediana de edad fue de 37 [19-62]

meses. Las formas de presentación fueron neumonía (369; 67,5%), bacteriemia primaria (90; 16,5%), meningitis (73; 13,3%) y otras (27; 4%). El 70% tenía vacunación antineumocócica completa. Se realizó panel molecular respiratorio en 131 pacientes (24%), todos con ENI de origen pulmonar; 100 (76%) tuvieron detección de al menos un virus. Los virus más frecuentes fueron rinovirus (30,5%), virus sincitial respiratorio (23,6%), adenovirus (16,8%), influenza A (8,4%) y metapneumovirus humano (7,6%). La detección de dos o más virus ocurrió en 37 (7%) pacientes. Comparados con aquellos sin detección viral, los pacientes con al menos un virus tuvieron mayor ingreso a UCI (80% vs. 51%; p<0,01), una tendencia a mayor ventilación mecánica (62% vs. 42%; p=0,06) y mayor duración de hospitalización (17 [11-27] vs. 12 [7,5-17] días; p<0,01). La mortalidad fue similar (10% vs. 6%; p=0,7). **Conclusiones.** En niños con ENI de origen pulmonar, la codetección viral fue muy frecuente y se asoció con desenlaces clínicos más graves. Estos hallazgos aportan evidencia del impacto clínico de la interacción neumococo-virus y resaltan el potencial valor de las estrategias integradas de prevención frente a ambos agentes.

O-036

Cobertura potencial de serotipos de diferentes vacunas neumocócicas en una cohorte de pacientes pediátricos con enfermedad neumocócica invasiva en Colombia

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

Introducción. La enfermedad neumocócica invasiva (ENI) constituye una importante causa de morbimortalidad en la población pediátrica. La vacuna conjugada neumocócica heptavalente (PCV7) fue aprobada en el año 2000. Posteriormente, se observó un reemplazo de serotipos que impulsó el desarrollo de vacunas conjugadas de mayor valencia. En Colombia, la vacuna PCV10 se utilizó entre 2012 y 2022 y la PCV13 se incorporó a partir de 2022, ambas bajo un esquema de vacunación 2+1. **Objetivos.** Evaluar la cobertura potencial directa de serotipos de las diferentes vacunas neumocócicas. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de una cohorte de pacientes menores de 18 años con ENI, atendidos entre 2017 y 2025 en 30 hospitales de Colombia que pertenecen a la red Neumocolombia. **Resultados.** 866 pacientes en la cohorte, 410 casos (47,3%) serotificados. Las vacunas PCV7 y PCV10 cubren menos del 6% de los serotipos circulantes actualmente. El mayor incremento en la cobertura se observó con la PCV13, principalmente debido a la protección frente al serotipo 19A(52,6%) y al serotipo 3 (6%). Las vacunas PCV13 y PCV15 presentaron una cobertura potencial del 69%, mientras que la PCV20 aumentó la cobertura al 73% y la PCV31 al 82%. En los pacientes de 24 a 59 meses de edad se observó una mayor cobertura potencial con PCV13 y PCV15 (77,5%) y con PCV20 (81%). **Conclusiones.** Las vacunas conjugadas de primera generación redujeron la prevalencia de los serotipos incluidos en la vacuna. La emergencia del serotipo 19A respaldó la transición hacia la vacuna PCV13. La mayor cobertura potencial observada en el grupo de 24 a 59 meses podría estar relacionada con la ausencia de una estrategia de vacunación de rescate durante la transición de PCV10 a PCV13. Es fundamental mantener una vigilancia continua de los serotipos emergentes tras la introducción de PCV13 para evaluar la posible incorporación de vacunas que incluyan nuevos serotipos emergentes.

O-037

Caracterización de las bacteriemias en niños con falla intestinal atendidos por fiebre o estado de shock en el Hospital San Vicente Fundación de enero 1 /2021 a diciembre 31/ 2025

Arango-Ferreira C, Wilches-Luna A, Vivas-Tróchez R, Llano-Rendón C, Zelaya-Ceballos L, Villada-Ochoa O.
Hospital San Vicente Fundación.
Medellín
rossyviv@hotmail.com

Introducción. Las bacteriemias son las infecciones más frecuentes en niños con falla intestinal que están en programas de rehabilitación intestinal. **Objetivos.** Describir las características microbiológicas de las bacteriemias en estos pacientes. **Materiales y métodos.** Materiales y métodos: estudio observacional, de cohorte, retrospectivo. Revisión de bases de datos del programa de falla intestinal pediátrico y cruce con reportes de hemocultivos en laboratorio. **Resultados.** Se identificaron 138 niños. De ellos, a 123 niños (89%) se les tomaron hemocultivos por fiebre o estado de shock, de ellos 94 pacientes (68%) tuvieron hemocultivos positivos en este periodo de tiempo. Se identificaron 318 bacteriemias, promedio de 3,38 episodios/niño. Las edades oscilaron entre 1 día de vida y 3 años (promedio 6m). La distribución microbiológica en frecuencias y porcentajes incluyó: Cocos Gram positivos 188 (56%), bacilos Gram negativos 127 (38%), especies de *Candida* 18 hemocultivos (5,4%). Se detectó crecimiento simultáneo de más de 1 germen en 13 bacteriemias (4%). Se observaron 61 bacteriemias asociadas a catéter central (19%) con predominio de: *S. coagulans* negativos (38), *S. aureus* (15) y *K. pneumoniae* (6).. Para 21 niños con catéter Broviac, se definió terapia de salvamento mediante sello con antibiótico vs retiro de catéter según condición clínica, microorganismo aislado o siembras a distancia. **Conclusiones.** Los niños con falla intestinal que presenten fiebre o shock tienen una probabilidad mayor del 50% de cursar con bacteriemia y supera a otras poblaciones pediátricas como niños con neutropenia febril. La alta prevalencia de organismos entéricos (38%) apoyan la traslocación bacteriana y la permeabilidad intestinal y justifican uso empírico de antibióticos contra CGP y BGN hasta descartar la bacteriemia.

O-038

Resistencia bacteriana en infección del tracto urinario pediátrica: prevalencia, fenotipos y factores asociados en tres centros clínicos de Bucaramanga, Colombia

Cáceres-Delgado L, Vargas-Soler J, Serrano-Gómez S.
Universidad Industrial de Santander.
Bucaramanga
laura.2248052@correo.uis.edu.co

Introducción. La resistencia bacteriana en infección del tracto urinario (ITU) pediátrica compromete la efectividad del tratamiento empírico. Los factores asociados a betalactamasas de espectro extendido (BLEE) y otros mecanismos de resistencia bacteriana, permanecen sin caracterización en la población infantil de la región nororiental de Colombia. **Objetivos.** Determinar la prevalencia, agentes etiológicos, perfil de susceptibilidad antimicrobiana y factores asociados a resistencia bacteriana — con énfasis en producción de BLEE — en niños con ITU atendidos en tres centros clínicos de Bucaramanga. **Materiales y métodos.** Corte transversal analítico entre 2025-2026 en tres centros clínicos de Bucaramanga; se incluyeron participantes entre 1 mes y 12 años con ITU confirmada por urocultivo positivo. Se excluyeron pacientes oncológicos, trasplantados y episodios recurrentes. Los antibiogramas se interpretaron con criterios CLSI. Se caracterizaron los mecanismos de resistencia enzimática (BLEE, AmpC, carbapenemasas, IRT, penicilinasas). Se realizó análisis bivariado (chi-cuadrado/Fisher, t de Student) y regresión logística de Firth —método de verosimilitud— para identificar factores asociados a BLEE. **Resultados.** 87 participantes analizados (69% femenino; edad media 2,2 años $\pm$ 2,9). *Escherichia coli* fue el agente predominante (79,3%). La prevalencia global de resistencia bacteriana fue 82,8% (IC 95%: 73,0–90,0%). 72 aislamientos presentaron mecanismo enzimático caracterizado: penicilinasas 26,4%, BLEA 41,7%, BLEE 15,3%, AmpC 8,3%, IRT 8,3%. En el análisis multivariado de Firth (n=86), la hospitalización en los últimos 6 meses (OR 6,41; IC 95%: 1,12–36,6; p=0,037) y mayor edad del cuidador (OR 1,08 por año; IC 95%: 1,01–1,15; p=0,033) se asociaron de forma independiente con producción de BLEE. El nivel socioeconómico medio-alto/alto mostró asociación limitrofe (OR 8,84; IC 95%: 1,00–78,4; p=0,050). Los amplios intervalos de confianza reflejan el

tamaño muestral limitado. **Conclusiones.** La resistencia antimicrobiana en ITU pediátrica en Bucaramanga fue elevada; la presencia de BLEE (15,3%) se asoció independientemente con hospitalización reciente y edad del cuidador.

O-039

Respuesta inflamatoria y hallazgos ecográficos como predictores de severidad en neumonía pediátrica por *Mycoplasma pneumoniae*

Fernández-Hernández B, Restrepo-Gualteros S, Bonilla C, Buitrago-Bahamon C.
Universidad Nacional de Colombia; Fundación Santa Fe de Bogotá.
Bogotá
brattleyfer@icloud.com

Introducción. La neumonía por *Mycoplasma pneumoniae* puede progresar a hipoxemia, complicaciones pleuropulmonares y soporte respiratorio avanzado. La integración de biomarcadores inflamatorios y ecografía pulmonar podría mejorar la estratificación temprana de riesgo en escenarios clínicos reales. **Objetivos.** Evaluar la asociación entre respuesta inflamatoria sistémica, hallazgos ecográficos pulmonares y severidad clínica en niños hospitalizados con neumonía confirmada por *M. pneumoniae*. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva realizada en un hospital de alta complejidad de Bogotá, Colombia, entre enero de 2022 y mayo de 2025. Se incluyeron pacientes de 1 mes a 17 años con neumonía por *M. pneumoniae* confirmada por PCR. Se recolectaron variables clínicas, paraclínicas, ecográficas, terapéuticas y desenlaces. La severidad se definió por ingreso a unidad de cuidado intensivo pediátrico y/o soporte respiratorio avanzado. Se compararon pacientes graves y no graves, y se exploraron factores asociados mediante regresión logística multivariada ajustada por edad, sexo y comorbilidades. **Resultados.** Se incluyeron 29 pacientes; la mediana de edad fue 60 meses y 55,2% fueron varones. El 44,8% requirió cuidado intensivo pediátrico; entre ellos, 23,1% necesitó ventilación mecánica invasiva. Los casos graves presentaron mayor proteína C reactiva (15,3 vs. 3,9 mg/L; p=0,003), LDH (329 vs. 215 UI/L; p=0,008), linfopenia (1.900 vs. 2.800 células/mm³; p=0,04), derrame pleural (53,8% vs. 6,3%; p=0,006) y LUS score > 15 (69,2% vs. 12,5%; p=0,002). En el análisis multivariado, LDH > 300 UI/L (OR 4,1; IC95% 1,7–9,9), saturación de oxígeno < 90% (OR 3,8; IC95% 1,3–11,2) y LUS score > 15 (OR 5,3; IC95% 1,9–14,8) se asociaron independientemente con severidad. **Conclusiones.** La respuesta inflamatoria sistémica y el compromiso ecográfico pulmonar identifican un perfil de alto riesgo en neumonía pediátrica por *M. pneumoniae*, apoyando una estrategia integrada, accesible y temprana de estratificación clínica.

O-040

Medición del índice de espectro antimicrobiano (IEA) en la vigilancia y control del uso de antibióticos en una unidad de cuidado intensivo pediátrico (UCIP). Medellín – Colombia

Londoño-Montes J, Díaz-Díaz A, Mesa-Monsalve J, Arias-Urbano J.
Universidad CES; Hospital General de Medellín.
Sabaneta
londonom.juliana@uces.edu.co

Introducción. Los programas de uso racional de antibióticos (PROA) han demostrado tener un impacto positivo en el control de antimicrobianos. El indicador Días de Terapia (DDT) evalúa el consumo de antibióticos, pero sólo contempla el número de antibióticos por un periodo determinado, sin tener en cuenta el espectro. Recientemente se han descrito puntajes que valoran cada antibiótico según su espectro (a mayor espectro, mayor puntaje). Existen pocos datos del uso de estos puntajes en pediatría. **Objetivos.** Describir el uso del IEA como métrica adicional a los DDT en la vigilancia del consumo de antibióticos en la UCIP de un hospital de alta complejidad. **Materiales y métodos.** Estudio unicéntrico, observacional, retrospectivo. El PROA institucional monitorea el consumo de los antibióticos midiendo los DDT. Desde febrero de 2022 se inició la medición del IEA con asignación de puntajes a cada antibiótico según lo descrito previamente. Se analizaron dos indicadores: IEA/DDT e IEA/días antibiótico paciente (DAP). Se compararon ambos indicadores con el DDT para determinar correlación positiva o negativa con el DDT. **Resultados.** Entre febrero/2022 y diciembre/2025, el consumo de antibióticos cambió de 625 a 500 DDT/1000 días paciente (p< 0,01). El IEA disminuyó de 22 [16–31] a 18 [8–24] (p< 0,01). Los antibióticos más usados fueron ampicilina sulbactam (puntaje 6; 25%), vancomicina (puntaje 5, 13%), ceftriaxona (puntaje 5, 13%). El IEA/DAP cambió de 7 [5,6–8] a 5,5 [5–6,1] (p< 0,01), el IEA/DDT se mantuvo entre

5 [4,2-5,9] y 5,2 [4,4-5,6] ($p=ns$). El DDT se correlacionó de forma positiva con el IEA/DAP ($r=0,39$; $p<0,01$). **Conclusiones.** Durante el periodo estudiado en una UCIP de alta complejidad, el PROA tuvo un impacto positivo en disminuir el consumo general de antibióticos pero también el espectro antimicrobiano. La medición del IEA sirve para complementar el DDT en la monitorización del consumo de antimicrobianos.

Medicina tropical y parasitología

O-041

Validación analítica de una qPCR TaqMan dirigida al elemento REP529 de *Toxoplasma gondii* en muestras clínicas de diferente origen

Moreno-Acosta O, Trujillo-Monroy C, Torres-Morales E, Navarro-Salcedo A, Gómez-Marín J.

Universidad del Quindío.

Armenia

omard.morenoa@uniquindio.edu.co

Introducción. La toxoplasmosis representa un riesgo grave en gestantes e inmunosuprimidos. Su diagnóstico molecular oportuno requiere métodos validados en las matrices clínicas de uso habitual. La PCR en tiempo real (qPCR) TaqMan dirigida al elemento repetitivo REP529 (~300 copias/genoma haploide) es la estrategia más sensible disponible; sin embargo, carece de validación formal en laboratorios colombianos para líquido amniótico, líquido cefalorraquídeo, humor acuoso y suero. **Objetivos.** Evaluar el desempeño analítico de una qPCR TaqMan REP529 implementada en el Laboratorio de Biomédicas de la Universidad del Quindío mediante especificidad analítica, reproducibilidad entre operadores y concordancia diagnóstica en muestras clínicas de diferente origen. **Materiales y métodos.** Estudio experimental de validación analítica, realizado entre marzo y mayo de 2026 en el Laboratorio de Biomédicas, Armenia, Colombia. La especificidad analítica se evaluó frente a siete organismos y materiales genéticos (*Cryptosporidium* spp., *Giardia intestinalis*, *Blastocystis* spp., panel de enterovirus con diversidad genómica confirmada por secuenciación Oxford Nanopore, y cDNA de arbovirus DENV/ZIKV/CHIKV), en triplicado. La reproducibilidad se evaluó con tres operadores independientes mediante kappa de Cohen. La concordancia diagnóstica se determinó en 20 muestras clínicas (líquido amniótico, líquido cefalorraquídeo, humor acuoso y suero), con diagnóstico de referencia basado en criterios clínicos y serológicos. **Resultados.** La qPCR REP529 no generó amplificación específica frente a ningún organismo del panel (7/7 negativos; especificidad analítica 100%). La concordancia cualitativa entre los tres operadores fue perfecta ($\kappa = 1,00$). En muestras clínicas, la sensibilidad diagnóstica fue 100% (IC 95%: 69,2–100%) y la especificidad clínica 100% (IC 95%: 69,2–100%), con concordancia perfecta entre el resultado molecular y el diagnóstico de referencia en las cuatro matrices evaluadas. **Conclusiones.** La qPCR TaqMan REP529 demostró especificidad analítica y concordancia diagnóstica óptimas en muestras clínicas de diferente origen, constituyendo una herramienta válida para el diagnóstico molecular de toxoplasmosis en el contexto colombiano.

O-042

Menor prevalencia de parasitosis intestinal en adultos con dermatitis atópica: implicaciones clínicas en un contexto de baja endemicidad

Morales-De La Pava L, Ordoñez-Rubiano M, Nieto-Clavijo C, Delgado-Aldana A, Rangel D, Romero-Sánchez C, Chaparro-Olaya J.

Universidad El Bosque.

Bogotá

limoralesp@unbosque.edu.co

Introducción. La dermatitis atópica (DA) es una enfermedad inflamatoria crónica asociada con alteraciones del ecosistema intestinal. Aunque los eucariotas intestinales forman parte de esta comunidad microbiana, su papel en la DA sigue siendo incierto. Este aspecto tiene relevancia clínica porque las guías colombianas recomiendan la desparasitación profiláctica antes de iniciar terapias inmunosupresoras o biológicas. **Objetivos.** Evaluar la prevalencia de parasitosis intestinal y el riesgo de helmintiasis invasiva en adultos con DA. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio transversal en adultos-DA y controles sanos. Las muestras fecales se analizaron mediante examen parasitológico convencional y detección molecular de protozoos de importancia clínica. Además, se determinaron anticuerpos IgG contra *Strongyloides stercoralis* mediante ELISA. **Resultados.** Se incluyeron 248 participantes (113 con DA

y 135 controles). Los pacientes-DA presentaron mayor frecuencia de síntomas gastrointestinales ($p=0,015$), independientemente de la presencia de parasitosis. La prevalencia de parásitos intestinales fue menor en los pacientes-DA que en los controles ($p=0,028$). *Blastocystis* fue el microorganismo más frecuente y mostró una prevalencia significativamente mayor en los controles ($p=0,009$). No se detectaron helmintos en ningún participante y la seroprevalencia de IgG anti-*S. stercoralis* fue inferior al 1% (2/248). En el análisis multivariado, la presencia de tres o más síntomas gastrointestinales se asoció positivamente con DA, mientras que la parasitosis intestinal se asoció inversamente con la enfermedad, especialmente en individuos con multiparasitismo. De forma consistente, *Blastocystis* también mostró una asociación inversa con DA. **Conclusiones.** Los pacientes-DA presentaron menor frecuencia de parasitosis intestinal y mayor carga de síntomas gastrointestinales. La asociación inversa entre DA y parasitosis intestinal, particularmente *Blastocystis* y el multiparasitismo, junto con la ausencia de helmintos y la muy baja seropositividad para *S. stercoralis*, plantea interrogantes sobre la pertinencia de la desparasitación profiláctica universal en pacientes candidatos a terapias sistémicas en contextos de baja endemicidad. Financiación: Universidad El Bosque (PCI-2024-0001); Vichy-Exposome-Grant-2025-(UEB-2023-035).

O-043

El comercio ilegal de fauna silvestre como riesgo para la salud humana: evidencia de veinte años de incautaciones de animales en Colombia

Arenas-Suárez N, Oviedo-Cantillo D.

Universidad de Cartagena.

Cartagena

naresas@unicartagena.edu.co

Introducción. El tráfico de fauna silvestre representa una grave amenaza para la conservación de la biodiversidad y puede contribuir a la emergencia y transmisión de patógenos zoonóticos. **Objetivos.** Analizar el estado del comercio ilegal de fauna silvestre y su impacto bajo el enfoque Una Salud en Colombia. **Materiales y métodos.** Se obtuvo una base de datos de incautaciones de fauna silvestre de Colombia durante 22 años (2003-2025). Los registros de incautaciones se determinaron taxonómicamente por especie y clase. Las especies amenazadas se identificaron según su estado de conservación en la lista Roja (UICN) y se compararon las frecuencias de incautación entre taxones amenazados mediante la prueba U de Mann-Whitney. Se realizó una revisión bibliográfica de los patógenos zoonóticos asociados a las especies amenazadas más afectadas dentro del enfoque de Una Salud. **Resultados.** Se obtuvieron 915.126 registros en los cuales los reptiles fue la clase más traficada (624.744). Las especies confiscadas con mayor frecuencia fueron *Trachemys callirostris*, *Chelonoidis carbonaria* (morrocoy), *Podocnemis* spp. y otras tortugas de agua dulce. Entre todos los registros, la especie *T. callirostris* representó más de 267.000 individuos confiscados (29%), mientras que la especie morrocoy superó los 14.800 registros. Las especies amenazadas presentaron frecuencias de incautación significativamente mayores que las especies no amenazadas ($p = 0,00066$). Los principales agentes zoonóticos asociados a estos reptiles fueron *Salmonella enterica*, *Aeromonas* spp., *Campylobacter* spp., *Mycobacterium* spp. y Enterobacterales. También destacan patógenos virales como ranavirus, herpesvirus de quelonios-5, herpesvirus de reptiles, adenovirus y virus del Nilo Occidental en cocodrilos. **Conclusiones.** El tráfico de fauna silvestre en Colombia afecta de manera desproporcionada a las especies de reptiles amenazadas y podría, aumentar el riesgo de transmisión de patógenos zoonóticos. La integración de la vigilancia de la biodiversidad con el monitoreo de patógenos zoonóticos podría fortalecer las estrategias de Una Salud y prevenir la emergencia de enfermedades infecciosas.

O-044

Seroprevalencia de Hantavirus en el departamento de Córdoba, 2014-2022

Miranda J, Tique-Salleg V, Mattar S.

Universidad de Córdoba.

Montería

jluismiranda@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. Los hantavirus constituyen un problema de salud pública emergente y reemergente, con casos confirmados en varios países. **Objetivos.** Determinar la seroprevalencia de hantavirus en el departamento de Córdoba. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo transversal, $n=179$ muestras de sueros de personas correspondientes a estudios desarrollados

por el Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico, que se subdividieron en 3 grupos. i) sueros de personas sanas de estudios de seroprevalencia realizados antes de pandemia 2018. ii) sueros de pacientes con COVID diagnosticados por qPCR en 2020. iii) sueros de pacientes con un diagnóstico inicial de síndrome febril agudo indiferenciado 2021 y 2022. La detección de IgG se realizó con el ELISA anti-Hantavirus Pool 2 América (Euroimmun, Ref. El 278H-9601-2-G; mezcla de antígenos recombinantes de Sin Nombre y Andes). Los pacientes con altos títulos de IgG, se les realizó una IFI, para establecer si existía reactividad cruzada a diferentes especies de hantavirus (Hantaan, Puumala, Dobrava, Seoul y Saaremaa). **Resultados.** La seroprevalencia fue del 9,5%, (17/179), la distribución por grupos fue así: i) sueros tomados a personas sanas 12% (5/42). ii) pacientes con COVID-19, seroprevalencia 12,5% (4/32). iii) pacientes con síndrome febril agudo 6,6% (6/105). Los pacientes que consultaron presentaron fiebre, cefalea y mialgias y dolor abdominal. La procedencia de los sujetos positivos demostró un patrón en Córdoba: el 29,4% (5/17) municipio de Tuchín, el 23,5% (4/17) de Montería, el 17,6% (3/17) a Planeta Rica, el 17,6% (3/17) a Montelíbano y el 5,8% (1/17) a Pueblo Nuevo y El Bagre, Antioquia. De los 17 IgG seropositivos, 6 (35,2%) presentaron coinfección con *Plasmodium falciparum* y *P. vivax*. Con respecto a la reactividad cruzada, se encontró que todos los sueros (5) tuvieron un grado de reactividad cruzada con los diferentes antígenos. **Conclusiones.** Los resultados demuestran la circulación de hantavirus o de genotipos antigénicamente relacionados en la población estudiada de Córdoba.

O-045

Frecuencia de infección por *Trypanosoma* spp. en poblaciones de perros y gatos de varios departamentos de Colombia

Ríos-Usuga C, Rendón-Ramos L, Jaramillo-Delgado I.
Urano Diagnostics.
Medellín
carolina.rios@uranovet.com

Introducción. *Trypanosoma* spp. es un protozooario transmitido por vectores que afecta a una amplia variedad de hospederos, incluyendo especies de caninos y felinos que actúan como reservorios del parásito. En Colombia existe un subregistro de la infección, por esta razón, la implementación de herramientas como la qPCR es fundamental para estimar con precisión la circulación real del patógeno. **Objetivos.** Evaluar la frecuencia de *Trypanosoma* spp. mediante qPCR en perros y gatos de diferentes departamentos de Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio retrospectivo de bases de datos de muestras enviadas al laboratorio TestMol para diagnóstico de *Trypanosoma* spp. mediante qPCR, provenientes de diferentes centros veterinarios de Colombia durante el 2025. Se llevó a cabo un análisis estadístico descriptivo y bivariado de variables demográficas mediante Jamovi 2.3.21 ($p < 0,05$). **Resultados.** De un total de 687 registros, se obtuvo una positividad del 6,3% (43/687). Los caninos representaron el 90,7% y las hembras el 53,5% dentro de los individuos infectados. Se evidenció que *Trypanosoma* spp. circula principalmente en los departamentos de Antioquia (39,5%) y Cundinamarca (33%). En los caninos positivos, los perros dentro del grupo de pastores y de raza mestiza fueron los más frecuentes representando un 20,5% y 18%, respectivamente. Dentro de los felinos infectados, la mayoría correspondieron a individuos de raza mestiza (75%). Al evaluar la distribución etaria, se observó que individuos entre 1 y 6 años concentraron el 44% de los casos y los menores de 12 meses un 30%. Se evidenció asociación estadísticamente significativa entre la positividad y las razas de pastores en caninos. **Conclusiones.** Se confirma la circulación de *Trypanosoma* spp. en animales de compañía en Colombia, principalmente en perros. Estos hallazgos resaltan la importancia de estos animales como un reservorio importante en el ciclo de mantenimiento de la tripanosomiasis.

O-046

Detección de *Ehrlichia* y *Anaplasma* en bovinos del departamento de Córdoba: un riesgo para la salud pública

Pérez-Cogollo L, Alemán-Santos M, Herrera-Benavides Y, López Y, Pérez N, Tique V, Mattar S.
Universidad de Córdoba.
Montería
luisperez@correounicordoba.edu.co

Introducción. *Anaplasma* y *Ehrlichia* son hemoparásitos transmitidos por garrapatas que, en bovinos, pueden causar fiebre, anemia y pérdidas productivas. Algunas especies pueden infectar a los seres humanos, convirtiéndolos

en patógenos de importancia para la salud pública. **Objetivos.** Determinar la frecuencia de *Ehrlichia* y *Anaplasma* en bovinos del departamento de Córdoba, Colombia. **Materiales y métodos.** En 2025, se tomó sangre de 177 bovinos pertenecientes a seis municipios del departamento de Córdoba. Se realizó extracción de ADN con el kit comercial InviSorb® Spin Blood Mini Kit usando el protocolo ADN. Como tamizaje inicial se realizó la detección mediante un protocolo de SYBR Green qPCR utilizando cebadores que amplifican la región 16S ARNr de bacterias de la familia Anaplasmataceae. A las muestras positivas por qPCR se les realizó cPCR para amplificar fragmentos de genes de *Ehrlichia* y *Anaplasma*. Se realizará secuenciación para determinar las especies. **Resultados.** El 14,1% (25/177) de los bovinos fue positivo para *Ehrlichia* sp. y el 26,5% (47/177) para *Anaplasma* sp. por qPCR. Por PCR convencional el 64% (16/25) fue positivo para *Ehrlichia* sp. y el 14,9% (10/47) fue positivo para *Anaplasma* sp. Los municipios donde se detectaron animales positivos a *Ehrlichia* sp. fueron: Puerto Escondido (50%), Tierralta (18,75%), Planeta Rica (18,75%), Montería (6,25%) y Lorica (6,25%). Los animales positivos a *Anaplasma* sp. se detectaron en los municipios de: Puerto Escondido (40%), Montería (20%), Sahagún (20%), Planeta Rica (10%) y Lorica (10%). **Conclusiones.** Se evidencia la circulación de *Anaplasma* y *Ehrlichia* en bovinos del departamento de Córdoba. El municipio con más muestras positivas fue Puerto Escondido cerca del mar Caribe y con predominio de bosque seco tropical. Se recomienda fortalecer la vigilancia epidemiológica, debido a su impacto en la salud animal y potencial riesgo para la salud pública.

O-047

Detección molecular de *Toxoplasma gondii* y sus principales coinfecciones en caninos y felinos de diferentes departamentos de Colombia

Ríos-Usuga C, Rendón-Ramos L, Jaramillo-Delgado I.
Urano Diagnostics.
Medellín
carolina.rios@uranovet.com

Introducción. La toxoplasmosis es una enfermedad ocasionada por el protozooario *Toxoplasma gondii*, los gatos son el hospedero definitivo y los únicos capaces de excretar el parásito en sus heces. Los caninos son hospederos accidentales que no transmiten la enfermedad. En Colombia se ha reportado la presencia de *T. gondii* en perros y gatos, pero poco se conoce sobre sus principales coinfecciones. **Objetivos.** Evaluar la frecuencia de *T. gondii* y sus coinfecciones mediante qPCR en perros y gatos de diferentes departamentos de Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio retrospectivo de bases de datos de muestras enviadas al laboratorio TestMol para diagnóstico de *T. gondii* y otros agentes infecciosos mediante qPCR, provenientes de diferentes centros veterinarios de Colombia durante el 2025. Se llevó a cabo un análisis estadístico descriptivo y bivariado de variables demográficas mediante Jamovi 2.3.21 ($p < 0,05$). **Resultados.** De 8.770 registros, la positividad para *T. gondii* fue del 13,2% (1.161 casos), distribuidos equitativamente entre caninos (51%) y felinos (49%). Los casos se concentraron principalmente en Antioquia (50%) y Cundinamarca (39%). Entre los pacientes infectados, predominaron las hembras en caninos (52%) y los machos en felinos (56%), siendo los adultos jóvenes (1-6 años) el grupo etario más afectado (caninos 52%; felinos 45%). Se observó coinfección en el 65% de los individuos positivos (felinos 67%; caninos 63%). Dentro de esta población coinfectada, el principal patógeno concurrente en gatos fue *Bartonella* spp. (79,3%), mientras que en perros fue *Anaplasma* spp. (63,2%). **Conclusiones.** Se detecta la presencia de *T. gondii* en caninos y felinos con una alta tasa de coinfección, siendo *Bartonella* spp. y *Anaplasma* spp. los principales agentes encontrados. Se requieren estudios clínicos que permitan determinar el rol de estas coinfecciones en la severidad y pronóstico de individuos enfermos por causa de estos agentes infecciosos.

O-048

Dengue virus infection among patients with cancer: a systematic review

Rodríguez-Morales A, Acevedo D, Lozada-Pinto L, Malavet T, Cardona-Ospina J.
Institución Universitaria Visión de las Américas; Center for Infectious Diseases, Houston Methodist Research Institute, USA; School of Public Health, University of California, USA.
Pereira
ajrodriguezmm@gmail.com

Introduction. Dengue is a primary arboviral disease in tropical and subtropical regions and is a growing concern among immunocompromised populations. Patients with cancer may be at higher risk of dengue infection and ad-

verse outcomes due to malignancy- and treatment-related immunosuppression. However, the epidemiology of dengue among patients with cancer has not been systematically summarized. **Objectives.** To systematically review the available evidence on dengue virus infection among patients with cancer and to narratively synthesize reported frequency and clinical burden. **Materials and methods.** A systematic review was conducted in accordance with PRISMA guidelines. PubMed and complementary indexed sources were searched from inception for studies reporting laboratory-confirmed dengue infection in patients with cancer. Eligible designs included observational studies, outbreak cohorts, surveillance reports, and case series. Data were extracted on study characteristics, diagnostic methods, and outcomes. Due to heterogeneity and the absence of denominator-based data, a meta-analysis of prevalence was not performed. **Results.** Eight studies met the inclusion criteria, including two retrospective cancer-center cohorts, one surveillance-based cohort, and five case series or reports published between 2012 and 2025 in dengue-endemic countries. Sample sizes ranged from 5 to 150 cancer patients with confirmed dengue. The largest cohort from Brazil included 150 cases, with 46% requiring hospitalization, 8.7% intensive care admission, and 3.3% dengue-related mortality. A cohort of patients with hematologic malignancies and hematopoietic cell transplantation reported 53 dengue cases, frequently complicated by thrombocytopenia and transfusion requirements. **Conclusions.** Available evidence is limited and primarily descriptive, precluding robust estimation of dengue prevalence among patients with cancer. Nevertheless, reported data indicate a substantial clinical burden during outbreak periods. Denominator-based studies are needed to quantify the epidemiological impact in oncology populations accurately.

Resistencia bacteriana

O-049

Caracterización genómica de *Acinetobacter ursingii* resistente a carbapenémicos portador de blaNDM-1 aislado de una infección neonatal

Hernández-A. P, Picón L, Argüello S, Silva E, Pescador L, Patiño L, Ramírez J, Muñoz M, Trujillo P, Josa D.
Fundación Clínica Shaio; Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología (CIMBIUR), Universidad del Rosario; Instituto de Biotecnología (IBUN), Universidad Nacional de Colombia.
Bogotá
paula.hernandez@shaio.org

Introducción. *Acinetobacter ursingii* es una especie no baumannii de notificación infrecuente que suele ser mal identificada mediante métodos fenotípicos convencionales, lo que conlleva una subestimación de su relevancia clínica. Se ha asociado principalmente con bacteriemia en poblaciones de alto riesgo, particularmente en neonatos. La emergencia de resistencia antimicrobiana en *Acinetobacter* spp. no baumannii subraya la necesidad de enfoques genómicos que fortalezcan la identificación de especies y permitan caracterizar sus determinantes de resistencia y virulencia. **Objetivos.** Caracterizar genómicamente un aislamiento de *Acinetobacter ursingii* resistente a carbapenémicos, recuperado de una infección neonatal en Bogotá. **Materiales y métodos.** Se recuperó un aislamiento bacteriano resistente a carbapenémicos a partir de una secreción orotraqueal obtenida de un paciente neonatal. La identificación preliminar se realizó mediante espectrometría de masas MALDI-TOF. El ADN genómico fue extraído y secuenciado en las plataformas Illumina MiSeq y Oxford Nanopore MinION. El ensamblaje híbrido del genoma se llevó a cabo con Unicycler y Flye. Los marcadores de resistencia antimicrobiana (MRA) y de virulencia se identificaron mediante Abricate v1.0.1 y Resistance Gene Identifier (RGI) v5.1.1, empleando las bases de datos CARD, VFDB, ResFinder y AMRFinderPlus. **Resultados.** El tamaño del genoma fue de 3,7 Mb, distribuido en seis contigs, con un contenido de GC del 40%. Los MRA detectados incluyeron blaOXA-9, blaNDM-1, blaTEM-1A y BRP(MBL). Adicionalmente, se identificaron factores de virulencia relacionados con adherencia (pilB, pilE, ompA), formación de biopelícula (pgaA, adeG, bap) y el sistema de dos componentes (bfrM, bfrS). **Conclusiones.** Se describe el primer reporte genómico en Colombia de un aislamiento de *A. ursingii* resistente a carbapenémicos portador de blaNDM-1 y múltiples determinantes de resistencia clínicamente relevantes. Estos hallazgos evidencian el papel potencial de las especies no baumannii de *Acinetobacter* como reservorios de resistencia antimicrobiana y virulencia en entornos de alto riesgo, subrayando el valor de la vigilancia genómica en el control de infecciones.

O-050

Caracterización genómica de aislamientos resistentes a ceftazidime/avibactam: reporte de la circulación de blaKPC-71 en *Pseudomonas aeruginosa*

Abril D, Leal R, Martínez O, Torres M, Solorzano P, Reyes-Perdomo C, Leal A, Escobar-Pérez J.
Laboratorio de Genética Molecular, Universidad El Bosque; Departamento de Patología y Laboratorios, Fundación Santa Fe de Bogotá.
Bogotá
djabril@unbosque.edu.co

Introducción. Ceftazidime/avibactam (CZA) es una de las últimas opciones terapéuticas contra los aislamientos que albergan serin-carbapenemasas. Aunque Colombia aprobó su comercialización en 2018, en Bogotá la resistencia a CZA en 2023 fue de 39,8%. **Objetivos.** Caracterizar los mecanismos de resistencia a CZA en aislamientos de Enterobacterales y *P. aeruginosa* mediante herramientas de secuenciación de tercera generación. **Materiales y métodos.** Se incluyeron 67 aislamientos obtenidos entre 2021 y 2023 en una institución de salud de tercer nivel en Bogotá, Colombia. La resistencia a CAZ/AVI se confirmó mediante E-test, la detección de metalo-β-lactamasas por sinergia con EDTA y la identificación de genes de carbapenemasas (KPC, GES, VIM, NDM e IMP) por PCR. Se seleccionaron 5 para secuenciación genómica de los cuales 3 aislamientos de *P. aeruginosa* fueron secuenciados con MinION (Oxford Nanopore®), y 2 aislamientos uno de *Enterobacter cloacae* (*E. cloacae*) y otro de *Enterobacter hormaechei* (*E. hormaechei*) fueron secuenciados con Illumina® y MinION (Oxford Nanopore®). Los marcos abiertos de lectura se anotaron con Prokka-1.14.6, los genes de resistencia se identificaron con ResFinder y CARD, los elementos genéticos móviles con PlasmidFinder e ISFinder. **Resultados.** Entre los hallazgos más relevantes se destaca la detección de blaKPC-71, por primera vez en América, movilizado en un NTEKPC-IIIg en un aislamiento de *P. aeruginosa*. Además, en los otros 3 aislamientos de *P. aeruginosa* se identificaron mutaciones en los reguladores transcripcionales negativos de la bomba de eflujo MexAB-OprM, específicamente en nalC (G34D, G71E, E153Q, S209R) y mexR (V126E). En el aislamiento de *E. cloacae* se detectó el gen blaKPC-33, y en *E. hormaechei* se hallaron mutaciones en la bomba de eflujo AcrAB-TolC (acrA S232N, acrB V278I/N205S, ramA V64A y tolC A203V/F463). **Conclusiones.** Nuestros resultados sugieren que la resistencia a CAZ-AVI esta mediada por una combinación de mecanismos intrínsecos y adquiridos, resaltando la importancia de la vigilancia genómica para implementar medidas de control que limiten su diseminación.

O-051

Nuevo protocolo para detección de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (MRSA) en hemocultivos positivos mediante tecnología RT-PCR con microfluidica

Josa-Montero D, Rodríguez S, López S, Martínez D, Pescador A, Trujillo P, Silva E, Osorio J, Mejorano J, Torres I, Leal R, Benavides M, Montaña D.
Clínica Shaio.
Bogotá
diego.josa@shaio.org

Introducción. Las infecciones del torrente sanguíneo por *Staphylococcus aureus* representan una causa significativa de morbilidad hospitalaria. *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (MRSA) se asocia con estadías hospitalarias prolongadas, mayores costos de atención y un impacto clínico significativo. Los métodos fenotípicos convencionales pueden requerir hasta 48 horas para su detección, mientras que las técnicas moleculares ofrecen una detección más rápida y precisa. **Objetivos.** Evaluar el desempeño diagnóstico de un nuevo protocolo para detectar *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (MRSA) en hemocultivos positivos mediante tecnología RT-PCR con microfluidica. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, de pruebas diagnósticas. Se analizaron 90 hemocultivos positivos con cocos Gram positivos tipo *Staphylococcus* spp. Se realizó RT-PCR mediante el kit MRSA/SA Vivalytic (BOSCH®, Alemania) el cual detecta el cassette SSCmec/orfX, el gen de resistencia a oxacilina mecA/mecC y el gen SA422, para la detección y diferenciación de MRSA y *Staphylococcus aureus* sensible a la meticilina (MSSA). Los resultados se compararon frente al método de microdilución en caldo como método de referencia. **Resultados.** La prueba RT-PCR MRSA/SA Vivalytic, diseñada originalmente para muestras nasales, demostró un excelente desempeño diagnóstico en muestras de hemocultivos positivos, obteniendo resultados en 1 hora. Se lograron valores de sensibilidad del 100%, especificidad 98%, pre-

cisión diagnóstica 99%, VPP 96%, VPN 100% y exactitud global del 99%. Asimismo, la concordancia con método de referencia obtuvo un índice kappa de Cohen de 0.97. **Conclusiones.** La prueba RT-PCR con microfluidica MRSA/SA Vivalytic demostró una alta aplicabilidad y desempeño diagnóstico para la detección de MRSA directamente de hemocultivos positivos, con mayor rapidez, confiabilidad y a un menor costo que otros sistemas de RT-PCR. La implementación de esta prueba molecular en los programas de optimización diagnóstica (PRODIM) podría acelerar el diagnóstico de bacteriemias por MRSA, mejorando la toma de decisiones terapéuticas y el desenlace clínico de los pacientes.

O-052

Association between multidrug-resistant *Streptococcus pneumoniae* and clinical presentation across age groups: nationwide surveillance data analysis, Colombia 2019–2023

Gómez-Heredia G, Moreno J, Duarte C, Sanabria O, Bautista A, Meneses J, Narváez J, De La Hoz F.
Universidad Nacional de Colombia; Instituto Nacional de Salud.
Bogotá
gegomez@unal.edu.co

Introducción. Invasive pneumococcal disease (IPD) remains a major cause of severe bacterial infection across all ages. Rising serotype-specific antimicrobial resistance, particularly multidrug resistance (MDR; ≥ 3 antimicrobial classes), may affect empirical management and vary by clinical syndrome and age. We analyzed national IPD surveillance data from Colombia (2019–2023; $n=2,357$) to assess associations between MDR, clinical presentation, and age-stratified patterns. **Objetivos.** We aimed to describe the epidemiology of IPD, estimate MDR prevalence, and assess its association with clinical presentation across age groups. **Materials and methods.** Multivariable logistic regression was used to estimate the association between clinical presentation and MDR, adjusting for age group, sex, year, and reporting department. Sensitivity analyses employed Firth penalized logistic regression. Multivariable logistic regression was used to assess the association between age group (< 2 , 2–5, 6–19, 20–50, > 50 years) and MDR, adjusting for clinical diagnosis and sex. All analyses were performed in R. **Results.** MDR prevalence varied by presentation: pneumonia 48% (237/492), meningitis 43% (144/336), sepsis 35% (177/508), bacteremia 30% (34/114). In adjusted models, meningitis showed higher odds of MDR (OR 2.3; 95% CI 1.45–3.76; $p < 0.001$), pneumonia (OR 1.96; 95% CI 1.25–3.12; $p < 0.001$), whereas sepsis (OR 1.4; 95% CI 0.89–2.22; $p=0.15$). Results were consistent using Firth regression. Age-specific patterns showed that children aged 2–5 years had highest odds of MDR (OR 3.6; 95% CI 2.87–4.64; $p < 0.001$), children < 2 years (OR 2.33; 95% CI 1.78–3.05; $p < 0.001$), 6–19 years (OR 1.41; 95% CI 0.9–2.2; $p=0.5$). **Conclusiones.** These findings underscore the need for syndrome and age specific considerations in empirical antimicrobial selection.

O-053

Resultados de la vigilancia nacional por laboratorio de Resistencia a ceftazidima-avibactam asociada con betalactamasas tipo en Colombia de 2023 a 2026

Saavedra S, Ovalle M, Montilla-Escudero E, Torres Y, Triana J, Vargas-Florez N, Gutiérrez M, Acosta E, Barrera A, Duarte C.
Instituto Nacional de Salud.
Bogotá
sysaavedrar@gmail.com

Introducción. Ceftazidima-avibactam (CZA) es una combinación β lactámico/inhibidor de betalactamasas, indicado para el tratamiento de infecciones por Enterobacterales productores de carbapenemasas serina. No obstante, a pesar de su reciente aprobación, a nivel global se han incrementado los reportes de resistencia a CZA asociados a betalactamasas serina, principalmente KPC mutantes y en menor medida, betalactamasas como PAC y PER entre otras. **Objetivos.** Caracterizar aislamientos de Enterobacterales con resistencia a ceftazidima-avibactam, productores de betalactamasas serina en Colombia, recibidos entre 2023 y 2026, a través de la vigilancia Nacional por Laboratorio de Resistencia Microbiana liderada por el Instituto Nacional de Salud. **Materiales y métodos.** Veinticuatro aislamientos resistentes a CZA y negativos para carbapenemasas metalobetalactamasas (MBL) fueron analizados. La susceptibilidad antimicrobiana se determinó por difusión en disco y la resistencia a CZA se confirmó por epsilometría usando E-test. La presencia de genes codificantes de betalactamasas KPC, PAC y PER se confirmó por PCR y algunos aislamientos fueron seleccionados para secuenciación de nueva generación.

Resultados. Los aislamientos analizados pertenecen principalmente al género *Klebsiella* spp., ($n=18$). Los mecanismos de resistencia a ceftazidima avibactam identificados fueron KPC ($n=14$), PAC ($n=7$), KPC+PAC ($n=2$) y PER ($n=1$). KPC mutante se identificó en Antioquia ($n=5$), Bogotá ($n=4$) y Valle del Cauca ($n=5$). PAC se identificó únicamente en Santander ($n=2$) y Valle del Cauca ($n=5$). PAC-2+KPC en Bogotá y Valle del Cauca y PER-4 en Nariño. Los resultados de secuenciación mostraron la presencia de KPC-31, PER-4 en un plásmido IncA y PAC-2 en un plásmido IncQ. **Conclusiones.** Los resultados de la vigilancia muestran la circulación de diferentes betalactamasas serina asociadas con resistencia a CZA en Colombia, resaltando la importancia de fortalecer la una vigilancia de estos perfiles en el país.

O-054

Diferencias estructurales y patrones de interacción molecular con antibióticos β -lactámicos e inhibidores entre variantes de β -lactamasas de espectro extendido tipo CTX-M

Patiño-Agudelo N, Ibarra-Cedeño J, Miranda-Ríos L, Cano-Arias C, Gómez-Gallego D, Infettare,
Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia; Escuela de microbiología, Universidad de Antioquia.
Itagüí
nicolas.patinoa@udea.edu.co

Introducción. La diseminación de β -lactamasas tipo CTX-M en enterobacterias clínicamente relevantes constituye un mecanismo de resistencia antimicrobiana de impacto global; sustituciones puntuales como Asp109Ser generan variantes con menor susceptibilidad a inhibidores, comprometiendo las opciones terapéuticas disponibles. **Objetivos.** Comparar las diferencias estructurales y los patrones de interacción molecular con antibióticos β -lactámicos e inhibidores entre las variantes CTX-M-1, CTX-M-2, CTX-M-9, CTX-M-15 y CTX-M-33. **Materiales y métodos.** Diseño: in silico de tipo descriptivo-comparativo. Lugar: Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia, 2026. Secuencias: Cinco proteínas CTX-M obtenidas de NCBI de *Escherichia coli*. Herramientas: Alineamiento múltiple (Clustal Omega); desorden intrínseco (IUPred2A, umbral ≥ 0.5); modelado 3D (SWISS-MODEL); optimización de ligandos (Avogadro 2.0/UFF); docking molecular (AutoDock VINA 1.2.7; HADDOCK 2.4). Desenlaces: Energía libre de unión (kcal/mol), HADDOCK score, violaciones de restricciones y residuos de interacción. **Resultados.** Identidad de secuencia: Dos agrupaciones, CTX-M-1,15 y 33 con identidad $\geq 97\%$, y CTX-M-2 y 9 con 78–80%; CTX-M-15 y CTX-M-33 compartieron 99,66%. Desorden intrínseco: CTX-M-9 presentó el mayor porcentaje de residuos desordenados (17,9%; rango: 9,96–12,7%), con regiones adicionales en los segmentos 225–241 y 245–249; la región 165–191 fue flexible en todas las variantes. Acoplamiento molecular: AutoDock VINA reveló afinidades crecientes: ácido clavulánico (–5.754 a –6.387 kcal/mol) $<$ cefotaxima (–8.302 a –8.759) $<$ ceftazidima (–9.526 a –9.837), con CTX-M-33 y CTX-M-15 como las menos afines. En HADDOCK, CTX-M-33 exhibió las mayores violaciones de restricciones frente al inhibidor ($11,1 \pm 15,5$ Å vs. $0,8 \pm 0,9$ Å en CTX-M-15). Los residuos SER73, TYR108, LYS237, THR238 y SER240 constituyeron un núcleo de interacción conservado. **Conclusiones.** La integración de herramientas bioinformáticas complementarias evidenció que las variantes CTX-M no son estructural ni funcionalmente equivalentes; diferencias detectables entre CTX-M-15 y CTX-M-33, variantes con identidad del 99,66%, demuestran que la sustitución puntual Asp109Ser reduce la afinidad por ácido clavulánico, hallazgo concordante con datos experimentales previos sobre menor susceptibilidad a inhibidores de β -lactamasas.

O-055

Desempeño diagnóstico y validación en condiciones reales en un hospital colombiano de la prueba rápida modificada para detección del efecto inóculo a cefazolina

Ibarra-Vásquez L, Carvajal L, Velásquez M, Ordoñez K, Rincón-Núñez S, Arias C, Reyes-Manrique J.
Universidad El Bosque; Hospital Universitario San Jorge de Pereira; Pontificia Universidad Javeriana; Houston Methodist.
Bogotá
libarrav@unbosque.edu.co

Introducción. Efecto inóculo a cefazolina (CzIE) es un fenotipo no identificado rutinariamente en laboratorios clínicos, que puede limitar el uso de cefazolina en infecciones severas por *S. aureus* susceptible a meticilina (MSSA).

Recientemente, se desarrolló una prueba rápida modificada, con nitroceftina para identificación del CzIE. Sin embargo, su desempeño diagnóstico no ha sido validado en un entorno clínico real. **Objetivos.** Evaluar el rendimiento de la prueba rápida modificada para identificar el CzIE en el laboratorio de Microbiología de un hospital colombiano. **Materiales y métodos.** Estudio experimental, transversal y comparativo realizado en el laboratorio de microbiología de un hospital de tercer nivel en Pereira, (Risaralda). Se evaluaron 50 aislamientos de MSSA provenientes de hemocultivos (2024–2025), que fueron previamente recolectados de pacientes de esta institución. Se incluyeron controles: TX0117 (+CzIE) y ATCC 29213 (–CzIE). La caracterización del CzIE se realizó por microdilución frente a cefazolina con alto inoculo bacteriano (estándar de oro), y la prueba rápida modificada, en el laboratorio de referencia UGRA. Posteriormente un bacteriólogo del hospital, previamente entrenado, realizó una evaluación ciega de la prueba en el laboratorio de Microbiología del hospital. Se estimaron: sensibilidad, especificidad, exactitud diagnóstica y concordancia (Kappa). **Resultados.** Prevalencia de CzIE fue 30% (n=15/50). En el laboratorio de microbiología, la prueba mostró sensibilidad 87%, especificidad 77% y exactitud 80%. En contraste, en el laboratorio de referencia, la sensibilidad fue 93%, especificidad 89% y exactitud 90%. Adicionalmente, se observó un alto nivel de concordancia de la prueba entre ambos escenarios (Kappa=0,707). **Conclusiones.** La prueba rápida modificada mantuvo un alto desempeño para la detección del CzIE en un entorno clínico real en Colombia, respaldando su potencial implementación en los laboratorios de microbiología. NIH grant R01AI173138.

O-056

Diversidad genética y dinámica evolutiva de *Klebsiella pneumoniae* portadora de blaKPC: descifrando la complejidad clonal presente en un hospital de cuarto nivel en Bogotá

Acosta-Corredor L, Pedraza-Martínez M, Arias-Bonilla J, Rincón-López J, Maldonado-Lara E, Prieto-Garzón L, Celis-Ramírez A, Vives-Flórez M.

Universidad de los Andes; Hospital Universitario Mayor Méderi, Bogotá

lv.acostac@uniandes.edu.co

Introducción. En Colombia, *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos (CRKP) es un patógeno prioritario de epidemiología compleja, marcada por linajes de alto riesgo y producción de carbapenemasas. La WGS permite caracterizar resistoma, viruloma y relaciones clonales, lo que cobra relevancia especialmente para hospitales no incluidos en estudios multicéntricos. **Objetivos.** Determinar la distribución de genes de resistencia y virulencia en aislamientos CRKP de UCI y hospitalización del Hospital Méderi, y ubicarlos en la diversidad genómica regional reciente. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo bioinformático de 20 aislamientos CRKP de hemocultivos del Hospital Universitario Mayor Méderi, seleccionados de 73 por diversidad clonal, resistencia atípica y variantes KPC. La secuenciación se realizó con Oxford Nanopore Technologies; los genomas fueron ensamblados, pulidos y tipificados con Kaptive/3.2.0 y Pathogenwatch. Resistoma/viruloma se caracterizaron con Kleborate/3.4.2 y VFDB, y replicones con PlasmidFinder/2.0.1. La filogenómica comparativa se hizo con Parsnp usando genomas públicos de CRKP de Bogotá (2018–2025). **Resultados.** En los primeros 10 aislamientos se identificaron cinco ST: ST236/ST1082 predominaron en hospitalización, ST17 fue exclusiva de UCI y ST13/ST307 estuvieron en ambas unidades. El resistoma fue multiresistente: blaTEM-1_ y blaOXA-1_ fueron las betalactamasas más frecuentes, y ST307 presentó coproducción KPC+NDM-1. La combinación aac (3)-IIa_ + aac (6')-Ib-cr_ fue característica, con resistencia a fluoroquinolonas reforzada por mutaciones QRDR en ST307. El viruloma basal incluyó fimbrias tipo 1/3, genes capsulares y enterobactina; solo dos aislamientos portaron yersinia-bactina, sin otros marcadores de hipervirulencia convergente. Predominaron IncFIB(K) e IncFII(K) en el 100%, junto con ColRNAI, IncFIB(pQil) e IncC. **Conclusiones.** Los aislamientos de *K. pneumoniae* muestran alta diversidad clonal y genómica, representada por la circulación de cinco linajes de alto riesgo; multiresistencia asociada a plásmidos y un viruloma compatible con adaptación hospitalaria, resaltando la necesidad de vigilancia genómica por WGS en instituciones individuales.

VIH

O-057

Barreras para la implementación de la profilaxis postexposición (PEP) en víctimas de violencia sexual notificadas al sistema nacional de vigilancia en salud pública (SIVIGILA) en Risaralda en 2025, Colombia

Hernández-Correa K, Ordóñez-Díaz K, Colorado-Barrios K.

Secretaría Departamental de Salud de Risaralda.

Pereira

karenmelissao@gmail.com

Introducción. La PEP constituye una intervención efectiva para reducir el riesgo de infección por VIH, hepatitis B y otras infecciones de transmisión sexual (ITS) después de una agresión sexual, siempre que se implemente de acuerdo con los lineamientos vigentes. **Objetivos.** Identificar las principales barreras para la implementación de la PEP en víctimas de violencia sexual en Risaralda. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo de auditoría de calidad. Se realizó una búsqueda de los casos notificados al SIVIGILA correspondientes al evento 875 "Violencia de género e intrafamiliar", numeral 6 (violación). A partir de 160 registros se solicitaron las historias clínicas y se revisaron 82 casos. Se evaluó la pertinencia de apertura del kit de violencia sexual, la oportunidad de consulta, la profilaxis para VIH y hepatitis B, la anticoncepción de emergencia, el seguimiento clínico y la prescripción médica. La información fue registrada en Microsoft Excel® y analizada mediante frecuencias y proporciones. Los hallazgos fueron retroalimentados al Comité Departamental de ITS. **Resultados.** 24 (29,3%) pacientes consultaron después de las 72 horas al evento. Veintiocho (34,1%) correspondieron a relaciones sexuales consentidas en menores de 14 años, controles prenatales o consultas de planificación familiar. Treinta pacientes (36,6%) presentaron indicación de apertura del kit. En estos casos, la adherencia fue de 96,7% para prueba de VIH, 90,0% para hepatitis B y 83,3% para formulación de antirretrovirales. La prescripción adecuada se documentó únicamente en 10 casos (33,3%), mientras que 20 (66,7%) presentaron errores en la formulación o ausencia de profilaxis. Las principales fallas correspondieron a esquemas no recomendados, profilaxis incompleta para hepatitis B y ausencia de seguimiento posterior. Las instituciones privadas presentaron una mayor proporción de adherencia que las públicas (50% vs. 14,3%, p = 0,05). **Conclusiones.** La consulta tardía y las deficiencias en la adherencia institucional al protocolo constituyeron las principales barreras para la implementación efectiva de la PEP.

O-058

Diferenciación entre histoplasmosis diseminada y tuberculosis en pacientes con VIH avanzado: cohorte comparativa multicéntrica en Colombia

Arango A, Duque-Duque P, Barrera-Escobar S, Villegas-Marín M, Serna L, Escalante S, Jaramillo-Heredia A, Calvache-Castro H, Villa-Franco P, Valderrama-Beltrán S, Gualterio-Trujillo S, Negrete-Spach C, Arboleda-Guerra S, Trompa-Romero I, Hoyos-Pulgarín J.

Departamento de Cuidado Crítico, Clínica Las Américas; Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia; Departamento de Infectología, Pontificia Universidad Javeriana; Facultad de Medicina, Universidad Pontificia Bolivariana; Departamento de Medicina Interna, Universidad Pontificia Bolivariana; Departamento de Medicina Interna, Universidad Tecnológica de Pereira; Departamento de Infectología, Hospital Pablo Tobón Uribe; Departamento Medicina Interna, Pontificia Universidad Javeriana; Sección de Enfermedades Infecciosas; Departamento de Infectología, Universidad Tecnológica de Pereira.

Cartagena

pedro.duque@udea.edu.co

Introducción. La tuberculosis (TB) y la histoplasmosis diseminada comparten una carga de mortalidad comparable en personas con VIH en Colombia y América Latina. Su diferenciación clínica representa un reto mayor dado el amplio solapamiento de síntomas y hallazgos imagenológicos, lo que frecuentemente retrasa el diagnóstico y empeora el pronóstico. **Objetivos.** Identificar las características clínicas, de laboratorio e imagenológicas que discriminan de forma independiente la histoplasmosis diseminada de la tuberculosis en pacientes con VIH. **Materiales y métodos.** Se realizó una cohorte retrospectiva multicéntrica en cinco hospitales de tercer nivel de Colombia (Medellín, Pereira y Bogotá) entre enero de 2014 y diciembre de 2024. Se incluyeron adultos con VIH confirmado en quienes se solicitó antígeno urinario de *Histoplasma* por sospecha clínica, y que recibieron diagnóstico definitivo de histoplasmosis di-

seminada (antigenuria, cultivo, histopatología o PCR) o tuberculosis (cultivo, baciloscopia o PCR), excluyendo diagnósticos simultáneos o previos de ambas entidades. Para el análisis comparativo se emplearon regresión logística bivariable y un modelo multivariado con eliminación hacia atrás, tomando histoplasmosis como desenlace. **Resultados.** Se incluyeron 451 pacientes: 216 con histoplasmosis diseminada y 235 con tuberculosis. En el modelo multivariado, seis variables se asociaron de forma independiente con histoplasmosis: micronódulos o patrón miliar (OR 17,38; IC95% 4,43–96,24), neutrófilos $< 3.000/\mu\text{L}$ (OR 6,01; IC95% 2,47–15,71), LDH $> 385 \text{ U/L}$ (OR 4,10; IC95% 1,52–11,80), trombocitopenia $< 150.000/\mu\text{L}$ (OR 3,44; IC95% 1,39–8,89), CD4 $< 50 \text{ células}/\mu\text{L}$ (OR 3,29; IC95% 1,28–8,96) y hepatoesplenomegalia (OR 3,27; IC95% 1,24–9,18). La linfadenopatía en imágenes (OR 0,37; IC95% 0,15–0,91) y la disnea (OR 0,28; IC95% 0,09–0,80) se asociaron independientemente con tuberculosis. **Conclusiones.** Los micronódulos o patrón miliar, la neutropenia, la trombocitopenia, la elevación de LDH, el CD4 $< 50 \text{ células}/\mu\text{L}$ y la hepatoesplenomegalia fueron los hallazgos más discriminatorios para histoplasmosis, mientras que la linfadenopatía en imágenes y la disnea se asociaron con tuberculosis.

O-059

Envejecimiento y multimorbilidad en personas que viven con VIH: comparación entre adultos ≥ 50 años y menores de 50 años en una cohorte colombiana

Arévalo-Mora L, Fontalvo A, Romero P, Quintero L, Sutachan Y, Martínez P, Pinzon L, Duarte M, Albino C, Africano J, Yela L, Ortiz N, Vera J, Mantilla F, Sussmann O.

Infectoclínicos IPS.

Bogotá

larevalom79@hotmail.com

Introducción. La terapia antirretroviral ha transformado el VIH en una condición crónica de larga supervivencia, aumentando progresivamente la proporción de personas mayores de 50 años. Este cambio plantea nuevos desafíos relacionados con multimorbilidad, enfermedad cardiovascular y deterioro orgánico. **Objetivos.** Comparar las características clínicas, y de multimorbilidad entre personas que viven con VIH de más y menos de 50 años, e identificar el efecto independiente de la edad sobre comorbilidades. **Materiales y métodos.** Estudio observacional analítico de corte transversal realizado en 4.513 personas con VIH atendidas en una IPS especializada de Colombia con corte a mayo de 2026. Se compararon variables clínicas, inmunológicas y comorbilidades entre grupos etarios (< 50 y ≥ 50 años) mediante pruebas U de Mann-Whitney y χ^2 . Los factores asociados a enfermedad renal crónica (ERC), enfermedad coronaria y multimorbilidad fueron evaluados mediante regresión logística, ajustando por sexo y tiempo con VIH. **Resultados.** De los 4.513 participantes, 1.381 (30,6%) tenían 50 años o más. Los adultos mayores presentaron mayor tiempo con VIH (16vs9 años), mayor tiempo en terapia antirretroviral (15vs8 años), mayor frecuencia de diagnóstico tardío (74,3%vs 1,7%) y enfermedad avanzada al diagnóstico (52,5% vs 32,5%) ($p < 0,001$ para todas las comparaciones). A pesar de ello, alcanzaron una mayor supresión virológica (< 50 copias/mL) en comparación con los menores de 50 años (95,5% vs 91,7%; $p < 0,001$), aunque con menores recuentos actuales de CD4 ($605 \text{ vs } 703 \text{ células}/\mu\text{L}$; $p < 0,001$). La multimorbilidad fue casi tres veces más frecuente en los adultos mayores (17,8%vs6,2%; $p < 0,001$). En los modelos ajustados, cada década adicional de edad incrementó el riesgo de ERC (OR 2,28; IC95% 1,86–2,79), enfermedad coronaria (OR 3,08; IC95% 2,27–4,18) y multimorbilidad (OR 1,47; IC95% 1,34–1,62). **Conclusiones.** Aunque los adultos mayores presentan mejor control virológico, concentran una carga significativamente superior de multimorbilidad, enfermedad renal y enfermedad cardiovascular. La edad constituye un determinante independiente y robusto de estos desenlaces, incluso después de ajustar por sexo y duración de la infección. Estos hallazgos respaldan la transición hacia modelos de atención geriátrico-infectológica integrado.

O-060

Utilidad diagnóstica del antígeno de lipoarabinomanano en pacientes con sintomatología neurológica y coinfección tuberculosis/vih en Santander, Colombia

Núñez-Delgado H, Solano-Mosquera A, Pérez-Acevedo K, Margarita-Gélvez R, Figueroa-Pineda C, Marina-Rojas E.

Universidad Industrial de Santander; Centro de Atención y Diagnóstico de Enfermedades Infecciosas; CDI S.A.S., Fundación Infovida.

Bucaramanga

heydacnd@gmail.com

Introducción. Las manifestaciones neurológicas son frecuentes en personas que viven con VIH y pueden relacionarse con múltiples etiologías. Entre estas, la tuberculosis constituye una importante causa de morbilidad y su diagnóstico es un desafío; por esto, la detección urinaria del antígeno lipoarabinomanano (LAM) ha surgido como una herramienta diagnóstica rápida y de fácil implementación. Sin embargo, la evidencia regional sigue siendo escasa. **Objetivos.** Describir el perfil clínico de personas con VIH y sintomatología neurológica, evaluando el desempeño diagnóstico del LAM. **Materiales y métodos.** Estudio transversal en adultos con VIH y sospecha de tuberculosis (marzo/2025-febrero/2026). Se analizaron pacientes con sintomatología neurológica, excluyendo gestantes y aquellos en tratamiento antituberculoso. Se realizó LF-LAM, cultivo y PCR, se utilizó análisis descriptivo mediante frecuencias, porcentajes y medidas de tendencia central. Estudio aprobado por los comités de ética. **Resultados.** Se incluyeron 40 pacientes, con mediana de edad de 38 años y marcada inmunosupresión (CD4 mediano: 74 células/ μL ; 80,0% $< 200 \text{ células}/\mu\text{L}$); el 72,5% eran hombres. Los síntomas más frecuentes fueron cefalea (52,5%), fiebre (57,5%), pérdida de peso (45,0%), alteración del estado de conciencia (27,5%), convulsiones (22,5%) y vómitos (22,5%). Se confirmaron 9 casos (22,5%) de tuberculosis; GeneXpert fue positivo en 8/9 (88,9%) y LAM en 6/9 (66,7%), sin casos detectados por baciloscopia. El LAM presentó una sensibilidad del 75,0%, especificidad del 93,5% y AUC de 0,80. La mortalidad por TB/VIH fue del 33%, con positividad de LAM en todos los fallecidos. **Conclusiones.** En pacientes con VIH y sintomatología neurológica, la tuberculosis representó una causa importante de enfermedad. El LAM mostró un desempeño diagnóstico favorable, el cual sumado a su rapidez y carácter no invasivo, apoya su potencial utilidad clínica. Estudios con mayor tamaño muestral son necesarios para validar y definir su papel diagnóstico/pronóstico.

O-061

Factores asociados con el bajo peso al nacer en hijos de gestantes viviendo con VIH en una cohorte colombiana, 2020–2024

Alzate-Ángel J, Posada M, Pardo-Rada J, Mueses-Marín H, González C, García M, Franco J, Mantilla M, Arévalo-Mora L, Montero L, Alzamora D, Valderrama-Beltrán S, Sussmann-Peña O, Andrade J, Hernández B, Martínez-Buitrago E.

Grupo Vihcol; Universidad de Antioquia; Corporación de Lucha Contra el Sida; SIES Salud; Virrey Solís; Infectoclínicos; Todomed; Vivir Bien; Hospital Universitario San Ignacio; Asistencia Científica; Universidad del Valle.

Medellín

jcarlos.alzate@udea.edu.co

Introducción. El bajo peso al nacer en hijos de gestantes viviendo con VIH puede reflejar complicaciones obstétricas y exposición antirretroviral. **Objetivos.** Identificar factores asociados con bajo peso al nacer en hijos de gestantes viviendo con VIH en una cohorte colombiana. **Materiales y métodos.** Análisis secundario de una cohorte observacional retrospectiva de gestantes viviendo con VIH atendidas en Colombia entre 2020 y 2024. Se incluyeron registros con peso al nacer disponible. El desenlace fue bajo peso, definido como peso $< 2500 \text{ g}$. Se compararon variables obstétricas, inmunoviroológicas y terapéuticas. Se ajustaron dos modelos de regresión logística: prenatal y con nacimiento pretérmino < 37 semanas, incluyendo el tercer antirretroviral. **Resultados.** En 345 registros, 59 recién nacidos presentaron bajo peso (17,1%). El bajo peso fue más frecuente en nacimiento pretérmino (49,2% vs. 6,7%), complicaciones gineco-obstétricas (32,2% vs. 9,9%) y preeclampsia (16,9% vs. 3,5%). No hubo diferencias relevantes en carga viral $\geq 1000 \text{ copias/mL}$ ni en supresión $< 200 \text{ copias/mL}$. En el modelo prenatal, la preeclampsia se asoció con bajo peso (ORa 7,30; IC95% 2,61–21,0), al igual que ITRNN frente a inhibidores de proteasa (ORa 3,13; IC95% 1,28–7,76). Al incluir nacimiento pretérmino, este fue el principal factor asociado (ORa 9,92; IC95% 4,74–21,2); la preeclampsia mantuvo asociación independiente (ORa 3,25; IC95% 1,08–9,66). **Conclusiones.** El bajo peso se asoció principalmente con el nacimiento pretérmino y la preeclampsia, sin evidencia de asociación con falta de supresión virológica o la clase del tercer antirretroviral.

O-062

Más allá de la cronicidad. determinantes críticos de mortalidad en pacientes con VIH en la unidad de cuidados intensivos: estudio de casos y controles

Salazar-Otola N, Sandoval L, Cañadas-Aragón C, Oñate-Gutiérrez J, Vergara-Samur H.

Clínica Colsanitas; Clínica Sebastián de Belalcázar; Unidad de Investigación, Grupo One Health Infecciosas, Fundación Universitaria Sanitas. Bogotá

dr.hernan.vergara@gmail.com

Introducción. La terapia antirretroviral cambió el pronóstico del VIH hacia la cronicidad, pero la necesidad de caracterizar la mortalidad crítica actual sigue siendo imperativa ante la escasez de datos locales recientes. **Objetivos.** Determinar los factores de riesgo asociados a la mortalidad intrahospitalaria en pacientes con VIH admitidos en la unidad de cuidados intensivos (UCI) de cuatro clínicas colombianas entre 2013 y 2023. **Materiales y métodos.** Estudio observacional de casos y controles (35 fallecidos y 24 sobrevivientes) en adultos con diagnóstico de VIH ingresados a UCI. Se excluyeron gestantes y registros sin niveles de linfocitos CD4+. Se calcularon Odds Ratios (OR) con sus respectivos intervalos de confianza del 95% (IC95%) mediante regresión logística univariable y multivariable para evaluar la asociación con la mortalidad intrahospitalaria. **Resultados.** Se analizaron 59 registros, documentando una mortalidad global del 59,3%. El principal motivo de ingreso fue de etiología infecciosa (84,7%). En el análisis estadístico univariable, la falla ventilatoria demostró una fuerte asociación significativa con la mortalidad (OR: 5,77; IC95%: 1,85–18,02; $p=0,002$), mientras que la elevación de deshidrogenasa láctica (LDH) evidenció una marcada tendencia de riesgo (OR: 2,88; IC95%: 0,95–8,69; $p=0,059$). El choque clínico, el uso de vasopresores y la ventilación mecánica invasiva (VMI) se comportaron como predictores perfectos de mortalidad en el grupo de casos, ausentes en su totalidad dentro del grupo control. Al evaluar la severidad clínica, cada punto incremental en la escala APACHE II aumentó significativamente el riesgo de muerte (OR: 1,31; IC95%: 1,12–1,53; $p=0,0005$). **Conclusiones.** La mortalidad en UCI de pacientes con VIH es elevada. Se asocia de manera crítica al incremento en el score APACHE II, la falla ventilatoria intercurrente y la instauración de choque refractario que amerita soporte orgánico avanzado invasivo.

O-063

¿Las mujeres se diagnostican más tarde con VIH? asociación entre sexo y diagnóstico tardío de VIH: análisis transversal en una cohorte especializada de Colombia, 1993–2026

Arévalo-Mora L, Morales F, Hernández B, Sussmann O.
Infectoclínicos IPS.
Bogotá
larevalom79@hotmail.com

Introducción. Diversos estudios sugieren que las mujeres podrían ser diagnosticadas con VIH en estadios más avanzados debido a menor percepción de riesgo, menor acceso a estrategias de tamizaje y oportunidades diagnósticas limitadas fuera del contexto prenatal. Sin embargo, la evidencia sobre el efecto independiente del sexo en el diagnóstico tardío continúa siendo inconsistente, especialmente en Latinoamérica. **Objetivos.** Determinar si las mujeres son diagnosticadas en estadios más avanzados de la infección por VIH en comparación con los hombres, mediante la evaluación de diferencias en recuento de CD4, carga viral, frecuencia de diagnóstico tardío y enfermedad avanzada al momento del diagnóstico. **Materiales y métodos.** Estudio transversal analítico realizado en una cohorte clínica de 4.513 personas viviendo con VIH atendidas en una IPS especializada de Colombia entre 1993 y 2026. Se compararon variables demográficas, inmunológicas y virológicas según sexo. Se definió diagnóstico tardío como $CD4 < 350$ células/mm³ y enfermedad avanzada como $CD4 < 200$ células/mm³. Se realizaron análisis bivariados y modelos de regresión logística multivariada ajustados por edad, año de diagnóstico, mecanismo de transmisión y entidad reportante. **Resultados.** Se incluyeron 390 mujeres (8,6%) y 4.123 hombres (91,4%). Las mujeres presentaron mayor edad al diagnóstico (49vs.40 años; $p < 0,001$), menor mediana de CD4 (216vs.267 células/mm³; $p=0,004$), mayor frecuencia de enfermedad avanzada (47,4%vs.37,2%; OR=1,52; IC95%:1,19–1,95; $p=0,001$) y mayor proporción de estadio Sida (54,3%vs.45,7%; $p=0,005$). La frecuencia de diagnóstico tardío fue superior en mujeres (69,3%vs.64,8%), sin alcanzar significancia estadística ($p=0,148$). Tras el ajuste multivariado, el sexo femenino no se asoció independientemente con diagnóstico tardío (ORa=0,98; IC95%:0,75–1,30) ni con enfermedad avanzada (ORa=1,12; IC95%:0,87–1,46). **Conclusiones.** La mayor severidad inmunológica al diagnóstico en mujeres se explica por su mayor edad y por la estructura de población clave de la cohorte (predominio de HSH diagnosticados jóvenes por tamizaje dirigido), no por un efecto independiente del sexo. El hallazgo sugiere brechas en las rutas de tamizaje para mujeres y población general.

O-064

Resultados clínicos y económicos de la optimización de TAR con TAF/FTC/BIC en personas viviendo con VIH mayores de 50 años: estudio retrospectivo 2024-2025 en un programa nacional de atención integral

Mantilla-Suárez M, Fontal-Urueña L, Gómez-Puentes Y.
Virrey Solís IPS.
Bogotá
omca70@yahoo.com

Introducción. Algunas PVV siguen recibiendo esquemas terapéuticos iniciados años atrás, que aunque han mantenido un éxito virológico no deberían usarse en personas mayores de 50 años que tienen polifarmacia, alteraciones metabólicas, óseas o renales. En ellos se debe evaluar la optimización del TAR, buscando esquemas de menos tabletas, menos interacciones y menos riesgo de toxicidad sin que se afecte el éxito virológico que traen. **Objetivos.** Evaluar retrospectivamente los resultados clínicos y económicos de una estrategia de optimización de TAR con TAF/FTC/BIC en PVV mayores de 50 años. **Materiales y métodos.** Se buscaron los registros de dispensaciones de TAF/FTC/BIC entre el 01 de enero 2024 y el 30 de noviembre del 2025 y se seleccionaron las dispensaciones realizadas a personas mayores de 50 años. **Resultados.** Se encontraron 148 PVV mayores de 50 años que fueron simplificadas a TAF/FTC/BIC en el periodo de estudio y que venían recibiendo un esquema de un mayor costo. Los esquemas de mayor costo que fueron simplificados fueron aquellos que contenían ETV, DRV/r, RAL, DTG a doble dosis. El ahorro anual con esta estrategia de optimización de TAR fue de \$189.131.518 para la institución, con una diferencia estadísticamente significativa entre el costo mes previo vs el costo mes a las 24 semanas posterior al cambio ($P < 0,0001$). La carga viral permaneció indetectable en el 95% de los casos a las 24 semanas (+/- 8 semanas). **Conclusiones.** La optimización de TAR en PVV mayores de 50 años realizada en el año 2024 y 2025 en un programa nacional de atención integral, fue una estrategia segura que logró reducir el número de tabletas diarias, las interacciones medicamentosas y los posibles efectos adversos y toxicidades futuras, permitiendo además un ahorro financiero anual importante para la empresa manteniendo buenos resultados virológicos y clínicos.

Medicina tropical y parasitología

O-065

Parques públicos como reservorios de parásitos con potencial zoonótico: análisis espacial mediante sistemas de información geográfica en Bucaramanga, Colombia

Vega-Porras J, Vega-Porras A, Riveros-Villamizar E, Flórez-Torres J, Silva-Sepúlveda J, Sierra-Balcarcel R.
Universidad Industrial de Santander; Universidad Francisco José de Caldas.
Bucaramanga
nico.vegaporras@gmail.com

Introducción. Los parques públicos urbanos constituyen espacios de interacción entre humanos, animales de compañía y el ambiente, donde existen condiciones favorables para la circulación de parásitos gastrointestinales con potencial zoonótico. La contaminación de heces caninas puede dispersar formas infectantes y aumentar el riesgo de exposición. Sin embargo, en Bucaramanga la información sobre su distribución espacial es limitada. La incorporación de Sistemas de Información Geográfica en la vigilancia de zoonosis permite identificar patrones de distribución y áreas prioritarias para la prevención y control de enfermedades zoonóticas. **Objetivos.** Determinar la presencia y distribución espacial de parásitos gastrointestinales con potencial zoonótico en parques urbanos y comunas de Bucaramanga. **Materiales y métodos.** Entre junio y diciembre de 2025 se realizó un estudio descriptivo-comparativo en 10 parques públicos distribuidos en 9 comunas de Bucaramanga. Se analizaron 144 muestras fecales frescas de perros con propietario mediante examen coproparasitológico directo. El análisis espacial se realizó mediante estimación de densidad de Kernel, generando mapas de calor para cada parque evaluado y un mapa de densidad de ocurrencia parasitaria de las comunas de Bucaramanga, elaborados en ArcGIS® Pro3.5.1. **Resultados.** El 100% de las comunas presentó contaminación parasitaria. Del total de muestras analizadas, el 52,8% (76/144) resultó positivo para al menos un parásito gastrointestinal y el 12,5% (18/144) evidenció coinfección. Se identificaron es-

pecies de importancia en salud pública, entre ellas *Toxocara canis*, *Giardia* sp y *Ancylostoma caninum*. El análisis espacial permitió identificar focos de concentración parasitaria en los parques evaluados. Asimismo, la comuna 3 (San Francisco) presentó la mayor proporción de muestras positivas respecto al total de muestras recolectadas. **Conclusiones.** Los parques urbanos de Bucaramanga constituyen reservorios ambientales de parásitos gastrointestinales con potencial zoonótico. Se identificaron focos de concentración parasitaria y diferencias en la distribución de los hallazgos entre comunas, aportando evidencia inédita para la vigilancia epidemiológica.

O-066

Increased risk of severe dengue during pregnancy: a case-case study using national surveillance data from Colombia, 2013 to 2023

Cardona-Ospina J, Acevedo-López D, Rojas-Gallardo D, Collins M, Rodríguez-Morales A.

School of Public Health, University of California, USA; Center for Infectious Diseases, Houston Methodist Research Institute, USA; Institución Universitaria Visión de las Américas; Division of Infectious Diseases, Emory University School of Medicine, USA.
Pereira
ajrodriguezmm@gmail.com

Introduction. Dengue is a leading cause of febrile illness during epidemics in endemic countries, and women of reproductive age account for a substantial proportion of cases. Although adverse maternal-fetal outcomes have been reported during dengue infection, the extent to which pregnancy-associated immunological adaptations influence the risk of severe disease remains poorly understood, and population-level evidence quantifying this risk is limited. **Objectives.** To assess whether pregnancy is associated with an increased risk of severe dengue. **Materials and methods.** We performed a case-case study among women of reproductive age with dengue, comparing severe versus non-severe cases using national dengue surveillance data from Colombia (2013–2023). Descriptive analyses characterized the occurrence of dengue among the general population, women of reproductive age (15–49 years), and pregnant women. To evaluate pregnancy as a risk factor for disease severity, we fitted mixed-effects logistic regression models to estimate adjusted odds ratios (aORs) for severe dengue, adjusting for age and accounting for geographic heterogeneity. **Results.** Among 924,616 reported dengue cases, 186,414 (20.2%) occurred in women of reproductive age, including 5,765 (3.1%) during pregnancy. Severe dengue occurred in 1.3% of non-pregnant women of reproductive age compared with 3.2% of pregnant women. After adjustment for age and geographic heterogeneity, pregnancy was associated with higher odds of severe dengue (aOR 2.48, 95%CI 1.6–3.8). This increased risk was consistent across departments and age strata. **Conclusions.** Pregnant women with dengue have a substantially higher risk of severe disease compared with non-pregnant women of reproductive age. These findings underscore the need for heightened clinical vigilance, early monitoring, and timely management of dengue during pregnancy, and support prioritizing pregnant patients in clinical risk stratification and surveillance strategies in endemic and epidemic settings.

O-067

Seroprevalencia de Hantavirus y leptospirosis en pacientes con síndrome febril agudo, Corozal, Sucre 2025

Vergara-Díaz M, Arrieta G, Miranda J, Tique-Salleg V, Brango E, Gastelbondo-Pastrana B, Mattar S.

Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico, Universidad de Córdoba; Laboratorio de Salud Pública, Secretaría de Salud Departamental, Montería
jluisiranda@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. *Leptospira* y Hantavirus son agentes zoonóticos transmitidos por roedores, de gran importancia epidemiológica mundial. Ambas son agentes causantes del síndrome febril agudo en el trópico colombiano. **Objetivos.** Determinar la seroprevalencia de leptospirosis y hantavirus en pacientes con síndrome febril agudo en Corozal, Sucre. **Materiales y métodos.** Los meses de marzo y agosto de 2025, se recolectaron 172 sueros de pacientes febriles en un centro asistencial de segundo nivel en Corozal (Sucre). La determinación de anticuerpos se realizó con ELISA IgG contra Hantavirus (Nova-Lisa ELISA Diagnostics Assays, Ref: 810286) que usa antígenos recombinantes de la nucleoproteína del Hantavirus y ELISA *Leptospira* IgG (NovaLisa ELISA Diagnostics Assays, Ref: LEPG0660) que utiliza antígenos de superficie celular

purificados. **Resultados.** El 52,9% de los sujetos fueron de sexo masculino, entre 6 meses-91 años. La seroprevalencia de Hantavirus fue del 4,1% (7/172), el 57,1% fueron del sexo masculino y el 42,8% femenino. Con respecto a la procedencia: 3 de los sujetos eran de Corozal, 1 de Betulia, 1 de Los Palmitos y 1 de Ovejas. Para *Leptospira* la seroprevalencia fue del 1,7% (2/172). Con respecto a la procedencia: 1 sujeto era de Corozal y el otro no reporta. El 90% de los sujetos presento fiebre, cefalea, mialgias y artralgias. El 67% (6/9) fueron diagnosticados en el centro clínico como Dengue (NS1+). **Conclusiones.** El análisis encontró una baja seroprevalencia de *Leptospira* pero una importante de hantavirus en pacientes con síndrome febril agudo. Los hallazgos del estudio muestran que ambos patógenos, podrían tener un rol importante en el síndrome febril agudo del municipio. El Dengue continúa siendo un grave problema de salud pública en el departamento de Sincelejo y Corozal. Los resultados contribuyen a fortalecer la vigilancia epidemiológica del síndrome febril en este territorio.

O-068

Velocidad de caída plaquetaria y hemoconcentración como predictores tempranos de choque por dengue: análisis dinámico estratificado por edad en una cohorte hospitalaria

Castro-Restrepo D, Toro-Gómez D, Tróchez-Lince L, Grijalva-Zuluaga D, Arias-Correal J, Rosso F.

Fundación Valle del Lili; Universidad Icesi.

Cali

david_castro_1999@outlook.com

Introducción. Aunque la monitorización de la extravasación plasmática sigue siendo el pilar clínico en el dengue, evaluar la cinética diaria de los parámetros hematológicos, más allá de sus valores estáticos aislados, podría ofrecer una mayor precisión pronóstica para anticipar el deterioro hemodinámico por grupo etario. **Objetivos.** Determinar la capacidad predictiva de la caída plaquetaria y el aumento del hematocrito en 24 horas para el desarrollo de choque hemodinámico, estratificando el riesgo por edades. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte retrospectivo en 891 pacientes internados por dengue en un centro de alta complejidad. Se analizaron >4.900 hemoграмas longitudinales. Se evaluaron umbrales de caída plaquetaria y aumento del hematocrito en 24 horas, respecto al soporte vasopresor. Se estratificó en cuatro grupos: ≤5 años, 6-17 años, 18-59 años y ≥60 años. **Resultados.** Al ingreso, presentaban una media de 4,6 días. El 12,7% de la cohorte total desarrolló choque. Se encontraron como umbrales de riesgo caída ≥50.000 plaquetas y aumento ≥3 puntos de hematocrito 24h. En adultos (18-59 años), un aumento ≥3 puntos de hematocrito cuadruplicó el riesgo de choque (22,7% vs. 6,4%; OR 4,31, p < 0,001), mientras que una caída ≥50.000 plaquetas lo incrementó significativamente (OR 2,61, p=0,005). En adultos mayores (≥60 años), superar ambos umbrales elevó el riesgo de choque por encima del 45%. En escolares y adolescentes (6-17 años), la hemoconcentración rápida triplicó el riesgo (OR 3,33, p=0,001). Por el contrario, en los ≤5 años, la hemoconcentración no demostró utilidad predictiva para el colapso hemodinámico (p=1,000). **Conclusiones.** La evaluación mediante umbrales rápidos, como la caída de ≥50.000 plaquetas y el aumento en ≥3 puntos del hematocrito en 24 horas, constituye una herramienta pronóstica valiosa. Su implementación optimiza la anticipación del choque, confirmando que la hemoconcentración veloz es un predictor crítico en adultos y niños ≥6 años, aunque resulta ser ineficaz en preescolares.

O-069

Identificación de parásitos en biopelículas asociadas a cuerpos de agua de diferentes zonas del departamento del Quindío

Carvajal J, Muñoz-Sánchez G, Grajales-Suaza A, Grajales-Suaza A, Montealegre J, Reyes-García J, Lora-Suárez F.

Universidad del Quindío.

Armenia

flora@uniquindio.edu.co

Introducción. Las biopelículas representan un desafío crítico para la salud pública debido a su capacidad para actuar como reservorios naturales de parásitos en sistemas de agua. Esta matriz los protege contra condiciones ambientales como la radiación UV, variaciones de pH, temperatura. Lo cual facilita la supervivencia de parásitos como *Giardia* y *Cryptosporidium*, convirtiéndose en una fuente de transmisión viable. **Objetivos.** Caracterizar parásitos en biopelículas mediante técnicas de microscopía y evaluar la presencia de parásitos en relación variables físico-química. **Materiales y métodos.** Muestreo: Se

realizaron raspados e hisopados en sistemas de agua lénticos. Procesamiento: Las muestras se transportaron en cadena de frío y se procesaron mediante el método modificado de concentración formol/éter del Laboratorio de parasitología. Análisis: Se utilizó microscopía para la identificación y herramientas estadísticas (R Studio) para realizar análisis de correlación de Spearman, Redundancia (RDA) y clustering (índice de Jaccard). **Resultados.** Se identificó parásitos como: *Strongyloides* spp., *Toxocara* spp., *Eimeria* spp., *Hymenolepis* spp., *Ascaris* spp., *Giardia* spp., *Cyclospora* spp y *Entamoeba* spp.. Se encontró que la temperatura ambiente tiene una mayor influencia sobre *Hymenolepis* spp., mientras que el pH del agua está correlacionado con la presencia de *Entamoeba* spp. El análisis mostró que los sitios de muestreo en Salento (antes y después de la bocatomía) presentan una composición de especies similar entre sí. **Conclusiones.** Las biopelículas actúan como reservorios efectivos de parásitos, funcionando como una fuente secundaria de contaminación del agua. Las variaciones en la composición parasitaria dependen de las condiciones ambientales locales y del grado de contaminación de cada zona.

O-070

Climate-driven yellow fever emergence in south America: a one health systematic review of ecological, entomological, and epidemiological evidence

Bonilla-Aldana D, Bonilla-Aldana J, Rodríguez-Morales A.
College of Medicine; Virology Group; Universidad El Bosque; Institución Universitaria Visión de las Américas; Korea University, Republic of Korea.
Pereira
ajrodriguezmmmd@gmail.com

Introduction. Yellow fever is a major re-emerging arboviral disease in South America. Recent outbreaks beyond traditional endemic areas have highlighted the potential influence of climate variability, environmental change, vector ecology, and non-human primate (NHP) dynamics on transmission. However, a comprehensive One Health synthesis of these relationships is lacking. **Objectives.** To systematically review the impact of climate change and climate-related environmental drivers on yellow fever transmission in South America, integrating evidence from human cases, mosquito vectors, NHP epizootics, environmental change, and predictive modeling studies. **Materials and methods.** A systematic review was designed in accordance with the PRISMA 2020 recommendations. Searches were planned in major bibliographic databases and grey literature sources. An initial evidence mapping identified epidemiological, ecological, entomological, wildlife, surveillance, spatial, and modeling studies evaluating associations between climatic and environmental factors and yellow fever outcomes. Evidence was synthesized within a predefined One Health framework. **Results.** Available evidence consistently identified temperature, precipitation, vegetation dynamics, land-cover change, and forest fragmentation as major determinants of yellow fever transmission. During the Brazilian outbreaks of 2016–2019, analyses including more than 2,200 human cases and 1,400 NHP epizootic events demonstrated significant associations between disease occurrence and temperature, precipitation, mammalian richness, vaccination coverage, forested landscapes, vector abundance, and human environmental footprint. Continental-scale models explained up to 66% of seasonal variation and 43% of interannual variation in transmission, identifying vegetation indices, land-cover characteristics, rainfall amplitude, and temperature as key predictors. Forest fragmentation, ecological corridors, and expanding forest–urban interfaces were also associated with increased viral circulation and spillover risk. **Conclusions.** Current evidence suggests that climate change amplifies yellow fever transmission through interconnected effects on vectors, NHP populations, ecosystems, and human exposure. Integrated One Health surveillance is essential to strengthen risk prediction, vaccination strategies, and outbreak preparedness in South America.

O-071

Secuenciación de nueva generación de amplicones multiplexados para la identificación y caracterización genética simultánea de cuatro parásitos intestinales

Morales-De La Pava L, Rangel-Arias D, Nieto-Clavijo C, Chaparro-Olaya J.
Universidad El Bosque.
Bogotá
limoralesp@unbosque.edu.co

Introducción. Las parasitosis intestinales representan un problema de salud pública, especialmente en niños e inmunosuprimidos. Sus efectos patogénicos o comensales podrían relacionarse con la diversidad genética parasitaria. Aunque la secuenciación de nueva generación permite su caracterización molecular, las limitaciones en la detección de algunas especies evidencian la necesidad de estrategias para caracterizar simultáneamente múltiples parásitos intestinales. **Objetivos.** Desarrollar y evaluar una estrategia basada en secuenciación de amplicones multiplexados para la identificación y genotipificación simultánea de *Blastocystis*, *Giardia intestinalis*, *Entamoeba histolytica* y *Cryptosporidium*. **Materiales y métodos.** Se estandarizó una estrategia de ocho PCRs para detectar dos blancos por parásito: el gen 18S y un gen específico de especie. Los ocho amplicones fueron clonados en plásmidos utilizados como controles positivos para determinar los límites de detección analítica. La estrategia se evaluó mediante mezclas experimentales de clones y muestras clínicas. Los productos de amplificación se emplearon para la construcción de librerías y secuenciación Illumina-MiSeq usando adaptadores P5/P7 e índices duales i5/i7. **Resultados.** Los ensayos mostraron límites de detección equivalentes a 2-5 parásitos para al menos uno de los blancos de cada especie. Las mezclas experimentales y muestras con coinfecciones no mostraron interferencia en la amplificación. La secuenciación generó lecturas para todos los amplicones analizados, con representación adecuada de todos los blancos. Aunque algunos amplicones presentaron menor abundancia relativa, la estrategia dual (18S/genotipificación) permitió mantener la detección y caracterización de los cuatro parásitos, incluyendo *G. intestinalis*, cuya recuperación suele ser limitada en aproximaciones similares. **Conclusiones.** La estrategia permitió la detección y genotipificación simultánea de los cuatro parásitos sin evidencia de inhibición ni pérdida crítica de representación de los blancos evaluados. Los resultados sugieren que los marcadores de genotipificación pueden aportar simultáneamente capacidad diagnóstica y resolución genética en estudios epidemiológicos y de coinfección parasitaria. Financiación: Fundación Banco de la República y Universidad El Bosque, Convenio No 5.216.

O-072

Abscesos hepáticos en adultos: experiencia descriptiva retrospectiva en un hospital de alta complejidad en Bogotá

Noches-Buelvas A, Morcillo-Muñoz J, Rodríguez-Lugo D, Motta-Valencia J, Cubides-Díaz D, Castro-Rojas O, Suárez-Silva D, Torres I, Gamboa-Ávila C, Medina-Lozano L.
Hospital Universitario Nacional; Hospital Universitario Departamental de Nariño; Hospital Universitario Méderi; Universidad Nacional de Colombia; Clínica La Colina; Clínica del Country; Pontificia Universidad Javeriana; Universidad Militar Nueva Granada; Hospital Militar Central; Hospital Simón Bolívar, Subred Integrada de Servicios de Salud Norte E.S.E.
Bogotá
lemedinal@una.edu.co

Introducción. El absceso hepático es una infección focal del parénquima hepático, generalmente de origen piógeno o amebiano, asociada con importante morbimortalidad y manifestaciones clínicas inespecíficas. **Objetivos.** Caracterizar los abscesos hepáticos en adultos atendidos en un hospital de cuarto nivel en Bogotá, describiendo variables sociodemográficas, clínicas, microbiológicas y terapéuticas. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo y retrospectivo de una cohorte de pacientes mayores de 18 años con diagnóstico de absceso hepático atendidos en el Hospital Militar Central entre enero de 2015 y diciembre de 2025. **Resultados.** Se incluyeron 240 pacientes, de los cuales el 83,1% eran hombres y el 60,2% militares activos. La mediana de edad fue de 38 años (RIC: 28–62) y la duración de los síntomas antes de la consulta fue de 7 días (RIC: 3–10). La diabetes mellitus fue la comorbilidad más frecuente (17,8%) y el 19% presentó patología abdominal concomitante. Los síntomas predominantes fueron fiebre (81,4%) y dolor abdominal (74,6%), mientras que el 28,8% presentó derrame pleural. El 73,7% tuvo absceso único y el 81,4% se localizó en el lóbulo hepático derecho. El 23,8% desarrolló sepsis o choque séptico. La etiología fue piógena en el 61%, amebiana en el 6,8% y no discriminada en el 32,2%. *Klebsiella pneumoniae* fue el microorganismo aislado con mayor frecuencia en cultivos de drenaje (11,9%). El 83% recibió metronidazol, generalmente en combinación con otros antimicrobianos. La mediana de duración del tratamiento fue de 21 días (RIC: 15–32). El 87,3% fue sometido a drenaje, principalmente percutáneo (83,1%). El ingreso a UCI ocurrió en el 16,1%, la mortalidad fue del 1,7% y el reingreso del 2,5%. **Conclusiones.** Predominaron los abscesos hepáticos piógenos, únicos y localizados en el lóbulo derecho. El manejo combinado con drenaje percutáneo y terapia antimicrobiana se asoció con desenlaces favorables y baja mortalidad, constituyendo una de las mayores series colombianas reportadas hasta la fecha.

Resistencia bacteriana

O-073

Costo medico directo intrahospitalario de infecciones por enterobacterias resistentes a carbapenémicos en Colombia: análisis basado en costeo por episodio

Castro-García P, Moreno-Salas M, Leal-Castro A.
Fundación Santa Fe de Bogotá; Universidad Nacional.
Bogotá
bklv89@gmail.com

Introducción. Las infecciones por enterobacterias resistentes a carbapenémicos (ERC) generan alta morbilidad y un uso intensivo de recursos hospitalarios, con escasa evidencia sobre costos por episodio en países de ingresos medios. **Objetivos.** Estimar el costo médico directo intrahospitalario por episodio de infecciones por ERC en Colombia mediante un modelo basado en costos diarios. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de modelización económica tipo costo por episodio desde la perspectiva del sistema de salud colombiano. Se incluyeron episodios de infección clínica por ERC en pacientes hospitalizados, con o sin ingreso a UCI. El modelo se basó en costos diarios de hospitalización general y UCI (incluyendo estancia, interconsultas y terapia antibiótica). Los parámetros se obtuvieron de datos institucionales, literatura y consenso de expertos. Se aplicó un factor de corrección para costos no capturados y se realizaron análisis de sensibilidad determinísticos y probabilísticos. **Resultados.** El costo diario de terapia antibiótica fue de \$1.308.189 COP. El costo de atención por episodio fue de \$13.886.880 en pacientes manejados exclusivamente en hospitalización general y de \$45.046.670 en aquellos que requirieron cuidado intensivo. Dado que solo una proporción de los pacientes necesita UCI, el costo esperado fue de \$26.350.796, aumentando \$40.611.593 tras ajuste. En el análisis probabilístico, el costo esperado presentó una media de \$41.747.552 (IC 95% \$19.553.971 - \$75.271.264). Los principales determinantes del costo fueron la estancia hospitalaria y la probabilidad de ingreso a UCI. **Conclusiones.** Las infecciones por ERC generan costos intrahospitalarios elevados por episodio, impulsados principalmente por la duración de la estancia y la necesidad de UCI. Estos hallazgos refuerzan la necesidad de fortalecer estrategias de control de la resistencia antimicrobiana, incluyendo programas de optimización del uso de antibióticos, medidas de prevención de infecciones y mecanismos de planificación eficiente de recursos hospitalarios en el sistema de salud colombiano. Financiación: Miniciencias contrato 600 de 2022.

O-074

Perfil de susceptibilidad a los antibióticos recomendados para el tratamiento de la campilobacteriosis en *Campylobacter jejuni* y *Campylobacter coli*

Rodríguez-Cárdenas E, Montañó-Valencia L, Gil-Muñoz S, Galindo-Borda M, Firacative C, Marina-Muñoz C.
Instituto Nacional de Salud; Universidad del Rosario Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud; Universidad Nacional de Colombia Instituto de Biotecnología.
Bogotá
erodriguezc@ins.gov.co

Introducción. La campilobacteriosis es una enfermedad diarreica de alta incidencia, causada principalmente por *Campylobacter jejuni* y *Campylobacter coli*. Actualmente, el tratamiento antibiótico para esta enfermedad infecciosa no se recomienda, salvo en casos graves, persistentes o en pacientes inmunocomprometidos. No obstante, cada vez con mayor frecuencia el número de aislamientos de *Campylobacter* con susceptibilidad disminuida a los antibióticos aumenta, lo que deja escasas o inexistentes opciones terapéuticas. Esta problemática evidencia el riesgo potencial de la campilobacteriosis para la salud pública. **Objetivos.** Describir los perfiles de susceptibilidad antimicrobiana de aislamientos colombianos de *C. jejuni* y *C. coli* causantes de enfermedad diarreica aguda recuperados mediante la vigilancia nacional de la campilobacteriosis entre 2007 y 2026. **Materiales y métodos.** Se determinaron los perfiles de susceptibilidad, por el método de difusión de disco (Kirby-Bauer), de 175 aislamientos de *C. jejuni* y 33 de *C. coli*, a tetraciclina, ciprofloxacina y eritromicina, siguiendo los criterios del CLSI. **Resultados.** El 96% de los aislamientos de *C. jejuni* y el 100% de *C. coli* fueron de materia fecal, y el 4% de *C. jejuni* de muestras sistémicas, consistente con la epidemiología de estos patógenos. Geográficamente, *C. jejuni* evidencia focos regionales en Boyacá

(31,6%), Amazonas (21,1%) y Bogotá (19,1%), seguido de Guaviare (5,3%) y Valle (4,8%). *C. coli* también predomina en Boyacá (60,6%), con presencia en otros 7 departamentos. El 90% y 46% de los aislamientos de *C. jejuni* y el 93% y 58% de *C. coli*, presentaron resistencia a tetraciclina y ciprofloxacina, respectivamente. La eritromicina se mantiene como opción terapéutica confiable, principalmente en *C. coli*, con 93,5% de sensibilidad. La variabilidad regional observada sugiere que la presión antimicrobiana y los patrones de uso difieren entre territorios, siendo Amazonas el área con menor resistencia relativa. **Conclusiones.** Estos hallazgos plantean la necesidad de vigilancia continua de resistencia antimicrobiana en *Campylobacter* para determinar guías terapéuticas con evidencia local.

O-075

Impacto del uso de antimicrobianos promotores de crecimiento (APC) y prácticas de manejo en la prevalencia de *E. coli* resistente a antibióticos en granjas avícolas de tres departamentos de Colombia

Marín-Ortiz C, Téllez S, Ángel-Isaza J, Parra-Cerezo M, Cienfuegos-Gallet A, Jiménez-Quiceno J.
Universidad de Antioquia; Promitec.
Medellín
cdaniela.marin@udea.edu.co

Introducción. El uso de antimicrobianos como promotores de crecimiento (APC) en producción animal contribuye a la selección de bacterias resistentes con implicaciones para la salud pública bajo un enfoque One Health; sin embargo, la evidencia en sistemas avícolas es limitada. **Objetivos.** Estimar la prevalencia y factores de riesgo asociados a la colonización y diversidad genética de *Escherichia coli* resistente a antibióticos de importancia clínica en granjas avícolas con y sin uso de APC en Boyacá, Cundinamarca y Santander. **Materiales y métodos.** Estudio transversal analítico realizado entre abril de 2025 y abril de 2026, en 14 granjas avícolas, con muestreo estratificado según uso de APC (8 con APC y 6 sin APC; n=256). Se evaluaron características epidemiológicas, de infraestructura y productivas en las granjas. Se recolectaron hisopados cloacales trimestrales para el aislamiento de *E. coli* y *E. coli* productora de BLEE. La susceptibilidad se determinó mediante VITEK®2, se detectaron los genes de resistencia *tetA*, *floR* y *blaCTX-M* y se realizó clasificación filogenética mediante Clermont-PCR. **Resultados.** Las granjas con uso de APC presentaron mayor antigüedad productiva y deficiencias estructurales que favorecen la persistencia ambiental bacteriana, con una prevalencia de *E. coli* del 100% y *E. coli* BLEE del 87,5%, y perfiles de multirresistencia más complejos, especialmente en pollos de engorde. Las granjas sin APC fueron más tecnificadas, con mayor variabilidad en bioseguridad y una prevalencia del 96,6% para *E. coli* y del 77,3% para *E. coli* BLEE. Los genes predominantes fueron *blaCTX-M-1*, *floR* y *tetA*. La tipificación filogenética reveló la coexistencia de filogrupos comensales (A/B1) y potencialmente patógenos (D/F). **Conclusiones.** Las condiciones de infraestructura y bioseguridad de las granjas influyen en la dinámica de la resistencia antimicrobiana. Asimismo, el uso de APC favorece la co-selección de fenotipos multirresistentes y la coexistencia de linajes comensales y potencialmente patógenos representa un riesgo para la salud pública.

O-076

Identificación in silico de compuestos con potencial inhibitorio sobre la proteína PBP2a codificada por el gen *mecA* de *Staphylococcus aureus* y evaluación in vitro de su actividad antibacteriana

Quiguanás-Guarín E, Arenas A.
Universidad Alexander Von Humboldt; Universidad del Quindío.
Armenia
edwinstiven2794@cue.edu.co

Introducción. *Staphylococcus aureus* es uno de los principales agentes etiológicos de mastitis bovina y una causa de pérdidas económicas en la industria lechera. La aparición de cepas resistentes a meticilina ha reducido la eficacia de los antibióticos β -lactámicos. Este fenotipo está asociado con la proteína de unión a penicilina PBP2a, codificada por el gen *mecA*, la cual presenta baja afinidad por estos antibióticos y permite la síntesis de la pared celular bacteriana en su presencia. La identificación de inhibidores de PBP2a constituye una estrategia promisorio para combatir la resistencia antimicrobiana. **Objetivos.** Identificar compuestos con potencial inhibitorio sobre la proteína PBP2a de *S. aureus* mediante herramientas bioinformáticas y evaluar su actividad antibacteriana in vitro. **Materiales y métodos.** Se realizó un cribado virtual utilizando la base de datos ZINC In Trials y la estructura cristalográfica

de PBP2a con los ligandos co-cristalizados MUR y QNZ. Se aplicaron dos estrategias de selección primaria: similitud estructural y fingerprints moleculares. Los compuestos obtenidos fueron sometidos a docking molecular y posteriormente filtrados según energía de interacción, cumplimiento de las reglas de Lipinski, solubilidad, absorción gastrointestinal y riesgo toxicológico. Paralelamente, se determinó la concentración mínima inhibitoria (CMI) de ampicilina y meropenem frente a cepas resistentes de *S. aureus*. **Resultados.** Las estrategias de cribado permitieron identificar 200 compuestos candidatos. El docking molecular seleccionó 99 moléculas con energías de interacción favorables (> -9 kcal/mol). Tras la aplicación de filtros farmacocinéticos y toxicológicos, se identificaron ocho compuestos con propiedades adecuadas para su desarrollo, y de estos, seis fueron seleccionados para síntesis química mediante MolPort. **Conclusiones.** El enfoque bioinformático permitió identificar compuestos con potencial inhibitorio sobre PBP2a y propiedades farmacológicas favorables. Actualmente, se encuentra en desarrollo su evaluación biológica para determinar su potencial como agentes antibacterianos frente a *S. aureus* resistente. Financiación por la Dirección de Investigaciones, Universidad Alexander von Humboldt, código de proyecto D.I.V.03-2025.

O-077

Caracterización genómica de *Acinetobacter bereziniae* productor de NDM-1: un patógeno emergente resistente a carbapenémicos en Colombia, 2024-2026

Vargas-Flórez N, Saavedra S, Montilla-Escudero E.
Instituto Nacional de Salud.
Bogotá
emontilla@gmail.com

Introducción. *Acinetobacter bereziniae* es un patógeno oportunista causante de infecciones en el ámbito hospitalario filogenéticamente distinto al complejo *Acinetobacter baumannii*, que se asocia a múltiples infecciones principalmente en pacientes inmunosuprimidos. **Objetivos.** Determinar las características genómicas de tres aislamientos de *Acinetobacter bereziniae* recuperados entre 2024 y 2026 mediante la Vigilancia Nacional por Laboratorio de Resistencia Antimicrobiana y el proyecto de Enfermedad Febril Aguda liderados por el Instituto Nacional de Salud. **Materiales y métodos.** Se analizaron tres aislados clínicos: dos de un brote en Valle del Cauca (GMR-RA-1583,25 y GMR-RA-1651,25) y uno del Meta (AFI-IAAS-11,24) identificados como *Acinetobacter* spp. en los hospitales de origen y confirmados como *Acinetobacter bereziniae* por MALDI-TOF en el INS. Se realizaron pruebas de susceptibilidad antimicrobiana frente a betalactámicos, quinolonas y aminoglucósidos. La secuenciación NGS por Illumina permitió la clasificación taxonómica con GTDBTk, caracterización de genes de resistencia con AMRFinderPlus, virulencia con VFDB, filogenia con IQ-TREE y SNPs con snp-sites. **Resultados.** Los tres aislados fueron clasificados como *Acinetobacter bereziniae* (ANI >95%) y compartieron resistencia a ampicilina-sulbactam y ciprofloxacina mediada por la mutación *parC* (Ser80→Lys), se identificaron los factores de virulencia *ompA* y *bfmR* asociados a adhesión y formación de biopelículas, y el replicón rep plasmídico presente en *Acinetobacter* spp. pero sin nombre definido. Los aislados del brote (GMR-RA-1583,25 y GMR-RA-1651,25) fueron resistentes a todos los antimicrobianos evaluados, portaban NDM-1 y correspondieron a nuevos STs; los 60 SNPs entre sus genomas descartan origen clonal común y sugieren linaje compartido e introducciones independientes. AFI-IAAS-11,24 correspondió al ST2646 reportado en *A. bereziniae* en el año 2018 proveniente de EUA. **Conclusiones.** *A. bereziniae* es un patógeno emergente subdiagnosticado, que puede actuar como reservorio de *bla*NDM-1 y facilitar su diseminación a otros patógenos; su prevalencia real está subestimada por las limitaciones de los sistemas automatizados.

O-078

Caracterización del resistoma de *Prevotella nigrescens* y su relación con los perfiles fenotípicos de resistencia antimicrobiana

Haikal-Vélez F, Antonio-Porras C, Castillo Y, Castro-Cardozo B, Lafaurie G.
Facultad de Odontología, Universidad El Bosque; Unidad de Investigación Básica Oral (UIBO), Universidad El Bosque; Grupo de Investigación en Resistencia Antimicrobiana y Epidemiología Hospitalaria, Universidad El Bosque.
Bogotá
fhaikal@unbosque.edu.co

Introducción. La resistencia antimicrobiana representa un desafío creciente en el manejo de las infecciones orales. *Prevotella nigrescens*, una bacteria anaerobia asociada con enfermedades periodontales y endodónticas, ha mostrado resistencia a antibióticos de uso frecuente en odontología. Sin embargo, la información disponible se basa principalmente en estudios fenotípicos y en la detección dirigida de genes específicos, mientras que los análisis genómicos integrales son limitados. **Objetivos.** Evaluar el resistoma de aislamientos clínicos orales de *P. nigrescens* y su relación con los perfiles fenotípicos de resistencia antimicrobiana. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo de corte transversal realizado en ocho aislamientos orales de *P. nigrescens* procedentes del cepario del Instituto UIBO. La identificación de la especie se confirmó mediante PCR y secuenciación de genoma completo (WGS). Los determinantes genéticos de resistencia se investigaron mediante PCR y análisis genómico utilizando AMRFinder, CARD y ABRICATE. Además, se exploraron mecanismos putativos de resistencia mediante comparación con genomas de referencia de NCBI y BacMet. La validación fenotípica se realizó mediante concentración mínima inhibitoria (MIC) frente a amoxicilina, amoxicilina/ácido clavulánico, metronidazol, tetraciclina y clindamicina. **Resultados.** El análisis filogenómico confirmó la identificación de los ocho aislamientos como *P. nigrescens*. Los genes de resistencia más frecuentes fueron *tetQ* (50%), *cfxA* y *ermF* (37,5%), con concordancia entre PCR y WGS. Asimismo, se identificaron determinantes asociados con tolerancia a metales pesados y compuestos de amonio cuaternario. Fenotípicamente, el 50% de los aislamientos fueron resistentes a amoxicilina, el 37,5% a clindamicina y el 25% a tetraciclina; todos fueron sensibles a metronidazol. **Conclusiones.** *P. nigrescens* presenta un resistoma complejo caracterizado por genes de resistencia antimicrobiana. La detección de determinantes asociados a compuestos de amonio cuaternario ampliamente utilizados en odontología sugiere un posible papel de esta especie en la persistencia y adaptación dentro del biofilm subgingival, destacando el valor de la secuenciación de genoma completo para comprender los mecanismos de resistencia en este microorganismo.

O-079

Evaluación de la susceptibilidad a fosfomicina mediante e-test en aislamientos clínicos productores de carbapenemasas

Escobar-Duque T, Atehortúa S, Díaz M, Velásquez-Flórez C, Velásquez-Peláez V, Rada-Bravo A, Echeverri-Toro L.
Hospital Pablo Tobón Uribe; Gpc Pharma; Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia.
Medellín
tatyedu@gmail.com

Introducción. El aumento de bacilos Gram negativos multirresistentes (MDR) productores de carbapenemasas limita cada vez más las opciones terapéuticas disponibles (1,2). En este contexto, la fosfomicina ha resurgido como una alternativa de interés debido a su mecanismo de acción único y a su estabilidad frente a betalactamasas (3,4). Aunque la microdilución en caldo es el método de referencia para determinar la concentración inhibitoria mínima (CIM), su implementación rutinaria puede ser limitada. Por ello, el E-test constituye una alternativa sencilla y reproducible, facilitando la evaluación de la susceptibilidad a fosfomicina en infecciones complejas (5). **Objetivos.** Evaluar el perfil de susceptibilidad in vitro a fosfomicina mediante E-test en aislamientos clínicos de bacilos Gram negativos productores de carbapenemasas. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo e in vitro. Se incluyeron 133 aislamientos de Enterobacterales productoras de carbapenemasas (EPC) de un hospital de tercer nivel en Medellín entre enero 2022 y marzo 2023. El perfil de susceptibilidad se realizó por Vitek2 y mediante PCR multiplex la detección de los genes *bla*KPC, *bla*NDM, *bla*VIM, *bla*IMP y *bla*OXA-48. La Concentración Mínima Inhibitoria (CIM) de fosfomicina se determinó por E-Test (Liofilchem®) y se interpretó según criterios EUCAST. Se calcularon frecuencias, porcentajes de susceptibilidad, CIM50 y CIM90 utilizando GraphPad. **Resultados.** Las especies más frecuentes fueron *Klebsiella pneumoniae* (78,9%) y *Escherichia coli* (8,9%). El gen de carbapenemasa predominante fue *bla*KPC (81,9%), seguido de *bla*KPC+*bla*NDM (13,5%), *bla*NDM (3,7%) y un aislamiento de *Serratia marcescens* portador de *bla*KPC+*bla*NDM+*bla*VIM. La susceptibilidad global a fosfomicina fue del 77,5%, con una CIM50 de 12 mg/L y una CIM90 de 256 mg/L. Según la carbapenemasa detectada, la susceptibilidad fue del 72,9% para *bla*KPC, 11,2% en *bla*KPC+*bla*NDM y 9,7% para *bla*NDM. **Conclusiones.** El E-test mostró una susceptibilidad global a fosfomicina del 77,5%, lo que respalda su potencial como alternativa terapéutica, especialmente frente a aislamientos portadores de *bla*KPC.

O-080

One Health en acción: identificación del Tn6949, un nuevo transposón híbrido Tn2-ISKas1 relacionado con la movilización del gen *blaKPC-2* en bacterias presentes en aguas residuales, ríos y entornos clínicos

Abril D, Reyes-Perdomo C, Fuentes L, Vanegas-Duarte E, Moreno-Salas M, García-Garay D, Leal A, Escobar-Pérez J.
Universidad El Bosque - Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana; Departamento Patología, Fundación Santa Fe de Bogotá; Escuela de Medicina, Universidad de los Andes; Salud Poblacional; Medicina Interna.
Bogotá
escobarjavier@unbosque.edu.co

Introducción. El enfoque "One Health" aborda las amenazas para la salud que involucran las interacciones entre humanos, animales (domésticos y silvestres) y el medio ambiente, abarcando la resistencia a los antimicrobianos (RAM), las enfermedades zoonóticas y la seguridad alimentaria. **Objetivos.** Realizar una vigilancia RAM usando un enfoque "One Health" en la sabana de Bogotá. **Materiales y métodos.** En un marco "One Health" se realizó una vigilancia genómica de microorganismos resistentes en ambientes acuáticos (aguas residuales y ríos). Se tomaron muestras de 41 fuentes hídricas en la sabana de Bogotá y se aislaron las bacterias (enterobacteriales) resistentes a carbapenémicos, 5 especies bacterianas fueron recuperadas y su genoma fue secuenciado y analizado por medio de herramientas de genómica comparativa avanzada. **Resultados.** Las especies identificadas fueron *Klebsiella quasipneumoniae*, *Kluyvera sichuanensis*, *Kluyvera cryocrescens*, *Citrobacter Freundii* y *Klebsiella ornithinolytica*, todas resistentes a carbapenémicos por albergar el gen *blaKPC-2*, el cual estaba siendo movilizado por un nuevo transposón híbrido (Tn6949) formado por la fusión de dos elementos genéticos móviles el transposón Tn2 y la nueva secuencia de inserción ISKas1, por un evento de recombinación homóloga. Adicionalmente, este Tn6949 fue identificado en 4 de las 5 especies, en tres plásmidos diferentes (nuevos eventos de transposición) y mediando una transposición a cromosoma. Este mismo transposón ha sido identificado en aislamientos de *Klebsiella pneumoniae* generando infecciones hospitalarias. **Conclusiones.** El Tn6949 es un nuevo elemento genético móvil diseminador de resistencia a los carbapenémicos tanto en entornos ambientales como clínicos, revelando su papel crucial en la interfaz entre el resistoma ambiental y las infecciones humanas. Financiación: "Programa de Investigación para la Vigilancia y Mitigación de la Resistencia Antimicrobiana en Colombia con un Enfoque One Health", Minciencias - Convocatoria de Propuestas No. 918.

Virología

O-081

Actividad antiviral de amplio espectro de un extracto hidroalcohólico de *Capsicum chinense* contra los virus Dengue, Zika y Chikungunya

Bonilla-Porras A, Naranjo-Durán A, Pérez-Mateus N, Rojas-Hoyos L, Martínez-Gutiérrez M.
Universidad Cooperativa de Colombia; Sosteli Group.
Envigado
marlen.martinezg@campusucc.edu.co

Introducción. El dengue, la infección por el virus Zika y la fiebre chikungunya son enfermedades arbovirales transmitidas por vectores que constituyen un desafío relevante para la salud pública mundial. Actualmente, las principales estrategias de control están orientadas a la reducción y manejo del vector transmisor y no se tiene antiviral específico licenciado. **Objetivos.** Evaluar la actividad antiviral in vitro de un extracto hidroalcohólico de *Capsicum chinense* frente a los virus dengue (DENV), zika (ZIKV) y chikungunya (CHIKV). **Materiales y métodos.** Frutos maduros de plantas provenientes de un cultivo comercial de *Capsicum chinense* (ají habanero) fueron colectados del corregimiento de San Cristóbal (Medellín-Antioquia) en el año 2024; a partir de los cuales se obtuvo el extracto hidroalcohólico. La citotoxicidad del extracto se determinó mediante ensayo MTT para establecer la concentración citotóxica 50 (CC50). Posteriormente, se evaluó la actividad antiviral mediante ensayo de plaqueo tres estrategias de tratamiento: pretratamiento (PRE), tratamiento simultáneo a la infección (TRANS) y postratamiento (POST). **Resultados.** Las concentraciones evaluadas mostraron porcentajes de viabilidad celular superiores al 98%, permitiendo seleccionar 40, 80 y 160 µg/mL para los ensayos antivirales. En la estrategia PRE se observó una inhibición de la infección supe-

rior al 50% para DENV, ZIKV y CHIKV en todas las concentraciones evaluadas. En la estrategia POST, las tres concentraciones presentaron actividad antiviral frente a DENV y CHIKV, mientras que para ZIKV únicamente la concentración de 160 µg/mL mostró una inhibición superior al 50%. Estos resultados evidencian una actividad antiviral dependiente del momento de administración del extracto. **Conclusiones.** El extracto hidroalcohólico de *Capsicum chinense* exhibió actividad antiviral de amplio espectro contra DENV, ZIKV y CHIKV, constituyéndose como un candidato promisorio para el desarrollo de fitomedicamentos antivirales. Financiación: Convocatoria Orquideas, Mujeres en la Ciencia 2024-Contrato No. 183 de 2024. INV3734-UCC.

O-082

Desarrollo de una plataforma de bioinformática estructural para evaluar el potencial de contramedidas frente a virus emergentes con potencial epidémico/pandémico

Rendón-Marín S, Ruiz-Sáenz J, Martínez-Gutiérrez M.
Corporación Universitaria Remington; Universidad Cooperativa de Colombia; Universidad de Antioquia.
Medellín
santyrendon0519@gmail.com

Introducción. La preparación frente a epidemias y pandemias requiere acelerar el desarrollo de contramedidas contra virus emergentes y reemergentes con potencial epidémico/pandémico. En este contexto, la Misión de 100 días propone orientar la disponibilidad temprana de vacunas, terapias y otras estrategias durante las fases iniciales de una amenaza sanitaria. El virus Bundibugyo, especie del género Orthobolavirus, constituye un modelo relevante por su impacto en salud pública y por la necesidad de explorar alternativas terapéuticas contra la enfermedad causada por este agente. **Objetivos.** Desarrollar una plataforma basada en bioinformática estructural para evaluar el potencial de contramedidas frente a virus emergentes con potencial pandémico, utilizando el virus Bundibugyo como modelo. **Materiales y métodos.** Las estructuras de proteínas virales y anticuerpos monoclonales descritos para virus Zaire se obtuvieron del Protein Data Bank; las no disponibles fueron modeladas mediante AlphaFold y validadas con herramientas computacionales. Los antivirales remdesivir, obeldesivir y molnupiravir se obtuvieron de PubChem. Se realizaron acoplamientos proteína-proteína y proteína-ligando mediante ClusPro, HADDOCK y SwissDock, según la naturaleza de cada sistema. La coherencia de la plataforma se verificó mediante sistemas de referencia, controles estructurales experimentales y re-docking. Además, se realizó la predicción de epítopos inmunodominantes mediante IEDB. **Resultados.** Se modelaron y validaron proteínas de diferentes orthobolavirus. Los controles posteriores al re-docking mostraron valores favorables de interacción y concordancia entre las herramientas utilizadas. En el modelo Bundibugyo, algunos antivirales y anticuerpos monoclonales presentaron mayores afinidades, especialmente frente a la glicoproteína viral y la polimerasa, lo que sugiere su potencial como contramedidas candidatas. Asimismo, se identificaron epítopos inmunodominantes con inmunogenicidad diferencial, aportando información para la priorización de blancos virales. **Conclusiones.** La bioinformática estructural puede apoyar el desarrollo y la priorización de contramedidas frente a virus emergentes con potencial pandémico. Sin embargo, estas predicciones requieren validación in vitro e in vivo para confirmar su utilidad biológica y aplicabilidad.

O-083

Introducción de nueva variante de Influenza A/H3N2 en Colombia: circulación de subclado K en el territorio nacional

Rodríguez-Romero P, Gómez-Rangel S, Beltrán-Duque M, Vargas-Barandica N, Bustamante-Restrepo M.
Instituto Nacional de Salud.
Bogotá
prodriguez@ins.gov.co

Introducción. En 2025 una nueva variante de Influenza A (H3N2) emergió en el hemisferio norte, la J.2.4.1 nombrada subclado K. Posee cambios en sitios antígenicos que han generado reactividad reducida con antisueros generados contra la cepa vacunal de 2025 para dicho hemisferio. La vigilancia genómica realizada por los Centros Nacionales de Influenza (NIC) mostró un aumento de frecuencia de este subclado y a finales de 2025 se había detectado en casi todos los continentes. **Objetivos.** Describir la circulación del subclado K de influenza A/H3N2 en Colombia durante 2025-2026 como factor de riesgo para ocurrencia brotes, conforme a los programas de vigilancia virológica liderados

desde el Instituto Nacional de Salud (INS). **Materiales y métodos.** El Laboratorio Nacional de Referencia del Instituto Nacional de Salud realizó secuenciación de genoma completo en muestras respiratorias de diferentes departamentos entre 2025-2026 mediante RT-rtPCR usando primers universales: MBTuni-12 (0,2µM), MBTuni-12,4 (0,3µM), y MBTuni-13 (0,5µM). Se realizaron análisis de relaciones y mutaciones con el pipeline MIRA y plataforma GISAID. **Resultados.** Se encontró co-circulación del clado J.2.3, que circulaba previamente, y del subclado K en las muestras de A(H3N2) en 12 departamentos del país. Se evidenciaron mutaciones, algunas de importancia por crear un potencial motivo de glicosilación en la cabeza de HA. Las filogenias de Hemaglutinina mostraron un agrupamiento concordante y monofilético de los virus colombianos con cepas de Brasil y Perú, sugiriendo circuitos de transmisión regional y ausencia de estructuración geográfica temprana, consistente con una rápida diseminación internacional. **Conclusiones.** En Colombia se ha evidenciado circulación dominante del subclado K sobre el clado J.2.3. en lo secuenciado durante 2025-2026. Se debe mantener esta vigilancia genómica para definir si este virus puede asociarse a nuevos brotes de la enfermedad y cuál sería su real impacto en la efectividad de la formulación vacunal establecida para el hemisferio.

O-084

Diversidad y circulación de Enterovirus en Colombia: hallazgos en la vigilancia de parálisis flácida aguda y enfermedad enteroviral en el instituto nacional de salud 2025-2026

Báez-Triana P, Nocua-Martínez P, Gómez-Rangel S.
Instituto Nacional de Salud.
Bogotá
pbaez@ins.gov.co

Introducción. Los Enterovirus comprenden un grupo diverso de virus de gran importancia para la salud pública debido a su capacidad para causar múltiples enfermedades en humanos, como la poliomielitis, meningitis, miocarditis entre otras, que representan una carga importante para los sistemas de salud. En Colombia, se ha observado un incremento significativo de casos de enfermedad mano-pie-boca; desde el Laboratorio Nacional de Referencia (LNR) se han fortalecido actividades en la vigilancia epidemiológica y genómica de estos virus. **Objetivos.** Caracterizar la diversidad genética de los enterovirus en Colombia y describir los patrones de circulación viral que apoyen la vigilancia y la toma de decisiones en salud pública. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo basado en la vigilancia de Parálisis Flácida Aguda y la búsqueda activa por laboratorio en respuesta a brotes de enfermedad enteroviral registrados durante 2025-2026. Las muestras fueron procesadas en el LNR según lineamientos de la Organización Mundial de la Salud para aislamiento viral y RT-PCR en tiempo real. La caracterización molecular se realizó mediante secuenciación y el análisis filogenético de la región VP1. **Resultados.** La caracterización molecular evidenció una circulación heterogénea de enterovirus en Colombia, identificándose múltiples serotipos de relevancia clínica y epidemiológica, incluidos Echovirus 3 y 6, EV-A71, Coxsackievirus A6, 9, 10 y 16. La distribución de estos virus principalmente en los grupos Enterovirus A y B refleja una considerable diversidad genética y sugiere la coexistencia de múltiples linajes virales circulando en la población colombiana. **Conclusiones.** Los hallazgos de este estudio evidencian la diversidad de enterovirus circulantes en el territorio nacional y destacan la necesidad de fortalecer la vigilancia genómica para detectar variantes emergentes y comprender su dinámica de transmisión. Asimismo, respaldan el desarrollo de herramientas innovadoras para la detección temprana y el monitoreo de enterovirus con potencial epidémico.

O-085

Patrones de metilación en derivados diclorados de L-tirosina y tiramina determinan la actividad antiviral, el mecanismo de acción y la predicción del perfil farmacocinético frente al tratamiento contra CHIKV

Loaiza-Cano V, Pardo-Rodríguez D, Santander-Zárate M, Pastrana M, Galeano E, Cala-Molina M, Martínez-Gutiérrez M.
Universidad Cooperativa de Colombia; Universidad de los Andes; Universidad de Antioquia.
Medellín
vaneloaiza@gmail.com

Introducción. Los cambios estructurales en las moléculas han sido necesarios para la mejora de diferentes actividades biológicas. En los últimos tres años, la incidencia de casos y brotes causados por CHIKV ha aumentado, sin

embargo, no existen antivirales aprobados. Moléculas dihalogenadas derivadas de L-tirosina y tiramina han demostrado actividad frente a diferentes modelos virales. **Objetivos.** Evaluar la actividad antiviral y mecanismo de acción de compuestos diclorados de L-tirosina y tiramina (dCY-dCT) frente a CHIKV. **Materiales y métodos.** Se evaluaron in-vitro seis compuestos sintéticos dCY-dCT (aminas terciarias, con diferentes patrones de metilación en los grupos hidroxilo) frente a CHIKV/Col en células VERO. Se cuantificó partículas virales infecciosas (PVI), proteína viral y copias genómicas por plaqueo, Cell-ELISA y RT-qPCR, respectivamente; las rutas metabólicas por metabolómica no dirigida por LC-MS/MS2, y los parámetros farmacocinéticos por la herramienta basada en IA, SWISSADME. **Resultados.** En tratamiento combinado, los compuestos 1Y y 2Y redujeron las PVI, 3Y las aumentó y 4Y no tuvo actividad; los compuestos 1T y 2T, presentaron el mismo comportamiento que 3Y y 4Y, respectivamente. El posible mecanismo de 1Y y 2Y fue evaluado. Ninguno tuvo actividad virucida; sólo 1Y tuvo actividad posterior a la infección, sin inhibición de proteína ni genoma viral, relacionado posiblemente con etapas tardías; y ambos compuestos tuvieron actividad en el tratamiento previo a la infección, pero solo 1Y, en etapas tempranas de la infección (adhesión e internalización). El posible mecanismo de 2Y se evaluó dirigido a la modulación del metabolismo celular, con cambios en los niveles de lípidos y aminoácidos de las células pretratadas-infectadas frente a las células infectadas sin tratar. La evaluación farmacocinética evidenció mejor solubilidad de 1Y, pero mejor paso de membranas por 2Y. **Conclusiones.** El patrón de metilación de los compuestos determina la actividad anti-CHIKV, su mecanismo de acción y parámetros farmacocinéticos. Financiación: Convocatoria Orquídeas, Mujeres en la Ciencia 2025. INV 4100.

O-086

Prevalencia de herpesvirus felino (FHV-1) en gatos domésticos de las ciudades Medellín, Bogotá y Barranquilla en el periodo comprendido entre los años 2022-2025

Echavarría-Carrillo K, Guerrero-Bravo A, Montes-Paternina A, Forero-Duarte J, Rendón-Ramos L.
Grupo de Microbiología Ambiental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia; Grupo de Investigación de Infectología, Zoonosis y Medio Ambiente Laboratorio Testmol (GIZMOL).
Medellín
karen.lechavarric@udea.edu.co

Introducción. La rinotraqueítis viral felina, causada por el herpesvirus felino tipo 1 (FHV-1), es una enfermedad respiratoria altamente contagiosa en gatos domésticos y silvestres, caracterizada por estornudos, secreción nasal, conjuntivitis y fiebre, con potencial progresión a lesiones oculares graves. En Colombia no existen estudios previos sobre la prevalencia molecular de este agente, lo que limita la vigilancia epidemiológica y el diagnóstico oportuno en la práctica veterinaria. **Objetivos.** Estimar la prevalencia molecular del FHV-1 mediante qPCR y explorar su asociación con variables demográficas en una población felina evaluada en Medellín, Bogotá y Barranquilla entre 2022 y 2025. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo de corte transversal. La población incluyó 450 gatos domésticos remitidos por sospecha clínica. Las muestras fueron procesadas mediante extracción de ADN y amplificación por qPCR dirigida a regiones conservadas de genes del FHV-1. El análisis estadístico incluyó frecuencias absolutas y relativas, estimación de prevalencia con IC95%, pruebas chi-cuadrado de Pearson y de tendencia, y regresión logística binaria multivariada. **Resultados.** Se observó una frecuencia global de positividad de 6,3%. La prevalencia varió significativamente según la ciudad y el año de muestreo ($p < 0,001$), mientras que raza, sexo y edad no mostraron asociación estadísticamente significativa con la detección viral. Se evidenció una disminución progresiva de la positividad: 19,6% en 2023, 13,4% en 2024 y 3,5% en 2025. Esta reducción fue estadísticamente significativa ($p < 0,001$). **Conclusiones.** La prevalencia de 6,3% es inferior a la reportada en refugios y poblaciones de alta densidad felina, donde se han descrito valores superiores al 20%, diferencia explicada por tratarse de gatos atendidos por sospecha clínica, contexto con menor exposición masiva al virus. El uso de qPCR representa una fortaleza diagnóstica al identificar infecciones activas y casos subclínicos o en latencia que métodos convencionales como el aislamiento viral o las pruebas serológicas no detectarían con igual precisión.

O-087

Evaluación antiviral y diseño asistido por inteligencia artificial de derivados de quercetina y estigmasterol contra DENV-2

López-Dubón J.
Universidad de Antioquia; Universidad Cooperativa de Colombia.
Envigado
jorge.lopezd@udea.edu.co

Introducción. Dengue continúa siendo una de las enfermedades virales de mayor impacto en salud pública a nivel mundial. La ausencia de terapias antivirales específicas ha impulsado la búsqueda y mejoramiento de compuestos con propiedades biológicas, tal como la quercetina y el estigmasterol las cuales podrían contribuir al desarrollo de nuevas estrategias terapéuticas contra el dengue. **Objetivos.** Evaluar la actividad anti-DENV-2 de quercetina y estigmasterol in vitro y buscar posibles mejoras estructurales por métodos computacionales (IA e in silico). **Materiales y métodos.** Evaluación in vitro sobre células U937: La viabilidad de quercetina y estigmasterol se evaluó por MTT. La actividad anti-DENV-2 se evaluó a diferentes concentraciones de ambos compuestos. Como controles positivos de inhibición se usaron ribavirina y suramina. Por Kosmos AI se predijo posibles mejoras/optimizaciones en las estructuras de ambos compuestos que fueron evaluadas por herramientas del Swiss Institute of Bioinformatics. **Resultados.** La viabilidad de los cultivos tratados tanto con quercetina como estigmasterol se redujo menos del 15% a concentraciones menores o iguales a 50 y 12,5 μM , respectivamente; estas fueron usadas como concentración máxima en la evaluación anti-DENV. La quercetina redujo significativamente la infección in vitro por DENV-2 a las concentraciones evaluadas 12,5, 25 y 50 μM (90,26, 90,13 y 90,26% de inhibición[A1.1], respectivamente), evidenciando un mejor IC90 (calculado) que los controles de inhibición (ribavirina y suramina). En contraste, el estigmasterol no tuvo actividad anti-DENV-2 significativa a las concentraciones evaluadas. De acuerdo con la IA, se podría mejorar la actividad anti-DENV con metilaciones en la quercetina en diferentes posiciones, mientras al estigmasterol con sustituciones tipo C3-O- carbonato, hemisuccinato e hidroxilación alélica en C22 y/o C23. Las modificaciones en la quercetina mejoran los parámetros farmacocinéticos, mientras que para el estigmasterol las seis modificaciones planteadas los empeoran. **Conclusiones.** La quercetina evidenció actividad anti-DENV-2 y la predicción de las mejoras estructurales por IA son prometedoras.

O-088

Prevalencia y factores asociados al virus HTLV-1 en mujeres embarazadas de Cali y Buenaventura, Colombia 2024-2025

Arboleda-Valencia L, Carabalí-Hinestroza M, Rojas-Hernández J, Cortés-Marín N.
Fundación Universitaria San Martín; Hospital Universitario del Valle.
Cali
juan.rojas.hernandez@correounivalle.edu.co

Introducción. Las infecciones virales gestacionales representan un desafío de salud pública por el riesgo de transmisión vertical y secuelas crónicas. El virus linfotrópico humano de células T tipo 1 (HTLV-1) es una infección desatendida asociada a leucemia/linfoma y mielopatía grave, cuya tamización no es sistemática en los protocolos prenatales colombianos. Este estudio investigó la prevalencia y factores asociados al HTLV-1 en mujeres embarazadas de primer nivel de atención en Cali y Buenaventura (2024–2025), buscando generar evidencia para fortalecer la vigilancia epidemiológica local. **Objetivos.** Determinar la prevalencia y los factores asociados a las infecciones HTLV-1 en mujeres embarazadas atendidas en instituciones de primer nivel de atención en Cali y Buenaventura, Colombia, durante el periodo 2024–2025. **Materiales y métodos.** Estudio transversal analítico con 305 gestantes captadas mediante muestreo por conveniencia. Se recolectaron datos sociodemográficos y clínicos mediante cuestionarios validados. El diagnóstico se realizó mediante detección de anticuerpos totales y confirmación por Western Blot. El estudio contó con aval ético y fue clasificado de riesgo mínimo. **Resultados.** La mediana de edad fue de 26 años, con un 52,5% de población afrodescendiente y alta vulnerabilidad social (69,8% régimen subsidiado). Se confirmaron cinco casos de HTLV-1, estableciendo una prevalencia del 1,6% (IC95%: 0,7–3,8), localizados exclusivamente en Cali. Aunque el 73,1% reportó relaciones sin protección y el 50,2% tatuajes, el análisis exploratorio no halló asociaciones estadísticas significativas debido a la baja frecuencia de casos. **Conclusiones.** La prevalencia hallada es consistente

con regiones endémicas y confirma la circulación del virus en el suroccidente colombiano. Los resultados subrayan la necesidad de integrar la tamización de HTLV-1 en los protocolos nacionales de control prenatal para mitigar brechas en la detección temprana y prevención de la transmisión vertical.

Innovación en enfermedades infecciosas

O-089

Inteligencia artificial para la predicción temprana de sepsis en UCI: desarrollo de un modelo dinámico con datos PhysioNet y propuesta de adaptación para Colombia

Gálvis-Ayala J, Silva-López Y, Robledo-Restrepo C, Robledo-Restrepo J.
Grupo Germen - LabMédico; Universidad de Antioquia.
Medellín
investigaciones@labmedico.com

Introducción. La sepsis sigue siendo una emergencia tiempo-dependiente en UCI. Anticipar su aparición puede transformar la vigilancia clínica, pasando de una respuesta reactiva a sistemas de alerta temprana basados en datos horarios. **Objetivos.** Desarrollar y validar internamente un modelo dinámico para predecir sepsis incidente a 3, 6 y 12 horas, utilizando datos abiertos PhysioNet/CinC Challenge 2019, y proponer su futura adaptación al contexto colombiano. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de desarrollo y validación interna de modelos pronósticos con estructura landmark. Se analizaron 40.336 pacientes adultos de UCI y 1.552.210 registros horarios. A partir de variables demográficas, signos vitales, gases y laboratorios, se construyeron predictores longitudinales por paciente-hora, incluyendo valores actuales, tendencias, medias móviles, cambios recientes, frecuencia de medición, tiempo desde la última medición e indicadores de ausencia. Los datos se dividieron por paciente en desarrollo y prueba independiente. Se compararon Elastic Net y XGBoost mediante métricas de discriminación, precisión y calibración. **Resultados.** La cohorte incluyó 2.932 pacientes con sepsis, equivalente al 7,3%. XGBoost superó a Elastic Net en los tres horizontes, con AUROC de 0,784, 0,779 y 0,819 para 3, 6 y 12 horas, respectivamente. A 12 horas, alcanzó AUPRC de 0,124, Brier de 0,021 y adecuada calibración. En el umbral p90 presentó especificidad de 0,908 y valor predictivo negativo de 0,986. **Conclusiones.** El modelo permitió anticipar el riesgo de sepsis hasta 12 horas antes, con alta capacidad para descartar pacientes de bajo riesgo. Estos hallazgos respaldan el potencial de la inteligencia artificial como herramienta de alerta temprana en UCI y ofrecen una base metodológica para su recalibración y validación local en Colombia.

O-090

Implementación e impacto del sistema BioFire® SpotFire® en el departamento de urgencias de la clínica Auna en Medellín, Colombia

Martínez-García J, Loaiza-Betancurt S, Cadavid C, Rita C.
Clínica Auna; Biomérieux.
Bogotá
santilo951113@gmail.com

Introducción. El diagnóstico molecular de infecciones respiratorias en urgencias puede impactar en las decisiones terapéuticas y favorecer el uso racional de antimicrobianos. La implementación de tecnologías en el punto de atención de los pacientes (Point of Care (POC)) tiene el potencial de reducir los tiempos de respuesta y optimizar la toma de decisiones clínicas. **Objetivos.** Evaluar si la implementación de BioFire® SpotFire® en el punto de atención reduce el tiempo a resultado (TAR) de las pruebas moleculares respiratorias, comparado con FilmArray® RP2.1. **Materiales y métodos.** Estudio observacional analítico, retrospectivo, con diseño antes-después, en el servicio de urgencias de la Clínica de las Américas (Auna) sede Sur (Medellín, Colombia). Se incluyeron pacientes con panel respiratorio molecular solicitado en el periodo pre-intervención (FilmArray RP2.1® procesado en laboratorio central, enero-mayo 2025) y post-intervención (BioFire® SpotFire® POC, mayo-julio 2025). El desenlace primario fue el TAR en minutos. Dada la distribución no normal, se aplicó la prueba U-Mann-Whitney. **Resultados.** Se analizaron 54 pacientes (pre n=41; post n=13). La mediana del TAR disminuyó de 101,0 minutos (IC95% 78,8–125,8) a 26,2 minutos (IC95% 20,9–47,4), una reducción del 74%. La diferencia fue de 65,9 minutos (IC 95%: 48,2–86,7) a favor del periodo post-intervención (p< 0,0001). En el periodo post-intervención, 7 de 13 pacientes (54%) recibían terapia antimicrobiana al momento de la solicitud de la prueba; tras la disponibilidad del resultado se documentó la suspensión del antimicrobiano en 5 de ellos (38% del total), principalmente en casos con panel negativo

o con identificación de un patógeno viral. **Conclusiones.** La implementación de BioFire SpotFire en el punto de atención redujo significativamente el tiempo a resultado del panel respiratorio molecular en urgencias, favoreciendo decisiones terapéuticas más oportunas y el uso racional de antimicrobianos.

O-091

Tiempo de interpretación de alertas críticas de microbiología: resultados de la implementación de un sistema de notificación electrónica

Silva-Monsalve E, Osorio-Lombana J, Penagos-Neuta A, Alvis-Baquero C, Josa-Montero D, Pescador-Vargas L, Torres-Molina I, Casallas-Barrera J, López-Escruera S, Trujillo-Rodríguez Y, Ortiz-Roa C, Ordoñez-Blanco I, Arias-León G, Velosa-Sánchez M, Romero-Orjuela S, Morales-Guerra S, Galindo-Escucha C, Garzón-Ruiz J.
Fundación Clínica Shaio.
Cajicá
edwin.silva@shaio.org

Introducción. El beneficio clínico de las alertas microbiológicas y las pruebas de diagnóstico rápido (PDR) depende de la interpretación oportuna del resultado. Sin embargo, el cierre postanalítico puede retrasarse cuando la prueba representa mayor carga cognitiva o tiene menor accionabilidad. **Objetivos.** Identificar los factores asociados con el tiempo hasta la interpretación adecuada de alertas críticas de microbiología. **Materiales y métodos.** Estudio observacional sobre 2365 alertas críticas de microbiología emitidas en 1050 pacientes generadas entre junio de 2025 y mayo de 2026 en un aplicativo web integrado a la historia clínica y a las pantallas de televisores de las estaciones de enfermería. El desenlace fue el tiempo entre apertura y cierre de la alerta por infectología, definido como conducta satisfactoria. Se evaluaron tipo de alerta, servicio, franja horaria, devolución por PROA, tipo de panel FilmArray®, genes de resistencia y carbapenemasas. Se emplearon Kaplan-Meier invertido, U de Mann-Whitney y regresión de Cox ($HR > 1$ = cierre más rápido). **Resultados.** La mediana de cierre fue 1,3 h; 45% cerró en < 1 h y 22% en > 6 h. El horario diurno (HR 1,62; IC95% 1,49–1,76) y la UCI (HR 1,42; IC95% 1,31–1,55) aceleraron el cierre, mientras FilmArray® lo enlenteció (HR 0,79; IC95% 0,71–0,88). En FilmArray®, las devoluciones por interpretación insatisfactoria fueron el principal retardador (HR 0,35; IC95% 0,30–0,42); en tanto que aceleraron el cierre un reporte diurno (HR 1,52; IC95% 1,30–1,77), la presencia de genes de resistencia (HR 1,46; IC95% 1,18–1,81) y panel BCID2 frente a neumonía (HR 1,35; IC95% 1,10–1,67). **Conclusiones.** Nuestros hallazgos sugieren que el cuello de botella postanalítico no es uniforme. Los médicos privilegian la toma de conductas ante reportes no ambiguos y accionables (p. ej., hemocultivos, gen de resistencia, carbapenemasa, panel BCID2). La sobrecarga cognitiva de cierto tipo de alertas requiere sistemas de soporte de decisión clínica, protocolos de interpretación, educación estructurada y acompañamiento permanente del PROA/PRODIM.

O-092

Identificación de microRNAs con potencial diagnóstico en respuesta inflamatoria oral y VIH

Jiménez-Palencia C, Arenas-Suárez N, Suárez-Causado A.
Universidad de Cartagena.
Cartagena de Indias
cjimenezp@unicartagena.edu.co

Introducción. Los microRNAs salivales participan en la regulación post-transcripcional de genes asociados con respuesta inmune, inflamación y defensa antiviral, por lo que podrían reflejar alteraciones inmunovirológicas en personas con VIH. Sin embargo, la caracterización integrativa de redes moleculares relacionadas con inflamación oral y microRNAs salivales en esta población continúa siendo limitada. **Objetivos.** Identificar microRNAs salivales asociados a redes inflamatorias relacionadas con infección por VIH mediante un análisis bioinformático integrativo. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio bioinformático basado en la triangulación de información obtenida de bases de datos públicas y literatura científica. Se identificaron proteínas asociadas a inflamación oral e infección por VIH. Posteriormente, se construyeron redes de interacción proteína-proteína utilizando STRING. Los microRNAs reguladores fueron identificados mediante HMDD v4.0, miRNet y miRTarBase, integrando información de expresión diferencial reportada en saliva y tejidos inflamatorios. El análisis funcional y de enriquecimiento biológico se realizó utilizando DAVID y KEGG. **Resultados.** Se identificaron proteínas inflamatorias clave relacionadas con inflamación oral y respuesta inmunológica en VIH, incluyendo TNF, IL6, IL1B, CXCL8, IFNG y CCL2. El análisis bioinformático

permitió identificar microRNAs salivales con potencial regulador sobre estas redes inflamatorias, incluyendo: miR-146a, miR-155, miR-21 y miR-223 debido a su asociación simultánea con inflamación crónica, respuesta antiviral y regulación inmunológica. La red de interacción proteína-proteína presentó una conectividad significativa (15 interacciones observadas vs. 10 esperadas, PPI enrichment $p = 0,0369$), entre mediadores inflamatorios y microRNAs reguladores, con enriquecimiento significativo en vías relacionadas con señalización NF- κ B, respuesta inmune antiviral, activación de citoquinas y regulación de la inflamación crónica. **Conclusiones.** Los microRNAs salivales emergen como biomarcadores moleculares relevantes para el seguimiento inmunovirológico del VIH, ofreciendo una estrategia innovadora, no invasiva y costoefectiva para optimizar la evaluación clínica del paciente.

O-093

VaccinIA: ecosistema inteligente para la vacunación personalizada del adulto en Colombia

Gutiérrez-Tobar I, Bravo-Ojeda J, Cortés-Luna C, Álvarez-Moreno C.
Clínica Colsánitas.
Bogotá
ivanfelipegutierrez@gmail.com

Introducción. Las políticas de inmunización se centraron históricamente en pediatría, dejando al adulto desatendido. En Latinoamérica la cobertura de vacunación del adulto mayor es deficiente. La decisión es compleja —edad, comorbilidades, inmunosupresión, fármacos, embarazo, geografía— con guías que cambian frecuentemente, menos tiempo en consulta y dudas sin resolver al prescribir, generando oportunidades perdidas. **Objetivos.** Desarrollar un ecosistema digital de soporte a la decisión clínica para personalizar la vacunación del adulto, que facilite la consulta de evidencia y de datos locales de enfermedades inmunoprevenibles, integrando guías internacionales y normativa colombiana en una arquitectura escalable. **Materiales y métodos.** Se desarrolló un sistema de soporte a la decisión clínica cuya lógica reside en un motor central de reglas, garantizando que una misma situación produzca siempre la misma recomendación auditable. Integra guías internacionales (ACIP 2025, IDSA, OMS, CDC) y normativa colombiana (PAI), y resuelve escenarios complejos: embarazo, asplenia, VIH por CD4, inmunosupresores, cáncer, trasplantes e inteligencia geográfica por municipio. Las reglas residen en una matriz editable sin reprogramar. Incorpora inteligencia artificial para la digitalización del carné mediante OCR y la vigilancia epidemiológica. **Resultados.** El ecosistema opera en producción e integra el recomendador personalizado, digitalización del carné mediante OCR, georreferenciación de 2.900 puntos de vacunación, consulta de evidencia y vigilancia epidemiológica, y automatización del diligenciamiento de MIPRES. Desde su lanzamiento (abril 2026) acumula 1.500 visitas y 13.000 eventos, con usuarios en 21 países —principalmente Colombia— y 112 médicos en 12 departamentos. El contenido educativo fue la principal vía de entrada hacia el motor. Opera con cifrado, autenticación segura y auditoría (Ley 1581). **Conclusiones.** VaccinIA es un ecosistema digital escalable y replicable que personaliza la decisión de vacunación del adulto e integra evidencia y vigilancia epidemiológica local, respondiendo a las bajas coberturas y las barreras de conocimiento y prescripción de la región, con una arquitectura editable lista para crecer.

O-094

Viroma y bacterioma de garrapatas, análisis desde la perspectiva de salud pública integrada al concepto de One health-córdoba, Colombia

Galeano K, López Y, Guzmán C, Mattar S, Contreras H, Arrieta G, López Y.
Universidad de Córdoba.
Montería
ketygaleanoa@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. Las garrapatas son artrópodos hematófagos de importancia médica. Las tecnologías de secuenciación de nueva generación han permitido explorar de manera integral las comunidades microbianas asociadas a estos vectores. **Objetivos.** Analizar el viroma y el bacterioma de garrapatas del departamento de Córdoba. **Materiales y métodos.** Entre octubre 2022-junio-2023, se recolectaron garrapatas de bovinos, perros, iguanas y serpientes en zonas rurales agropecuarias de Córdoba. Los especímenes se preservaron en N2 líquido. Se hicieron 12 “pools” de individuos por género y sitio de captura, la extracción del ARN y ADN se realizó con kits comerciales. El metatranscriptoma se realizó con el secuenciador de alto rendimiento MGI DNBSEQ-

G50. El análisis del bacterioma de las garrapatas, se llevó a cabo a través de la plataforma de Oxford Nanopore. Los análisis bioinformáticos se realizaron con la plataforma Galaxy; la asignación taxonómica se realizó con DIAMOND para el metatranscriptoma y Kraken2 para el bacterioma. **Resultados.** Se capturaron 515 garrapatas distribuidas así: *R. microplus*, *R. sanguineus*, *A. dissimile* *D. nitens*. El análisis metatranscriptómico reveló una amplia diversidad viral asociada a las garrapatas, incluyendo secuencias relacionadas con Jigmen tick virus, Haseki tick virus, Wuhan tick virus, Lihan tick virus y Brown dog tick phlebovirus 2. Estos virus se agruparon dentro de diferentes linajes virales asociados a garrapatas, principalmente pertenecientes a las familias Flaviviridae, Phenuiviridae y Chuviridae. El análisis del bacterioma basado en secuencias del gen ARNr 16S evidenció una comunidad bacteriana diversa, con géneros de gran importancia en salud pública humana y animal como: *Anaplasma*, *Coxiella*, *Ehrlichia*, *Francisella*, *Klebsiella*, *Mycoplasma*, *Rickettsia*, *Salmonella* y *Yersinia*. **Conclusiones.** Las garrapatas del departamento de Córdoba albergan una diversidad significativa de virus y bacterias importantes para la salud pública animal y humana, los resultados son claves para el análisis desde la perspectiva de salud pública integrada al concepto de One Health.

O-095

Retirado

O-096

Acarreo y liberación de antibióticos usando silicofosfatos de sodio-calcio para el tratamiento de osteomielitis: ensayos in vitro y evaluación clínica

Mesa-Mejía G, Aguillón-Osma J, Villada-Ramos J, Rincón-López J, Lora-Suárez F.
Universidad del Quindío; Dinso México.
Armenia
jaguillon@uniquindio.edu.co

Introducción. La osteomielitis es una infección ósea frecuentemente causada por *Staphylococcus aureus*, cuyo tratamiento convencional combina cirugía y antibioticoterapia prolongada. Sin embargo, la limitada penetración de los antibióticos en el tejido óseo y los efectos adversos derivados de su administración sistémica dificultan el manejo efectivo de esta enfermedad. Debido a ello, los biomateriales biocerámicos han surgido como una alternativa innovadora para la liberación local y controlada de antibióticos, permitiendo mantener concentraciones terapéuticas elevadas directamente en el sitio de infección. **Objetivos.** Evaluar un sistema biocerámico basado en silicofosfatos de sodio-calcio cargado con gentamicina y vancomicina, determinando su capacidad de liberación controlada y su actividad antimicrobiana frente a *Staphylococcus aureus*, así como su potencial terapéutico en casos veterinarios de osteomielitis. **Materiales y métodos.** Se utilizaron cepas de *Staphylococcus aureus* ATCC25923 activadas en caldo BHI. Las perlas biocerámicas fueron elaboradas con silicofosfatos de sodio-calcio mezclados con clorhidrato de vancomicina y gentamicina. La liberación de los antibióticos se evaluó durante 30 días mediante ensayos cualitativos de Kirby-Bauer y cuantitativos de microdilución en placa. Adicionalmente, se analizaron dos casos clínicos veterinarios de osteomielitis: uno tratado con biocerámicos cargados con antibióticos y otro manejado únicamente con terapia antibiótica sistémica. **Resultados.** Los tratamientos mostraron halos de inhibición persistentes durante los 30 días de evaluación, evidenciando una liberación sostenida de los antibióticos. El tratamiento con tres perlas presentó los mayores halos de inhibición, alcanzando hasta 27 mm. En los ensayos cuantitativos se registró una inhibición bacteriana superior al 90% durante gran parte del periodo experimental. Clínicamente, el paciente tratado con biocerámicos presentó cierre de fistulas y consolidación ósea completa a los 60 días, mientras que el caso control mostró una recuperación más lenta y persistencia de alteraciones óseas. **Conclusiones.** Los biocerámicos demostraron ser sistemas eficaces para el transporte y liberación controlada de gentamicina y vancomicina, manteniendo actividad antimicrobiana prolongada frente a *Staphylococcus aureus*.

Otros tópicos

O-097

Dengue in high-altitude (>2,000 m) municipalities of Colombia, 2018–2024: a nationwide, surveillance-based description of cases in presumed non-endemic areas

Londoño-Ruiz J, Rodríguez-López A, Gutiérrez-Tobar I.
Clínica Reina Sofía Pediátrica y Mujer; Clínica Infantil Colsubsidio; Clínica Infantil Santa María del Lago.
Bogotá
jp.londono81@gmail.com

Introduction. Dengue transmission is classically limited to areas below ~2,000 m above sea level, the altitudinal ceiling of its principal vector, *Aedes aegypti*. Climate change, urbanization and human mobility may be raising this limit toward populations long considered non-endemic. **Objectives.** To quantify and characterize dengue among residents of Colombian municipalities at or above 2,000 m during 2018–2024, in order to inform research and prevention—including vaccination—in presumed non-endemic, high-altitude settings. **Materials and methods.** Descriptive analysis of individual dengue notifications (event 210) from the national surveillance system (SIVIGILA), 2018–2024, aggregated by municipality of residence (DANE codes). Municipalities with seats ≥2,000 m were identified using reference altitudes (DANE/IGAC). We described temporal trends, age, sex, hospitalization, case classification and geography, and estimated incidence using DANE population projections. **Results.** Of 794,766 national cases, 14,634 (1.8%) occurred in residents of 174 municipalities ≥2,000 m (of 208; 84%), including settlements above 2,800 m. Cases tracked national epidemics, peaking in 2024 (n=6,469). Median age was 30 years (IQR 16–47); 21% were children < 15 years; 49% were female. Overall, 38% were hospitalized and 43% laboratory-confirmed. Bogotá (2,640 m) contributed 8,787 cases; further foci occurred in Cundinamarca, Santander, Boyacá, Nariño, Caldas, Tolima and Antioquia, with high focal incidence in small municipalities (e.g., Málaga, Herveo, Silos). **Conclusions.** Dengue in high-altitude Colombian municipalities is widespread, affects all ages including children, and is frequently associated with hospitalization, rising during recent epidemics. Should autochthonous transmission be confirmed, these data support considering dengue vaccination strategies in high-altitude, historically non-endemic areas not currently prioritized by immunization programs, alongside entomological surveillance and autochthonous-versus-imported case classification.

O-098

Detección molecular de *Coxiella burnetii*, *Anaplasma* y *Ehrlichia* y caracterización de fuentes de alimentación de garrapatas de fincas ganaderas del Magdalena medio, Colombia

Cabrera-Orrego R, Alzate-Botero L, Zapata S, Durango-Manrique Y, López-López L, Gómez G, Gutiérrez-Builes L.
Universidad Pontificia Bolivariana; Universidad Nacional de Colombia.
Medellín
ruthco12@gmail.com

Introducción. Las garrapatas actúan como vectores de diversos patógenos que impactan la salud pública. Estudiar la red de interacciones y dinámica de transmisión entre vectores, bovinos y humanos requiere determinar la presencia de estos microorganismos y evaluar con precisión sus fuentes de alimentación. **Objetivos.** Detectar molecularmente la presencia *C. burnetii*, *Anaplasma* spp. y *Ehrlichia* spp., e identificar las fuentes de alimentación de las garrapatas en dos fincas ganaderas de Puerto Berrío, Antioquia. **Materiales y métodos.** Se recolectaron garrapatas de bovinos, equinos, caninos, carneros y potrereros en dos fincas ganaderas ubicadas en el Magdalena Medio. Su identificación taxonómica se realizó mediante claves morfológicas y barcoding de ADN (gen COI). Se identificó la fuente de alimentación sanguínea mediante PCR-HRM y secuenciación del gen ARNr 16S mitocondrial de vertebrados. La detección de patógenos incluyó qPCR de los genes IS1111 (*Coxiella* spp.) y ARNr 23S (*Anaplasma* spp. y *Ehrlichia* spp.), y PCR convencional para la confirmación mediante secuenciación (genes *rpoB*, *groEL* y ARNr 16S bacteriano). El análisis estadístico descriptivo consistió en la estimación de frecuencias absolutas y relativas empleando el software Jamovi. **Resultados.** Se identificaron garrapatas de las especies *Rhipicephalus microplus*, *Dermacentor nitens* y *Rhipicephalus sanguineus*. El análisis del gen ARNr 16S confirmó alimentación sobre *Bos taurus*, *Equus caballus* y *Homo sapiens*, detectando ADN humano incluso en fases larvarias. Se detectó *C. burnetii* en animales domésticos (10,5%; 4/38) y en garrapatas (1,36%; 25/1840). Por estadio, la infección por *C. burnetii* fue del 1,6% en pools de larvas (3/182), del 1,3% en ninfas (6/449) y del 1,3% en adultos (16/1209). Filogenéticamente se verificó la coexistencia de clados patógenos y endosimbiontes en *Coxiella*. Adicionalmente, se confirmaron *A. marginale* (0,50%) y *Ehrlichia* spp. (0,08%) en *R. microplus*. **Conclusiones.** La circulación de patógenos transmitidos por garrapatas en sistemas pecuarios colombianos refuerza la necesidad de fortalecer la vigilancia epidemiológica desde una perspectiva de Una Salud.

O-099

Efectos adversos hematológicos durante el tratamiento de toxoplasmosis congénita: un estudio observacional de una cohorte de la universidad del Quindío

Correa-Triviño L, Castro-Arias M, Gutiérrez-Reyes J, Ramírez-García S, Gómez-Marín J.
Universidad del Quindío.
Armenia
laurac.correat@uqvirtual.edu.co

Introducción. El tratamiento postnatal de la toxoplasmosis congénita se basa en pirimetamina y sulfonamidas, fármacos que inhiben la vía del folato del parásito. No obstante, este régimen se asocia con supresión medular y diversos eventos adversos hematológicos, lo que resalta la importancia de un monitoreo paraclínico riguroso para orientar la conducta clínica. **Objetivos.** Describir y analizar los cambios hematológicos en un grupo de pacientes con toxoplasmosis congénita que recibieron tratamiento postnatal durante su primer año de vida en la Universidad del Quindío. **Materiales y métodos.** Se realizó una revisión retrospectiva de historias clínicas de niños tratados entre los años 2000 y 2026. Se evaluaron niveles de hemoglobina, recuentos de neutrófilos, dosis de la mezcla Sulfadiazina-Pirimetamina y respuesta a la suplementación con ácido fólico por vía oral. **Resultados.** Se incluyeron en la revisión un total de 84 niños. La mayoría recibió el esquema de Pirimetamina-Sulfadoxina (Falcidar®). Los efectos adversos más frecuentes fueron la anemia y la neutropenia, presentándose con mayor severidad entre el segundo y tercer mes de vida, coincidiendo con dosis de la mezcla superiores a 2,5 cc. Se documentaron casos críticos de anemia (Hb 7,3 g/dL) y neutropenia (10%) que requirieron ajustes en la dosis de ácido fólico oral (preparación magistral 5 mg/ml) o cambios de esquema terapéutico para permitir la recuperación medular. **Conclusiones.** Las alteraciones hematológicas son frecuentes durante el tratamiento postnatal, pero generalmente reversibles mediante el ajuste de la dosis de ácido fólico oral; sin embargo, los casos de toxicidad severa obligan a la suspensión temporal o cambio de fármaco para garantizar la seguridad del paciente.

O-100

Competencia analítica y aseguramiento de calidad para la detección de protozoos transmitidos por agua: experiencia colombiana basada en ensayos de aptitud internacionales

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

Introducción. La detección de protozoos de importancia en salud pública en agua potable requiere metodologías altamente confiables y laboratorios con competencia técnica demostrable mediante esquemas de aseguramiento externo de la calidad. **Objetivos.** Evaluar los factores técnicos y de gestión asociados al desempeño analítico sostenido en ensayos de aptitud internacionales para detección de *Giardia* spp. y *Cryptosporidium* spp., y su contribución al fortalecimiento de capacidades para la implementación de monitoreo y detección de protozoos en el Quindío. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo longitudinal realizado en el Laboratorio de Parasitología de la Universidad del Quindío entre 2015 y 2025. Se analizaron los resultados históricos de participación en ensayos de aptitud internacionales provistos por AGLAE para detección de quistes de *Giardia* spp. y oquistes de *Cryptosporidium* spp. en matrices acuosas, junto con registros internos del sistema de gestión de calidad acreditado bajo ISO/IEC 17025:2017 por ONAC. Se evaluaron indicadores de desempeño analítico, % de recuperación, conformidad de resultados, estabilidad metodológica y acciones de aseguramiento de calidad implementadas durante el periodo de estudio. **Resultados.** Se obtuvo desempeño satisfactorio sostenido en esquemas internacionales de ensayos de aptitud, con recuperaciones dentro de rangos aceptables y concordancia frente a aproximadamente 19 laboratorios internacionales participantes. Se evidenció estabilidad analítica asociada a entrenamiento continuo del personal, experiencia en identificación microscópica, optimización de procedimientos de concentración y recuperación, implementación de controles internos, calibración trazable de equipos, auditorías y monitoreo de indicadores de calidad. Paralelamente, se verificaron metodologías moleculares basadas en PCR para detección de protozoos en diferentes matrices ambientales fortaleciendo la capacidad diagnóstica y de vigilancia ambiental del laboratorio. **Conclusiones.** La participación en ensa-

yos de aptitud, gestión de calidad basada en normas ISO y fortalecimiento de metodologías constituye un modelo robusto y reproducible para la vigilancia de protozoos transmitidos por agua y la evaluación del riesgo en salud pública.

O-101

Diversidad bacteriana en leche cruda bovina y evaluación molecular de *Coxiella burnetii* tras tratamientos térmicos

Cabrera-Orrego R, Vásquez M, Ríos-Tobón S, López-López L, Isaza J, Gutiérrez-Builes L.
Universidad Pontificia Bolivariana; Universidad de Antioquia.
Medellín
ruthco12@gmail.com

Introducción. La leche cruda bovina alberga una microbiota de interés biotecnológico y sanitario, cuyo estudio mediante herramientas moleculares contribuye a comprender la inocuidad alimentaria y los procesos de transformación. **Objetivos.** Caracterizar la diversidad bacteriana en leche cruda bovina y explorar, mediante herramientas moleculares, la detección de *Coxiella burnetii* en muestras sometidas a distintos tratamientos térmicos. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional con muestras de leche bovina provenientes de una planta procesadora en Antioquia, recolectadas durante 12 meses. La diversidad bacteriana se evaluó en 12 muestras de leche cruda mediante cultivo microbiológico y secuenciación del gen ARNr 16S. Adicionalmente, se analizaron 36 muestras pareadas (crudas y sometidas a diferentes tratamientos térmicos) para explorar la detección molecular de *Coxiella burnetii* mediante qPCR (IS1111) y la identificación de ARN mediante RT-qPCR como aproximación indirecta a la actividad biológica. **Resultados.** Mediante métodos de cultivo se aislaron bacterias comúnmente descritas en leche cruda, como *Listeria monocytogenes* (12/12) y *Bacillus cereus* (8/12), lo cual es consistente con reportes previos en matrices no procesadas. El perfil metataxonómico de la leche cruda evidenció la predominancia de *Pseudomonas* (61,7%), *Lactococcus* (9,5%) y *Acinetobacter* (5,5%), sin variación estacional significativa (PERMANOVA, p=0,523). La detección molecular evidenció la presencia de ADN de *C. burnetii* en las muestras analizadas. La evaluación del ARN como marcador indirecto reveló señales compatibles con actividad biológica en una proporción de las muestras, incluso tras tratamientos térmicos. **Conclusiones.** La leche cruda presenta una diversidad bacteriana relevante en términos biotecnológicos y sanitarios. La detección molecular de *C. burnetii* ofrece información preliminar, pero no constituye evidencia directa de viabilidad ni de riesgo de transmisión, por lo que requiere confirmación mediante cultivo y estudios complementarios. Estos hallazgos resaltan la importancia de los tratamientos térmicos, del control de calidad y de la investigación continua sobre el riesgo microbiológico.

O-102

Diversidad, caracterización molecular y distribución espacial de insectos de importancia médica en el departamento de Sucre, Colombia

Arrieta-Bernate G, Alemán M, Contreras-Martínez H, López-Mejía Y, Tique-Salleg V, Romero-Ricardo L, López-Mejía Y, Echeverri-De La Hoz D, Hoyos-López R, Corrales L, Brango E, Álvarez K, Borja G, Uparela D, Noche L, Mattar S.

Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico, Universidad de Córdoba; Laboratorio de Salud Pública, Gobernación de Sucre - Secretaría de Salud Departamental; Grupo Salud Pública y Auditoría en Salud, Corporación Universitaria del Caribe - Cecar.
Cereté
yeimilopezm@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. Los insectos hematófagos son los principales vectores de infecciones tropicales. En el Caribe colombiano, el departamento de Sucre posee ecosistemas propicios para la proliferación de mosquitos, flebotomíneos y triatominos, transmisores de arbovirus, *Leishmania* spp. y *Trypanosoma cruzi*, respectivamente. **Objetivos.** Caracterizar la diversidad de insectos de importancia médica en once municipios de Sucre, determinar las especies predominantes e identificar patógenos de relevancia en salud pública mediante análisis moleculares y mapas de riesgo. **Materiales y métodos.** Entre 2024 y 2025 se realizaron muestreos entomológicos en 11 municipios. Los especímenes se identificaron morfológicamente y se procesaron en pools para extracción de ADN/ARN. La detección de patógenos incluyó qPCR, RT-qPCR, ddPCR, PCR convencional y secuenciación. Los amplicones se analizaron en GenBank

(BLASTn) y la filogenia se procesó por máxima verosimilitud (IQ-TREE2/iTOL). Los resultados se especializaron para delimitar las áreas de riesgo. **Resultados.** Se capturaron 17.933 insectos: 69,4% mosquitos destacando la identificación de *Aedes aegypti* (5%) y *Anopheles triannulatu* (3%) y el primer reporte de *Aedes albopictus* (1,3%); 30,6% flebotómicos predominando *Lutzomyia evansi* (69) y 0,01% triatomos con *Rhodnius pallescens* y *Panstrongylus geniculatus*. Molecularmente se detectó *Leishmania* spp. (incluyendo *L. infantum* en Ovejas), ADN de *T. cruzi* en El Roble, y Flavivirus (DENV-2 y DENV-3) en San Marcos, además de flavivirus en *Culex*, Cell fusing agent virus y. El modelado espacial ubicó los focos críticos y áreas de influencia concentrados en entornos urbanizados y cabeceras municipales. **Conclusiones.** Se confirmó una alta diversidad de vectores y circulación activa de patógenos de alto impacto en salud pública, incluyendo virus del dengue (DENV-2 y DENV-3), Flavivirus, *Leishmania* spp. (incluyendo *L. infantum*) y *Trypanosoma cruzi*, además la presencia de la especie invasora *Aedes albopictus* un hallazgo de especial relevancia. Esto resalta la necesidad urgente de fortalecer la vigilancia entomológica y epidemiológica regional para optimizar el control vectorial.

O-103

Prevalencia de los genotipos de virulencia de *Helicobacter pylori* *vacA*, e *iceA* en pacientes con dispepsia

Pinto-Angarita J, García-Del Risco F, Salas-Romero S, Paternina-Ricardo S, Arroyo-Salgado B.
Universidad de Cartagena.
Cartagena
asalasr@unicartagena.edu.co

Introducción. *Helicobacter pylori* (*H. pylori*) ha sido considerado el principal responsable de gastritis crónica activa, úlceras pépticas, linfoma del tejido linfoide y adenocarcinoma gástrico. Técnicas moleculares han permitido detectar de manera temprana infecciones por *H. pylori*, mostrando una elevada sensibilidad y especificidad comparado con otras pruebas útiles de rutina. **Objetivos.** Identificar genotipos de virulencia (*iceA* y *vacA*) del *H. pylori* mediante PCR en pacientes con dispepsia que consultan al servicio de gastroenterología de un hospital de la ciudad de Cartagena, Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó estudio observacional tipo transversal con muestreo no probabilístico compuesto por 36 pacientes que cumplieron criterios de inclusión, se realizó endoscopia, y toma de biopsias gástricas en las que se evaluó la presencia de ADN genómico de *H. pylori* mediante PCR del gen ARNr 16S y se identificaron genotipos virulentos mediante PCR para los genes *iceA* y *vacA*. **Resultados.** La epigastralgia se presentó como síntoma predominante en el 82%, seguido de llenura postprandial con 70% y saciedad precoz en el 68%; los hallazgos endoscópicos identificados con mayor frecuencia fueron la gastropatía hiperémica antral (74%), seguida de la gastropatía erosiva antral (24%). Se identificó ADN de *H. pylori*, en 19 muestras de individuos con síntomas dispépticos, mostrando una positividad del 53% (19/36); del total de pacientes positivos por prueba molecular el genotipo más frecuentemente identificado fue el genotipo *vacA* en el 31,5%, seguido del genotipo combinado *iceA2/vacA* 21% y el genotipo *iceA2* 10,5%. **Conclusiones.** Teniendo en cuenta el papel significativo de los factores de virulencia en la patogenicidad de *H. pylori* y la presencia de genotipos virulentos en pacientes con síntomas dispépticos se requiere de un manejo oportuno y desarrollo de más estudios que informen sobre la circulación de cepas virulentas en la región Caribe en especial del departamento de Bolívar.

O-104

Colonización microbiana de diferentes tipos de cerdas de cepillos de dientes

Castillo-Perdomo D, Delgadillo-Salgado N, Lafaurie-Villamil G.
Unidad de Investigación Básica Oral (UIBO), Vicerrectoría de Investigaciones, Facultad de Odontología, Universidad El Bosque.
Bogotá
castillodiana@unbosque.edu.co

Introducción. El cepillo de dientes es un elemento de uso diario para la salud bucal. También se ha considerado un reservorio de microorganismos, incrementando el riesgo de desarrollar infecciones orales y extraorales. Actualmente, se comercializan cepillos con cerdas de diferentes materiales con diferentes capacidades de adhesión bacteriana. **Objetivos.** Evaluar la colonización microbiana en cepillos de dientes con diferentes tipos de cerdas como nylon, nylon-AC, Tynex® y Curen®. **Materiales y métodos.** Se evaluaron 9 cepillos de cada tipo de cerda. Todos los cepillos se contaminaron con inó-

culos de 1x10⁸ bacterias/levadura/mL, con las cepas *Enterobacter cloacae* ATCC-13047, *Streptococcus oralis* ATCC-35037 y *Candida albicans* ATCC-90028 en caldo BHI, se incubaron durante 24h a 37°C. Posteriormente se realizaron diluciones seriadas y se sembraron en diferentes agares para recuento de Log-CFU/mL. Todos los experimentos se realizaron por triplicado, tres replicas independientes. Se realizó prueba de Shapiro-Wilk, ANOVA de una vía con Tukey post-Hoc utilizando GraphPad-Prism-8.0. **Resultados.** Los diferentes tipos de cerdas fueron colonizadas con *S. oralis* en alta proporción (Log 5-6), las cerdas Curen® mostrando colonización más alta (p< 0,05). Para *E. cloacae*, no hubo diferencias significativas entre Nylon-AC y Nylon (Log 6), las cerdas Curen® presentaron un Log de 5, mientras que las cerdas Tynex® no fueron colonizadas por este microorganismo. La colonización por *C. albicans* fue menor (Log 5,2) para las cerdas de Nylon-AC y Nylon Curen® (Log 4,3). Las cerdas de Tynex® no fueron colonizadas por este microorganismo. **Conclusiones.** Las cerdas de Nylon-AC y Curen® presentaron alta colonización microbiana. Por el contrario, las cerdas de Tynex® no presentaron colonización con *E. cloacae* y *C. albicans*, lo cual podría ser prometedor para el manejo de la salud bucal y sistémica, especialmente en pacientes con alto riesgo sistémico.

Micología

O-105

Determinantes de fungemia en pacientes con infección grave por SARS-CoV-2: un estudio de casos y controles en un hospital de referencia del Valle del Cauca, Colombia

Lozada-Ramos H, Cardona-Murillo C, Daza-Arana J, Millán-Oñate J, Montenegro-Palacio J.
Universidad Santiago de Cali; Clínica de Occidente.
Cali
heiler@outlook.com

Introducción. Los individuos con COVID-19 grave hospitalizados en unidad de cuidados intensivos (UCI) tienen un riesgo aumentado de fungemia, una complicación con elevada morbilidad y mortalidad. **Objetivos.** El objetivo de este estudio fue identificar los factores asociados al desarrollo de fungemia en pacientes con diagnóstico de COVID-19 grave atendidos en un centro de referencia del Valle del Cauca, Colombia. **Materiales y métodos.** Se utilizó un diseño analítico de casos y controles, incluyendo 165 pacientes adultos (33 casos y 132 controles) con COVID-19 confirmado, cuyos datos se recopilaron retrospectivamente (marzo 2020-enero 2024). Se calcularon Odds Ratios ajustados (ORa) mediante regresión logística binaria para estimar la fuerza de asociación. **Resultados.** La mortalidad fue significativamente superior en los casos (81,8%) en comparación con los controles (60,6%) (p=0,022). El modelo multivariado (AUC 0,918) identificó 12 factores de riesgo independientes. Las asociaciones más fuertes incluyeron: índice de Charlson elevado (≥ 3) (ORa=8,55), bacteriemia concomitante (ORa=7,71), neoplasia hematológica (ORa=7,27) y uso de nutrición parenteral (NPT) (ORa=7,17). Otros factores significativos fueron: APACHE ≥ 20 (ORa=5,62), edad ≥ 65 años (ORa=5,26), tratamiento inmunosupresor crónico (ORa=4,44), enfermedad renal crónica (ORa=4,33), uso de antibióticos hospitalarios (ORa=4,09), tabaquismo (ORa=3,88), neoplasia sólida (ORa=3,83), y trombocitopenia ($< 150.000/\mu\text{L}$) (ORa=3,34). **Conclusiones.** La fungemia es multifactorial y está fuertemente asociada a la carga de comorbilidades crónicas y a la gravedad de la enfermedad crítica inicial. Estos hallazgos recomiendan implementar estrategias de vigilancia proactiva y manejo preventivo en pacientes con COVID-19 con perfiles de alto riesgo.

O-106

Desarrollo de un protocolo nacional para la prevención y manejo de infecciones en niños con leucemia mieloide aguda en Colombia: iniciativa colaborativa MAMUTTS©

Pérez P, Arroyave F, Camacho-Moreno G, Hincapié-Ayala D, Aguilar-Mejía J, Barragan L, Bolívar S, Cespedes-Reyes J, Fonseca E, Franco-Moreno A, Portilla C, Quijano-Lievano M, Ramírez O, Piña M, Lotero V, Lasso-Palomino R, Gálvis-Blanco L, Tovar-Padua L, Aristizabal P.
Fundación Valle del Lili; Hospital Pablo Tobon Uribe; Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia (HOMI); Clínica de Occidente; Clínica Infantil Colsubsidio; Pontificia Universidad Javeriana; Clínica Imbanaco; Instituto Nacional de Cancerología; Rady Children's Health San Diego.
Universidad Nacional de Colombia.
Cali
dhincapie13@gmail.com

Introducción. La leucemia mieloide aguda (LMA) es una de las neoplasias pediátricas de mayor mortalidad, principalmente por complicaciones infecciosas. Datos del Sistema de Monitoreo de Desenlaces Clínicos del Cáncer Infantil en Colombia (VIGICANCER, 2018-2026) identificaron una mortalidad relacionada con el tratamiento a 12 meses del 12% en niños colombianos con LMA, siendo la sepsis responsable de $\geq 90\%$ de las muertes prevenibles. **Objetivos.** Desarrollar un protocolo nacional para la prevención y manejo de infecciones en niños con LMA en Colombia. **Materiales y métodos.** El grupo MAMUTTS® (MANejo MULTidisciplinario para el Tratamiento de la neuTropenia febril y Sepsis), conformado por representantes de las sociedades científicas y expertos en oncohematología pediátrica, infectología pediátrica, pediatría, cuidado crítico pediátrico y enfermería oncológica, realizó una revisión estructurada de la literatura. En seis reuniones de consenso durante 20 semanas se identificaron temas clave, y se realizaron múltiples iteraciones del primer protocolo de soporte de LMA, adaptando recomendaciones publicadas al contexto epidemiológico, microbiológico y de disponibilidad de recursos en Colombia. **Resultados.** El "Protocolo de Soporte MAMUTTS® LMA ACHOP 2026" incluye recomendaciones estandarizadas para: 1) atención y seguimiento del niño con LMA y neutropenia febril; 2) profilaxis antibacteriana; 3) profilaxis antifúngica; 4) profilaxis antiviral; 5) manejo odontológico y de mucositis; y 6) vacunación. **Conclusiones.** La creación del primer protocolo nacional para la prevención y manejo de infecciones en niños con LMA representa un esfuerzo colaborativo transdisciplinario enfocado en disminuir la mortalidad prevenible en esta población vulnerable. Esta iniciativa fortalece la estandarización del cuidado de soporte en Colombia y constituye un modelo reproducible para otras disciplinas en nuestro país y en países de ingresos bajos y medianos. Los próximos pasos incluyen la difusión e implementación del protocolo a nivel nacional y la evaluación del impacto en los desenlaces clínicos a través de VIGICANCER.

O-107

Transcriptómica y lipidómica comparativas en aislamientos clínicos de *Malassezia* spp. susceptibles y resistentes a anfotericina B

Galvis-Marín J, Celis-Ramírez A, Tabares-Villa F, Zuluaga-Vélez A, Rojas-Estévez P, Cala-Molina M, Sepúlveda-Arias J.
Universidad Tecnológica de Pereira; Universidad de los Andes; Instituto Nacional de Salud.
Pereira
jcggalvis@utp.edu.co

Introducción. *Malassezia* spp. son levaduras lipodependientes comensales de la piel que causan infecciones superficiales y fungemia. La anfotericina B sigue siendo clave en el tratamiento a pesar de su toxicidad y la disminución de la susceptibilidad. **Objetivos.** Este estudio caracterizó el perfil de susceptibilidad a anfotericina B e identificó huellas transcriptómicas y lipidómicas de resistencia a polienos en aislamientos clínicos de *Malassezia* spp. **Materiales y métodos.** Estudio experimental realizado en la Universidad Tecnológica de Pereira y la Universidad de los Andes entre 2024 y 2025. Se evaluaron cuatro aislamientos clínicos de *M. sympodialis* y *M. furfur*, y las cepas de referencia CBS 7222 y CBS 1878, utilizando el protocolo CLSI M27-A3 modificado para CMI y concentraciones sub-inhedoras. Los transcriptomas generados por secuenciación Oxford Nanopore se analizaron usando DESeq2 ($|\log_2FC| > 2$, $p < 0,05$). El análisis lipidómico se realizó por HPLC-QTOF-MS. **Resultados.** Un aislamiento por especie fue susceptible a anfotericina B, mientras otro fue resistente, al igual que las cepas de referencia. Los aislamientos resistentes no mostraron cambios transcripcionales marcados tras la exposición al antifúngico y presentaron pocos genes diferencialmente expresados, no asociados a la biosíntesis de ergosterol. Los análisis funcionales indicaron procesos relacionados con homeostasis, traducción y respuesta al estrés. El análisis lipidómico detectó aproximadamente 200 especies de lípidos; aunque las clases globales no variaron, los aislamientos resistentes mostraron una remodelación cualitativa de lípidos, incluyendo aumento de ácidos grasos de cadena larga, FAHFA, diacilglicerol y ceramidas; además, el aislamiento *M. sympodialis* resistente presentó más colesterol. El análisis integrado evidenció diferencias claras entre grupos y asociaciones entre genes y lípidos vinculadas a la organización de membrana, tolerancia al estrés y metabolismo. **Conclusiones.** La resistencia a anfotericina B en *Malassezia* spp. sugiere una reprogramación metabólica y una remodelación de los lípidos de la membrana. Estos resultados apoyan el uso de enfoques multiómicos para identificar marcadores de resistencia antifúngica.

O-108

Performance of a lateral flow device for rapid identification of *Candida auris* directly from cultured colonies

Ceballos-Garzón A, Morelo M, Gómez J, Josa D.
Universidad del Rosario; Synlab; Fundación Clínica Shaio.
Bogotá
carlos.ceballos@urosario.edu.co

Introduction. *Candidozyma* (*Candida*) *auris* is a multidrug-resistant pathogen that spreads efficiently in healthcare settings. Rapid and accurate identification is critical for outbreak containment and antifungal stewardship. However, routine biochemical methods frequently misidentify this species, and molecular platforms require specialised infrastructure. Lateral flow devices (LFDs) present a simple, low-cost alternative. **Objectives.** To evaluate the sensitivity, specificity, and limit of detection (LoD) of the NG-Test *C. auris* LFD (NG Biotech, France) for identification of *C. auris* from cultured colonies, and to assess the effect of different culture media on test performance. **Materials and methods.** We tested 27 isolates, including *C. auris* clades I-IV ($n=10$) and 17 non-*C. auris* species. Identification was confirmed by MALDI-TOF MS and ITS sequencing. The LFD was performed according to the manufacturer's instructions using colonies from Sabouraud Dextrose Agar. We then repeated the protocol using CHROMagar™ *Candida* Plus. LoD was determined by serial dilution. **Results.** The LFD correctly identified all *C. auris* isolates (sensitivity 100%, 95% CI 66–100%). No cross-reactivity occurred with any non-*C. auris* species tested, including *C. haemulonii*, *C. pseudohaemulonii*, *C. duobushaemulonii*, and *C. guilliermondii* (specificity 100%, 95% CI 81–100%). The LoD was 260 CFU/ μ L. Notably, colonies grown on CHROMagar required double the inoculum volume to yield a positive result compared with those from Sabouraud agar. **Conclusions.** The NG-Test is a rapid, user-friendly LFD that accurately identifies *C. auris* from routine culture media. However, performance appears medium-dependent, necessitating local validation before clinical implementation. As the first independent evaluation of this test worldwide, our findings support its use as a cost-effective tool that requires minimal training.

O-109

Fluconazole-resistant *Candida parapsilosis* in Colombia: spread of multi-clone across hospitals

Berrio-Medina I, Moraga J, Ruiz-Gaitán A, Jiménez-Henao L, Gómez-Velásquez J, Paniagua-Saldarriaga L, Muñoz P, Cardeño J, Escribano P, Guinea J.
Hospital General de Medellín; Clinical Microbiology and Infectious Diseases; Hospital General Universitario Gregorio Marañón; Hospital la Fe, España; Laboratorio Departamental de Salud Pública de Antioquia; Synlab; Department of Medicine, Division of Infectious Diseases, IPS Universitaria.
Medellín
indiraberriom@hotmail.com

Introduction. Isolates harbouring the Y132F ERG11p substitution have been previously reported in Colombia; however, the diversity and distribution of fluconazole-resistant *Candida parapsilosis* sensu stricto (FRCP) genotypes remain insufficiently characterised. **Objectives.** We investigated FRCP isolates recovered from 97 patients admitted to 18 healthcare facilities across four cities (Medellín, Rionegro, Envigado, and Apartadó) in the Antioquia department, Colombia, between July 2020 and October 2025. **Materials and methods.** We investigated FRCP isolates recovered from 97 patients admitted to 18 healthcare facilities across four cities (Medellín, Rionegro, Envigado, and Apartadó) in the Antioquia department, Colombia, between July 2020 and October 2025. Fluconazole-resistant isolates studied by Vitek in local laboratories and submitted to the regional public health centre All isolates shipped to Gregorio Marañón Hospital for microbiological characterisation. **Results.** Based on fluconazole susceptibility, 76 isolates were resistant, 17 were susceptible increased exposure, and four were susceptible. Y132F screening was positive in 80 isolates and negative in 17; *erg11* sequencing was performed in 25 isolates. Among fluconazole-resistant isolates, 17 were resistant to voriconazole and nine to posaconazole; no echinocandin or amphotericin B resistance was detected. Forty-five genotypes were identified, comprising 32 singletons and 13 clusters, of which 11 clusters involved isolates recovered from two or more hospitals. All fluconazole-susceptible isolates were singletons. Y132F-harbouring isolates formed 32 singletons and 11 clusters (58 isolates; range 2–19 isolates per cluster). Most Y132F genotypes (28/33) were identified in

Medellín, representing 56 isolates; the remainder formed five clusters distributed across the other cities. Fluconazole non-susceptible isolates with wild type *erg11* gene sequences ($n=13$) belonged to six singletons and two clusters. **Conclusions.** Most fluconazole-resistant *C. parapsilosis* isolates harboured the Y132F substitution. The combination of singletons and multicentre clusters indicates multiple independent emergences and inter-hospital dissemination of resistant clones in Antioquia, Colombia.

O-110

Más allá del VIH: Criptococosis meníngea, un desafío diagnóstico de alta letalidad en pacientes inmunocompetentes

Vallejo-Serva R, Morales-Giraldo J, Pulido-Angulo A, Muñoz-Lombo J.
Hospital Universitario del Valle; Universidad del Valle.
Cali
drajennylombo@gmail.com

Introducción. La criptococosis meníngea (CM) es una micosis invasiva tradicionalmente asociada a la infección por VIH; sin embargo, existe un aumento progresivo de casos en pacientes VIH negativos, una población heterogénea con respuestas inflamatorias robustas y presentaciones atípicas que favorecen el retraso terapéutico y la alta mortalidad. **Objetivos.** Caracterizar las variables demográficas, clínicas, microbiológicas y de líquido cefalorraquídeo (LCR) en pacientes no VIH diagnosticados con criptococosis meníngea en un hospital de alta complejidad de Cali, Colombia entre 2019 y 2026. **Materiales y métodos.** Análisis observacional, retrospectivo y descriptivo, la población de estudio incluyó a pacientes mayor o igual 18 años con diagnóstico confirmado de infección por *Cryptococcus* (cultivo o antígeno capsular (CrAg)), excluyendo a personas conviviendo con el VIH. El desenlace principal evaluado fue la mortalidad intrahospitalaria. **Resultados.** El análisis abarcó 17 pacientes con una mediana de edad de 60 años (rango 7–89), predominantemente masculinos (61,1%) y aparentemente inmunocompetentes (61,1%). Las manifestaciones clínicas principales fueron cefalea (52,9%) y confusión (44,4%). Predominó la hipertensión endocraneana con una mediana en la presión de apertura de 26,8 cmH₂O. Micológicamente, se aisló *C. neoformans* en el 27,8% de los casos, reportando además un caso de coinfección con *C. gattii*. El antígeno criptocócico (CrAg) en LCR mostró alta utilidad para el diagnóstico (títulos $>1:1024$ diluciones) y la Tinta China fue positiva en el 38,9%. En la estadificación pulmonar destacaron opacidades intersticiales, cavitaciones y derrame pleural (16,7% cada uno). La mortalidad intrahospitalaria alcanzó un alarmante 38,9%, vinculándose clínicamente a presiones de apertura elevadas (26,8 vs. 15,5 cmH₂O) y a un severo retraso diagnóstico (30,0 vs 7,0 días; $p=0,167$). **Conclusiones.** La CM en población no VIH afecta principalmente a adultos mayores aparentemente inmunocompetentes. Su curso diagnóstico insidioso, la hipertensión intracraneal y la elevada letalidad demuestran la necesidad crítica de implementar una sospecha clínica temprana en entornos hospitalarios.

O-111

Trichosporon fungemia in cancer patients: a 14-year retrospective series from a tertiary referral center in Colombia

Álvarez-Rodríguez J, Gómez-Rincón J, Noches-Buelvas A, Cubides-Díaz D, Torres K, Cuervo-Maldonado S, López-Mora M, Jaramillo R.
Universidad Nacional de Colombia; Instituto Nacional de Cancerología.
Bogotá
acnochesb@unal.edu.co

Introduction. *Trichosporon* species are basidiomycetous yeasts increasingly recognized as opportunistic pathogens in immunocompromised hosts. Invasive trichosporonosis is among the leading causes of non-*Candida* yeast fungemia in patients with hematologic malignancies; however, data from Latin America remain scarce. These infections are associated with high mortality and diagnostic challenges, including potential cross-reactivity with fungal biomarkers. **Objectives.** We describe the clinical characteristics, management, and outcomes of *Trichosporon* bloodstream infections in oncology patients. **Materials and methods.** We conducted a retrospective observational study at the National Cancer Institute of Colombia. Adult and pediatric patients with microbiologically confirmed *Trichosporon* spp. infection between 2009 and 2023 were included. Clinical, microbiological, treatment, and outcome data were extracted from electronic medical records. **Results.** Fourteen episodes of *Trichosporon* infection

were identified. The mean age was 32 years (range, 9–67), and 57.1% (8/14) were female. *Trichosporon asahii* was the predominant species, identified in 78.6% (11/14) of cases, followed by *Trichosporon* spp. (2/14) and *T. beigelii* (1/14). Hematologic malignancy was present in 71.4% (10/14) of patients, with acute myeloid leukemia being the most frequent diagnosis. Neutropenia was documented in 78.6% (11/14) at infection onset, and 57.1% (8/14) required intensive care unit admission. Serum galactomannan was positive in two patients, suggesting antigen cross-reactivity. Pulmonary imaging findings were heterogeneous, with diffuse interstitial infiltrates and pleural effusion being the most common abnormalities. All patients received antifungal therapy, mainly voriconazole or amphotericin B formulations. All-cause mortality was 71.4% (10/14). **Conclusions.** *Trichosporon* fungemia is a severe infection in oncology patients, particularly those with neutropenia. Its high mortality, nonspecific imaging findings, and potential galactomannan cross-reactivity underscore the need for early recognition and prompt azole-based therapy.

O-112

Resultados de la vigilancia por laboratorio de Candida spp en Colombia como parte del sistema global de vigilancia de la resistencia a los Antifúngicos (GLASS-Fungi), 2023–2025

Gutiérrez-Santander M, Ovalle M, Lizarazo D, Gamba J, Cuenca-Arias P, Escandón P, Duarte. C.
Instituto Nacional de Salud.
Bogotá
pcuenca@ins.gov.co

Introducción. Las infecciones invasivas por *Candida* spp. son una amenaza en salud pública por su elevada mortalidad, especialmente en pacientes críticos. La resistencia antifúngica limita las terapias con los antifúngicos de primera línea disponibles y resalta la necesidad de fortalecer, crear o estandarizar los sistemas de vigilancia. En 2019, la OMS incorporó el protocolo de implementación temprana para la inclusión de *Candida* spp. (GLASS-Fungi), red de la cual Colombia forma parte desde 2022. **Objetivos.** Describir los resultados de la vigilancia por laboratorio de *Candida* spp., recuperadas de muestras de sangre (GLASS-Fungi) en Colombia durante el período 2023–2025. **Materiales y métodos.** Se analizaron las bases de datos WHONET de *Candida* spp. provenientes de 466 hospitales de 27 departamentos del país. La información fue sometida a control de calidad, depuración de inconsistencias, anonimización y consolidación de variables según lineamientos de la OMS. **Resultados.** Un total de 235 instituciones (50,4%) cumplieron los criterios de OMS al reportar identificación de especie y pruebas de susceptibilidad antifúngica. Los métodos automatizados utilizados para la identificación fueron VITEK® (58%), y Phoenix® (19,7%). Se analizaron 11.574 aislamientos de *Candida* spp, el complejo *C. albicans* presentó la mayor prevalencia (36%), seguido por *C. parapsilosis* (28%), *C. tropicalis* (18%), *N. glabratus* (10%) y *M. guilliermondii* (2%). El 64,6% de los aislamientos contó con pruebas de susceptibilidad antifúngica. La resistencia a fluconazol en *C. parapsilosis* alcanzó 32,4%, mientras que *N. glabratus* y *C. tropicalis* registraron 8% y 7,4%, respectivamente. En equinocandinas, las resistencias fueron de 11,2% en *M. guilliermondii* y 6,2% en *N. glabratus*. **Conclusiones.** Aunque la integración de datos ha optimizado la detección de patrones de resistencia antifúngica, persisten brechas diagnósticas y de vigilancia que exigen fortalecer la capacidad de los laboratorios y garantizar el uso rutinario de pruebas de susceptibilidad para orientar guías de tratamiento basadas en la epidemiología local.

Infectología de adultos

O-113

Baja diversidad en la microbiota bacteriana pulmonar, inflamación y alta mortalidad en pacientes con exceso de peso hospitalizados en UCI por neumonía grave por COVID-19 en Medellín

Vera C, Molina F, Vanegas J, Isaza J, Botero L, Muñoz A, Alarcón P, Correa V.
Universidad Pontificia Bolivariana; Fundación Clínica Universitaria Bolivariana; Universidad CES.
Medellín
cristian.vera@upb.edu.co

Introducción. La obesidad se ha asociado con inflamación sistémica persistente, disfunción inmunometabólica y peores desenlaces en pacientes críticamente enfermos por COVID-19. Sin embargo, la relación entre el índice de masa corporal (IMC) y la microbiota pulmonar en neumonía grave permanece insuficientemente caracterizada. **Objetivos.** Caracterizar el perfil de la microbiota pulmonar y su relación con el IMC en pacientes con neumonía grave por SARS-CoV-2 hospitalizados en UCI. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte retrospectiva en pacientes adultos ingresados a UCI por neumonía grave por COVID-19 entre marzo-julio de 2021. Se procesaron muestras de tracto respiratorio inferior mediante secuenciación 16S rARN y se recolectó información clínica y nutricional durante la estancia en UCI. El análisis bioinformático incluyó filtrado de ASV, normalización CSS y clasificación taxonómica con SILVA v138.1. Se comparó la diversidad α , β y perfiles bacterianos diferenciales mediante PERMANOVA y Random Forest. Las concentraciones séricas de citocinas se analizaron usando Kruskal-Wallis. **Resultados.** Se incluyeron 29 pacientes con mediana de edad de 62 años (RIC:49-70). La mediana del IMC fue 28,6 kg/m² (RIC:27,1-31,3); 44,8% presentó obesidad y 89,7% alto riesgo nutricional. Los phylum predominantes fueron Firmicutes y Proteobacteria. *Streptococcus* spp. constituyó el género dominante en los tres grupos de IMC, mientras *Enterococcus* spp. y *Granulicatella* spp. mostraron mayor capacidad discriminatoria en obesidad y sobrepeso, respectivamente. El índice Shannon fue mayor en normopeso y obesidad frente a sobrepeso, aunque sin diferencias significativas en diversidad α ni β (PERMANOVA $p=0,702$). La disfunción renal ocurrió en 51,7% de los casos, seguida de compromiso neurológico en 28,6%, mientras la mortalidad intrahospitalaria fue elevada, especialmente en pacientes con exceso de peso. Adicionalmente, los grupos con sobrepeso y obesidad exhibieron mayores concentraciones séricas de IL-1 β , IL-6, TNF- α e IL-18. **Conclusiones.** Estos hallazgos sugieren un posible impacto del estado nutricional sobre la ecología microbiana pulmonar, la respuesta inflamatoria sistémica y los desenlaces clínicos en COVID-19 crítico.

O-114

Desempeño diagnóstico del puntaje de bacteriemia de PITT para predecir mortalidad en bacteriemia por *Pseudomonas aeruginosa* resistente a carbapenémicos: cohorte multicéntrica colombiana, 2022–2025

Cañadas-Aragón C, Salazar-Otola N, Vergara-Samur H, Oñate-Gutiérrez J. *Clínica Colsanitas; Clínica Sebastián de Belalcázar: Unidad de Investigación, Grupo One Health en enfermedades infecciosas, Keralty, Fundación Universitaria Sanitas. Santiago de Cali investigacioncsb@colsanitas.com*

Introducción. La estratificación temprana del riesgo de mortalidad en bacteriemia por *Pseudomonas aeruginosa* resistente a carbapenémicos es un reto clínico. El puntaje de bacteriemia de Pitt, calculable a la cabecera y sin costo, podría apoyar la priorización, aunque su desempeño no se ha caracterizado en Colombia. **Objetivos.** Evaluar el desempeño diagnóstico del puntaje de bacteriemia de Pitt para predecir mortalidad a 30 días en bacteriemia por *P. aeruginosa* resistente a carbapenémicos en una red hospitalaria colombiana. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva multicéntrica en seis instituciones de la red Keralty (enero 2022–diciembre 2025). Se incluyeron episodios índice de bacteriemia por *P. aeruginosa* resistente a carbapenémicos (concentración mínima inhibitoria de imipenem y/o meropenem ≥ 8 $\mu\text{g/mL}$; EUCAST 2024). El puntaje de Pitt se calculó al ingreso; el desenlace fue mortalidad a 30 días. Se estimó el área bajo la curva (ABC) con intervalo de confianza del 95% por bootstrap; sensibilidad, especificidad y valores predictivos en el corte ≥ 4 con intervalo de confianza de Wilson, y las medianas se compararon con Mann-Whitney. **Resultados.** Se incluyeron 38 episodios (mediana de edad 58 años, rango intercuartílico 41–72; 65,8% hombres). La mortalidad a 30 días fue del 26,3% (10/38). El puntaje de Pitt fue mayor en fallecidos que en sobrevivientes (mediana 12, rango intercuartílico 9–15, frente a 0; $p < 0,001$). El ABC fue de 0,986 (intervalo de confianza del 95% 0,946–1,000). En el corte ≥ 4 puntos, la sensibilidad fue del 100% (intervalo de confianza del 95% 72,2–100), la especificidad del 96,4% (82,3–99,4), el valor predictivo positivo del 90,9% (62,3–98,4) y el valor predictivo negativo del 100% (87,5–100). **Conclusiones.** El puntaje de bacteriemia de Pitt mostró excelente capacidad discriminativa para mortalidad a 30 días; un valor < 4 tuvo valor predictivo negativo del 100%, identificando con confianza a los pacientes de menor riesgo y permitiendo priorizar vigilancia en quienes tienen puntaje ≥ 4 . Se requiere validación prospectiva.

O-115

PITT ≥ 4 predice mortalidad a 30 días en bacteriemia por *Pseudomonas aeruginosa* resistente a carbapenémicos: cohorte multicéntrica colombiana, 2022–2025

Cañadas-Aragón C, Salazar-Otola N, Sandoval-Moreno L, Vergara-Samur H, Oñate-Gutiérrez J. *Clínica Colsanitas; Clínica Sebastián de Belalcázar: Unidad de Investigación, Grupo One Health en enfermedades infecciosas, Keralty, Fundación Universitaria Sanitas. Santiago de Cali investigacioncsb@colsanitas.com*

Introducción. La bacteriemia por *Pseudomonas aeruginosa* resistente a carbapenémicos se asocia con alta mortalidad, opciones terapéuticas limitadas y necesidad de decisiones clínicas tempranas. En este escenario, una escala simple, gratuita y aplicable a la cabecera del paciente podría facilitar la estratificación pronóstica y priorizar intervenciones oportunas. **Objetivos.** Evaluar el desempeño del Pitt Bacteremia Score como predictor de mortalidad a 30 días en pacientes con bacteriemia por *P. aeruginosa* resistente a carbapenémicos en una red hospitalaria colombiana. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva multicéntrica realizada en seis instituciones de la red Keralty entre enero de 2022 y diciembre de 2025. Se incluyeron episodios índice de bacteriemia por *P. aeruginosa* resistente a carbapenémicos, definidos por el primer hemocultivo positivo por hospitalización y resistencia a imipenem o meropenem. El puntaje de Pitt se calculó el día del primer hemocultivo positivo, considerando temperatura, estado mental, ventilación mecánica, vasopresores y paro cardíaco. Se estimó el área bajo la curva ROC, sensibilidad, especificidad y valores predictivos para mortalidad a 30 días. **Resultados.** De 50 episodios identificados, 40 tuvieron puntaje de Pitt y desenlace evaluables. La mortalidad a 30 días fue 27,5% (11/40). La mediana del Pitt fue significativamente mayor en fallecidos que en sobrevivientes (12 frente a 0; $p < 0,001$), con un área bajo la curva de 0,986. Doce pacientes tuvieron Pitt ≥ 4 y 28 Pitt < 4 . El punto de corte ≥ 4 alcanzó sensibilidad de 100%, especificidad de 96,6%, valor predictivo positivo de 91,7% y valor predictivo negativo de 100%. Todas las muertes ocurrieron en el grupo Pitt ≥ 4 , mientras que no se registraron fallecimientos con Pitt < 4 . El 44,0% de los aislamientos fue extensamente resistente. **Conclusiones.** El puntaje de Pitt ≥ 4 identificó a los pacientes con mayor riesgo de morir a 30 días por bacteriemia por *Pseudomonas aeruginosa* resistente a carbapenémicos. Su uso podría ayudar a estratificar el riesgo de forma rápida y sencilla.

O-116

Etiología de las infecciones de transmisión sexual (ITS) en mujeres, hombres y hombres que tienen sexo con hombres (HSH) en pacientes que consulta al laboratorio clínico 2021 y 2025

Estrada-Mesa J, Jaramillo-Acosta J, Montoya-Duque A. *Laboratorio Clínico Vid. Envigado animontoya1@hotmail.com*

Introducción. Las ITS siguen siendo un problema de salud pública a nivel mundial. La Organización Mundial de la Salud (OMS) estima que más de un millón de personas al día adquieren una ITS. Dado que la mayoría son asintomáticas, el diagnóstico etiológico y el tratamiento resultan complejos. **Objetivos.** Conocer la etiología de las ITS en la población de pacientes atendidos en el Laboratorio Clínico salud VID durante el período 2021–2025, según sexo y práctica sexual. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de corte transversal. Donde se analizaron muestras de orina, hisopado endocervical, uretral, de lesiones genitales, anales, perianales y orofaríngeas. El procesamiento se realizó mediante las técnicas de PCR múltiple e hibridación reversa (Hybridspot®), técnicas de alta sensibilidad y especificidad para la detección simultánea de múltiples patógenos. **Resultados.** Se estudiaron 4.290 muestras, 59,3% correspondientes a H, 33,1% a M y 7,6% a HSH. Las muestras más frecuentes fueron orina (63,5%) y vaginal (20,8%). Se detectó al menos un agente de transmisión sexual en 925 muestras (21,5%). La positividad fue significativamente mayor en HSH (46,5%), seguidos de H (21,3%) y M (16,3%). Los tres principales microorganismos identificados fueron: *C. trachomatis* (A-K) 25,9%, HVS-2 20,1% y N gonorrhoeae 19,2%. En 925 muestras (10,3%) se documentó coinfección por múltiples patógenos. **Conclusiones.** Este estudio caracterizó la etiología de las ITS en una población

colombiana de consulta externa, evidenciando, entre otros hallazgos, una mayor carga enfermedad en HSH. El uso de pruebas moleculares es un acercamiento diagnóstico preciso y práctico que permite un abordaje terapéutico adecuado.

O-117

Cambios en la definición de infección de vías urinarias complicada: ¿simplificación clínica a expensas de estratificación pronóstica?

Pimiento-Díaz M, Nocua-Báez L, Vargas L, Reyes-Pabón L, Cortés-Luna J.

Keralty; Universidad Nacional de Colombia; Hospital Universitario Nacional de Colombia; Clínica Universitaria.

Bogotá

mariana.pimiento@colsanitas.com

Introducción. Tradicionalmente, la IVU complicada se ha definido por factores anatómicos y comorbilidades asociados con peores desenlaces clínicos. Recientemente, la Infectious Diseases Society of America (IDSA) propuso una nueva clasificación sindrómica. Sin embargo, su desempeño pronóstico no ha sido formalmente evaluado. **Objetivos.** Comparar desenlaces clínicos utilizando la definición tradicional y la nueva clasificación. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva de adultos hospitalizados por IVU adquirida en la comunidad en dos hospitales de Bogotá entre 2013 y 2020. Los pacientes fueron clasificados utilizando la definición tradicional y la nueva de IVU complicada. Se compararon mortalidad, ingreso a cuidados intensivos, estancia hospitalaria, duración de antibioticoterapia y reingreso. **Resultados.** Se incluyeron 1.686 pacientes. Según la definición tradicional, 114 pacientes fueron clasificados como IVU no complicada y 1.324 como complicada, mientras que con la nueva definición, 354 y 1.084 pacientes fueron clasificados en dichos grupos, respectivamente. No se registraron muertes en el grupo de IVU no complicada con la definición tradicional, comparado con 34 (2,6%) en el grupo de IVU complicada. En contraste, con la nueva clasificación se observó mortalidad en ambos grupos (2,5% vs 2,3%; $p = 0,30$). La definición tradicional mostró diferencias en identificación de microorganismos distintos a *E. coli*, estancia hospitalaria y tiempo a reingreso. Ninguno de los sistemas de clasificación predijo mortalidad en el modelo multivariado de Cox, la mortalidad se asoció a fiebre al ingreso (HR 0.49, IC95% 0,22–1,06), aislamiento de *E. coli* (HR 0.44, IC95% 0,21–0,90) y creatinina sérica (HR 1,43; IC95% 1,06–1,70). Ninguna clasificación predijo reingreso; sin embargo, la nueva mostró tendencia de asociación en el modelo multivariado (OR 1.48, IC95% 0,97–2,33). **Conclusiones.** La definición tradicional mostró mayor separación de desenlaces clínicos entre grupos de riesgo; sin embargo, ninguna clasificación predijo mortalidad en el análisis multivariado. Aunque la nueva clasificación simplifica el enfoque clínico, su capacidad de discriminar riesgo clínico requiere mayor evaluación.

O-118

Rendimiento del ID-BactER Score para la predicción de bacteriemia adquirida en la comunidad en adultos atendidos en urgencias: estudio prospectivo en un hospital universitario colombiano

Eslava-Roa J, Figueroa C, Cadena-Sanabria M, Cabeza L, Duarte-Durán A, Gálvez-Fernández L, Delgado-Pardo J, Zárate-Velandia J, Blanco-Manosalva K.

Universidad Industrial de Santander; Hospital Universitario de Santander. Bucaramanga

johansebastianeslavaroa@gmail.com

Introducción. La bacteriemia adquirida en la comunidad se asocia con elevada morbilidad y constituye un reto diagnóstico en los servicios de urgencias. A nivel mundial se reportan incidencias de hasta 160 casos por 100.000 habitantes/año y mortalidad entre 15% y 30%; en Colombia la mortalidad a 28 días alcanza el 25%. El ID-BactER Score, es una herramienta de 11 variables (7 clínicas y 4 paraclínicas), que facilita la identificación temprana de bacteriemia, optimiza la toma de hemocultivos y favorece las decisiones terapéuticas oportunas. **Objetivos.** Evaluar el ID-BactER Score como predictor de bacteriemia adquirida en la comunidad en sujetos mayores de 18 años atendidos en el Servicio de Urgencias del Hospital Universitario de Santander. **Materiales y métodos.** Estudio prospectivo, observacional de evaluación de prueba diagnóstica, en curso desde marzo/2026 en un hospital de tercer nivel en Colombia. Se incluyeron adultos con sospecha de infección adquirida en la

comunidad y toma de hemocultivos durante las primeras 48 horas del ingreso. El desenlace fue bacteriemia confirmada por hemocultivo. **Resultados.** Durante el periodo de 3 meses ingresaron alrededor de 250 individuos con sepsis, de los cuales cumplieron criterios de inclusión 100 pacientes. Se documentaron 28 bacteriemias, predominando bacilos Gram negativos (78,6%), principalmente *Escherichia coli* (35,7%), siendo el foco urinario el más frecuente (46,4%). Un puntaje ID-BactER ≥ 4 se asoció significativamente con bacteriemia (OR 14,4; $p=0,001$), con RR de 9,38. El modelo mostró sensibilidad de 96,4%, especificidad de 34,8%, VPP de 37,5%, VPN de 96,0%, LR+ de 1,48 y LR- de 0,10. **Conclusiones.** El ID-BactER Score mostró alta sensibilidad y elevado valor predictivo negativo, posicionándose como una herramienta útil de tamizaje para descartar bacteriemia, mitigando la toma innecesaria de hemocultivos y promoviendo el uso racional de antimicrobianos.

O-119

¿PITT, SOFA o qSOFA? comparación de escalas para predecir mortalidad en neutropenia febril con bacteriemia: cohorte de la red Colsanitas-Keralty, Colombia

Salazar-Otola N, Cañadas-Aragón C, Vergara-Samur H, Oñate-Gutiérrez J.

Clínica Colsanitas; Clínica Sebastián de Belalcázar: Unidad de Investigación, Grupo One Health en enfermedades infecciosas, Keralty, Fundación Universitaria Sanitas.

Santiago de Cali

investigacioncsb@colsanitas.com

Introducción. La neutropenia febril (NF) con bacteriemia representa un escenario de alta letalidad, en el que una estratificación pronóstica simple y temprana puede orientar vigilancia, soporte e intensificación antimicrobiana. Aunque PITT, qPITT, SOFA, qSOFA y APACHE II se emplean en pacientes críticos o bacteriémicos, su desempeño comparativo en NF bacteriémica no ha sido definido en Colombia. **Objetivos.** Comparar la capacidad discriminativa del Pitt Bacteremia Score (PBS) para predecir mortalidad a 14 días, 30 días e intrahospitalaria frente a qPITT, SOFA, qSOFA y APACHE II. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva de adultos de la red Colsanitas-Keralty con NF, definida como recuento absoluto de neutrófilos < 1.500 células/ μ L, fiebre y bacteriemia confirmada por hemocultivo. Las escalas se calcularon el día del primer hemocultivo positivo. La discriminación se evaluó mediante AUC-ROC con IC95% por bootstrap; las AUC se compararon con prueba de DeLong, usando PBS como referencia. Se estimaron sensibilidad, especificidad, valores predictivos y razones de verosimilitud para $PITT \geq 4$, $qPITT \geq 2$ y $qSOFA \geq 2$. **Resultados.** Se incluyeron 133 pacientes. La mortalidad fue 15,8% a 14 días, 24,8% a 30 días y 28,6% intrahospitalaria. PBS mostró la mayor discriminación numérica en los tres desenlaces: AUC 0,799, 0,801 y 0,891, respectivamente. Fue superior a qPITT a 14 días y a qSOFA y APACHE II para mortalidad intrahospitalaria, sin superioridad estadística frente a SOFA. Para mortalidad a 30 días, $PITT \geq 4$ tuvo sensibilidad de 0,82 y valor predictivo negativo de 0,91. La mortalidad aumentó progresivamente según categoría PITT: leve 0%, moderada 11,1%, grave 33,3% y alto riesgo 60%. **Conclusiones.** En NF con bacteriemia, PBS mostró el mejor desempeño global y un gradiente pronóstico clínicamente consistente. $PITT \geq 4$ podría ser una herramienta temprana para identificar bajo riesgo relativo y priorizar pacientes de alto riesgo. Se requiere validación prospectiva.

O-120

Modelo predictivo para mortalidad en neutropenia febril con bacteriemia: datos de una cohorte colombiana

Salazar-Otola N, Cañadas-Aragón C, Sandoval-Moreno L, Vergara-Samur H, Oñate-Gutiérrez J.

Clínica Colsanitas; Clínica Sebastián de Belalcázar: Unidad de Investigación, Grupo One Health en enfermedades infecciosas, Keralty, Fundación Universitaria Sanitas.

Santiago de Cali

investigacioncsb@colsanitas.com

Introducción. La neutropenia febril (NF) con bacteriemia se asocia con elevada mortalidad y requiere estratificación pronóstica temprana. Las escalas utilizadas en pacientes críticos, como SOFA o APACHE II, pueden depender de variables de laboratorio, monitoreo intensivo o información no siempre disponible al ingreso. El Pitt Bacteremia Score (PBS) es una herramienta clínica simple, inmediata y sin costo, pero no ha sido validado como modelo predictivo en pacientes colombianos con NF y bacteriemia. **Objetivos.** Desarrollar y

validar internamente un modelo predictivo de cabecera basado en el PBS para mortalidad intrahospitalaria en adultos con NF y bacteriemia, y comparar su discriminación frente a qPITT, SOFA, qSOFA y APACHE II. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva de la red Colsanitas-Keralty. Se incluyeron adultos con fiebre, neutropenia definida como recuento absoluto de neutrófilos < 500 células/μL y bacteriemia confirmada por hemocultivo. Se ajustaron modelos logísticos para mortalidad intrahospitalaria basados en PBS solo y PBS más edad ≥65 años. Se evaluaron discriminación mediante AUC, calibración mediante pendiente, puntaje de Brier y prueba de Hosmer-Lemeshow, y validación interna por bootstrap con corrección de optimismo. Las AUC entre escalas se compararon mediante prueba de DeLong. **Resultados.** Se analizaron 133 pacientes; la mortalidad intrahospitalaria fue 28,6%. El modelo basado en PBS alcanzó un AUC corregido por optimismo de 0,89; al adicionar edad ≥65 años, el AUC fue 0,90, con adecuada calibración. El PBS superó significativamente a qSOFA y APACHE II, sin demostrar superioridad frente a SOFA. El modelo estratificó la mortalidad observada desde 0% en riesgo predicho < 10% hasta 81,5% en riesgo >60%. **Conclusiones.** Un modelo de cabecera basado en PBS predijo la mortalidad intrahospitalaria con excelente discriminación, buena calibración y estabilidad en validación interna. Su simplicidad lo posiciona como candidato para estratificación pronóstica rutinaria en NF con bacteriemia, pendiente de validación externa prospectiva.

O-121

Infection prevention strategies for carbapenem-resistant and esbl-producing gram-negative bacteria in ICUs: a component network meta-analysis

Díaz C, Guarnizo A, Saa D, Nocua-Báez L, Valderrama S, Mora J.
Pontificia Universidad Javeriana; Hospital Universitario San Ignacio.
Bogotá
candida_diaz@javeriana.edu.co

Introduction. Healthcare-associated infections caused by multidrug-resistant Gram-negative bacteria remain a major challenge in intensive care units (ICUs). Infection prevention and control strategies are often implemented as multimodal bundles beyond standard precautions, but the effectiveness of individual components remains uncertain. **Objectives.** To evaluate the effectiveness of infection prevention strategies beyond standard precautions in adult ICUs. **Materials and methods.** We conducted a systematic review and component network meta-analysis of interventional studies evaluating infection prevention strategies in adult ICUs. The primary outcome was acquisition of carbapenem-resistant Gram-negative bacilli or extended-spectrum β-lactamase-producing Enterobacterales during ICU stay. Effects were compared with standard precautions, and certainty of evidence was assessed using the GRADE approach for network meta-analysis. **Results.** Seventeen studies met inclusion criteria and 12 contributed to the primary analysis (36,264 patients; 2,542 acquisition events). Two multimodal strategies were associated with reduced acquisition compared with standard precautions: active surveillance combined with chlorhexidine bathing, contact precautions, and enhanced environmental cleaning (risk ratio 0.34; 95% CI 0.14–0.82), and chlorhexidine bathing combined with decolonization (risk ratio 0.39; 95% CI 0.18–0.84). Individual components did not show significant independent benefit. Overall certainty of evidence was low due to heterogeneity and imprecision. **Conclusions.** Multicomponent infection prevention strategies may reduce acquisition of multidrug-resistant Gram-negative organisms in ICUs, whereas isolated interventions beyond standard precautions show uncertain benefit.

Vacunación y micobacterias

O-122

Epidemiología de la enfermedad Neumocócica en Colombia y Bogotá: revisión sistemática de la literatura para orientar decisiones de vacunación

Barrios-Mercado M, Sanmartín-Durango D, Palacios-Romaña L, Moreno-López C, Alzate-Ángel J, Restrepo-Zea J.
Universidad de Antioquia.
Bogotá
marialebarriosm1@gmail.com

Introducción. *Streptococcus pneumoniae* causa enfermedad neumocócica invasiva (ENI), neumonía, meningitis, bacteriemia y otitis media, con carga relevante en Colombia y vacíos que limitan decisiones en vacunación y vigilancia.

Objetivos. Sintetizar la evidencia sobre incidencia, mortalidad, carga, uso de servicios, serotipos y resistencia antimicrobiana de la enfermedad neumocócica en Colombia y Bogotá por grupos etarios y de riesgo. **Materiales y métodos.** Se realizó una revisión sistemática rápida según metodología Cochrane. Se buscó en MEDLINE, Embase, LILACS, literatura gris y fuentes administrativas de OPS, OMS, CDC, INS, SIVIGILA y SIREVA hasta el 21 de diciembre de 2025. Se incluyeron estudios observacionales, de vigilancia, carga de enfermedad, modelos epidemiológicos y series de casos. La calidad se evaluó con STROBE, STROBE-ITS y JBI, según el diseño. **Resultados.** De 741 referencias, se incluyeron 27 estudios con periodos entre 2006 y 2025. La mayoría tuvo calidad alta (73,7%). La letalidad por ENI fue elevada: 7,5–11,3% en población pediátrica, 30,3–41,4% en adultos y hasta 53,6% en mayores de 60 años, con valores particularmente altos en meningitis. Posterior a la introducción de PCV10, la mortalidad por neumonía disminuyó en menores de 1 año de 83,8 a 28,6 por 100.000 habitantes; en menores de 5 años, estimaciones regionales mostraron reducción (RR 0,76; IC95% 0,65–0,97). La incidencia disminuyó en población pediátrica, pero aumentó en adultos ≥50 años. En el periodo posvacunal, el serotipo 19A emergió como dominante, asociado al complejo clonal CC320 y multiresistencia, con cobertura limitada de PCV10 y mayor cobertura potencial de vacunas conjugadas de mayor valencia. **Conclusiones.** La enfermedad neumocócica mantiene alta letalidad y carga hospitalaria en Colombia. La emergencia del serotipo 19A respalda estrategias de mayor cobertura, vigilancia continua y evaluación de vacunas conjugadas de mayor valencia.

O-123

Estudio EVITA-RSV (VIRALNET Latam): impacto preliminar de la estrategia híbrida de prevención del virus respiratorio sincitial en indicadores de atención pediátrica en Bogotá, temporada 2026

Gutiérrez-Tovar I, Camacho-Moreno G, Londoño J, Rojas J, Beltrán-Arroyave C, Márquez K, Bravo-Ojeda J, Arraut P, Arias A, Monsalve A, Patiño J, Jaramillo-Estrada L, Díaz-Díaz A.
Servicio de Infectología Pediátrica, Colsusidio y Santa María del Lago; Departamento de Infectología Pediátrica, Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia (HOMI); Departamento de Infectología Pediátrica, Hospital Universitario del Valle; Departamento de Infectología Pediátrica, Clínica El Rosario Tesoro; Servicio de Infectología Pediátrica, Clínica Infantil Santa María del Lago; Departamento de Infectología Pediátrica, Clínica del Country; Departamento de Infectología Pediátrica, Hospital Erasmo Meoz; Servicio de Infectología Pediátrica, Centro Médico Imbanaco; Departamento de Infectología Pediátrica, Fundación Clínica Valle del Lili; Red Latinoamericana de Vigilancia e Investigación Viral, Viralnet Latam; Hospital Pablo Tobón Uribe; Hospital General de Medellín.
Enviado
alejodiaz81@gmail.com

Introducción. El virus respiratorio sincitial (VRS) es la principal causa de bronquiolitis y hospitalización respiratoria en lactantes. El estudio EVITA (Evaluation of RSV Immunization Impact on respiratory outcomes in infants) evalúa el impacto de la estrategia híbrida (vacunación materna con RSVpreF y nirsevimab focalizado) en diferentes indicadores de infección respiratoria aguda pediátrica. **Objetivos.** Comparar prescripción de antibióticos respiratorios, inicio de cánula nasal de alto flujo (CNAF) y urgencias por infección respiratoria aguda inferior entre temporadas pre-vacunas (2024–2025) y 2026 en institución pediátrica de referencia de Bogotá. **Materiales y métodos.** Estudio ecológico de series de tiempo antes–después con datos hasta semana epidemiológica 21/2026. Exposición: positividad semanal de VRS (BioFire FilmArray RP2.1). Análisis: OR crudo para antibióticos (IC 95%); regresión binomial negativa con predicción contrafactual por Monte Carlo para CNAF; cambio porcentual en urgencias por IRA inferior por edad (≤6, >6–12, >12–24 meses) con controles negativos; acoplamiento temporal por correlaciones semanales y z de Fisher. **Resultados.** La positividad de VRS en 2026 (30,9%) superó la media 2024–2025 (25,5%), siendo la más alta del periodo. Los inicios de CNAF (n=136) quedaron 48% por debajo de los 263 predichos (IP 95%: 191–353; p<0,001). Las urgencias por bronquiolitis mostraron gradiente por edad: –42% en ≤6 meses, –32% en >6–12 meses, –19% en >12–24 meses. La prescripción antibiótica respiratoria fue menor en 2026 (OR 0,59; IC 95% 0,48–0,72 en <2 años; p<0,001), con desacoplamiento respecto al VRS (r: 0,74–0,89 → 0,48; z de Fisher p=0,024). Los controles negativos (diarrea, IRA superior, rinovirus) no descendieron, descartando reducción general de la asistencia. **Conclusiones.**

Pese a mayor circulación de VRS, la estrategia híbrida se asoció con reducciones sustanciales y específicas en tres indicadores de carga respiratoria pediátrica, con gradiente por edad consistente con el blanco de la intervención.

O-124

Linajes genéticos de aislamientos de *Streptococcus pneumoniae* recuperados de enfermedad neumocócica invasiva en niños colombianos menores de cinco años

López-Martínez L, Prada-Cardozo D, Duarte-Valerrama C, Gamba-Calderón J, Melo-Bohorquez V, Moreno-Cartañeda J.
Instituto Nacional de Salud de Colombia.
Bogotá
dlopezm@ins.gov.co

Introducción. *Streptococcus pneumoniae* es una causa principal de enfermedad invasiva y mortalidad en niños menores de cinco años a nivel mundial. Aunque las vacunas conjugadas (PCV) han reducido la carga de la enfermedad, la emergencia de serotipos no vacunales limita su efectividad. La secuenciación del genoma completo (WGS) es fundamental para identificar linajes globales (GPSC) y entender la propagación de clones resistentes. **Objetivos.** Caracterizar mediante WGS 1.000 aislamientos de *S. pneumoniae* causantes de enfermedad invasiva en niños colombianos entre 2008 y 2023 para identificar cambios en la estructura poblacional tras la introducción de la PCV10. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio retrospectivo de los aislamientos obtenidos mediante la vigilancia por laboratorio liderada por el Grupo de Microbiología del Instituto Nacional de Salud. Se analizaron dos periodos: prePCV10 2008-2012 (n=267) y postPCV10 2015 – 2023 (n=733). Se realizó secuenciación de genoma completo para determinar serotipos in silico, tipos de secuencia (ST), linajes (GPSC) y perfiles de resistencia antimicrobiana. Los resultados genómicos se validaron con métodos fenotípicos. **Resultados.** Se identificaron 53 serotipos en 94 linajes (GPSCs). Los predominantes fueron GPSC1 (26,9%), GPSC6 (11,4%) y GPSC12 (7,3%). Tras la implementación de la PCV10, los linajes GPSC6 y GPSC31 (asociados a serotipos vacunales 14 y 1) disminuyeron significativamente ($p < 0,001$). En contraste, se detectó una expansión clonal de los linajes GPSC1, GPSC47 y GPSC10, asociados a un incremento de serotipos no incluidos en PCV10 (19A, 6C, 24F). Multirresistencia (40,4%) se concentró en GPSC1, GPSC47 y GPSC10. **Conclusiones.** La vacunación con PCV10 generó reestructuración de los linajes, favoreciendo la expansión de linajes multirresistentes con alta capacidad adaptativa como GPSC1, GPSC4 y GPSC10, mientras que la persistencia de GPSC12, GPSC5 y GPSC16 refleja respuestas heterogéneas ante la presión vacunal. Los resultados reflejan la importancia de mantener una vigilancia genómica continua para monitorear el reemplazo de serotipos tras la transición a PCV 13.

O-125

Efficacy and safety of booster dose of the tetravalent dengue vaccine TAK-003 in healthy children in dengue endemic regions (DEN-301)

Escudero I, Sirivichayakul C, Acosta C, Tricou V, Roubinis N, Hellwig M, Tuboi S, Pfaar H, Moss K, Lloyd E, Zent O, Chavez-Duron N, Biswal S.
Takeda Vaccines, Inc, USA; Mahidol University, Thailand; Takeda Pharmaceuticals International Ag, Suiza; Takeda Pharmaceuticals Brazil, Brasil; Universidad Nacional Autónoma de Nicaragua-León, Nicaragua.
Bogotá
mauricio.bernal@takeda.com

Introducción. Dengue is an increasing global public health threat. TAK-003 vaccine has shown promising efficacy. Evaluation of booster strategies is key to characterizing long-term protection. **Objetivos.** Exploratory analysis of vaccine efficacy (VE) and safety of TAK-003 booster dose in preventing symptomatic virologically confirmed dengue (VCD), hospitalization, and severe dengue. **Materiales and methods.** DEN-301 is a double blind, placebo-controlled study investigating TAK-003 versus placebo (ratio 2:1) for prevention of dengue in children (4-16 years) in endemic regions. The primary doses were given at 0 and 3 months. At 4-4.5 years, a TAK-003 booster or placebo was offered to participants aged 4-11 at study start and followed for 25 months. Baseline serostatus was determined before primary vaccination. **Results.** 8977 vaccinees were given one TAK-003 booster or placebo. 8546 participants completed the trial. 1952 (placebo) and 3490 (TAK-003) febrile illness cases were evaluated for VCD. 166 cases (5.6%) of VCD were confirmed for placebo and 88 (1.5%) for those receiving TAK-003. Overall, VE was 74.3% (95% CI 66.7-80.1); 75.8% (95% CI 60.6-85.2) in seronegative participants and 73.6% (95% CI 64.2-80.5)

in seropositive participants, at 25 months post booster. VE against hospitalized VCD remained high at 90.6% (95% CI 78.9-95.8). Only 3 participants with severe dengue or dengue hemorrhagic fever were reported, all in the placebo group. Background dengue exposure was observed with increasing seropositivity in seronegative placebo participants. Booster dose was well tolerated without any safety concerns. **Conclusions.** TAK-003 demonstrated continued dengue protection, including hospitalization prevention, through booster phase in both seronegative and seropositive participants.

O-126

Dengue incidence following implementation of a mass dengue vaccination campaign in Dourados, Mato Grosso do Sul, Brazil: 5-month results from a population-based study

Valencia C, Ghezzi B, Dias-De Oliveira R, Tsuha D, Lucena-Júnior W, Di Pasquale A, Mc-Namara M, Abud D, Croda J.
Takeda Pharmaceuticals International Ag, Suiza; Nursing Course, Brasil; State University of Mato Grosso do Sul, Brasil; Oswaldo Cruz Foundation Mato Grosso do Sul, Brasil; Takeda Pharmaceuticals International Ag, Singapur.
Bogotá
mauricio.bernal@takeda.com

Introduction. In 2023, Brazil's regulatory agency ANVISA approved the tetravalent dengue vaccine TAK-003 for individuals aged 4 to 60 years. In January 2024, Dourados became the first municipality in Brazil to implement a mass vaccination campaign targeting 120,000 people. By December 2024, more than 90,000 had received at least one dose. To assess the real-world impact of TAK-003, an ongoing observational study uses national surveillance and vaccination data to estimate dengue incidence. **Objectives.** To describe dengue incidence among residents aged 4 to 60 years in Dourados during the 11 years before vaccination (2013–2023) and the 5 months after implementation (February–June 2025), and to compare it with Ponta Porã, a neighboring municipality without a mass campaign, selected as a control at the start of the study. **Materials and methods.** National epidemiological surveillance data (SINAN) and immunization data (e-SUS PEC and SI-PNI) were analyzed for individuals aged 4 to 60 years in Dourados and Ponta Porã. The number of suspected and confirmed cases, as well as annual incidence rates of confirmed dengue per-100,000 person-years, were estimated and stratified by sex and age. **Results.** Vaccination coverage in Dourados by December 2024 was 42.8% with one dose and 16.6% with two doses. Between January 1, 2013, and June 30, 2025, 45,005 suspected cases and 23,468 confirmed cases were recorded in the overall study population. In Dourados, confirmed dengue incidence was 648 per 100,000 person-years in the pre-vaccination period and 108 in the post-vaccination period. In Ponta Porã, rates were 975 (95% CI: 953–996) pre-vaccination and 305 (95% CI: 248–370) post-vaccination. **Conclusions.** The mass campaign in Dourados achieved moderate coverage in 2024. Given the short post-vaccination period, it is still not possible to conclude on the impact of TAK-003. The study will continue through three complete transmission seasons after vaccination.

O-127

Diversidad bacteriana e integración funcional de la microbiota intestinal en tuberculosis pulmonar y tratamiento antituberculoso de primera línea

López-Ruiz G, Oviedo-Cantillo D, Cruz-Cacais A, Bustos-Caro E, Ramírez-Gil J, Arenas-Suárez N.
Grupo de Investigación en Micobacterias, Facultad de Medicina, Universidad de Cartagena; Grupo de Investigación Bioquímica y Biología Molecular de las Micobacterias (BBMM), Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia; Grupos de Investigación Actividades Metabólicas Vegetales y Fisiología y Bioquímica Vegetal, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia; Laboratorio de Agrocomputación y Análisis Epidemiológico, Departamento de Agronomía, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia.
Bogotá
gmlopezr@unal.edu.co

Introducción. La tuberculosis pulmonar (TBP) y su tratamiento de primera línea (RIPE) alteran la microbiota intestinal, pero la integración funcional de estos cambios es limitada. **Objetivos.** Evaluar las alteraciones de la microbiota

intestinal asociadas a TBP y tratamiento mediante un metaanálisis de diversidad bacteriana e integrar evidencia metabolómica y funcional. **Materiales y métodos.** Se realizó una revisión sistemática de la literatura. De 2692 estudios recuperados, 30 fueron incluidos en la revisión sistemática y 21 en el metaanálisis de diversidad bacteriana, que incluyó 1620 participantes (679 controles sanos, 712 pacientes con TB activa, 52 curados y 129 bajo tratamiento RIPE). El tamaño del efecto se estimó mediante Forest Plot utilizando el índice de Shannon como medida de diversidad alfa. Adicionalmente, se recopiló evidencia sobre alteraciones taxonómicas, metabolitos fecales y rutas metabólicas a partir de estudios metagenómicos y metabolómicos. La integración funcional se realizó mediante anotación de rutas KEGG y análisis de redes de interacción proteína-proteína. **Resultados.** El metaanálisis mostró una reducción significativa de la diversidad alfa en TBP activa vs. controles sanos (SMD = -0,87; IC95%: -1,18 a -0,55; $p < 0,0001$). Al comparar pacientes bajo tratamiento vs. TBP activa no tratada, se observó una tendencia a menor diversidad en tratados (SMD = -0,39; IC95%: -0,80 a 0,02; $p = 0,046$). La integración de los estudios identificó alteraciones recurrentes en géneros bacterianos pertenecientes principalmente a los filos Firmicutes y Bacteroidetes, incluyendo disminución de *Lactobacillus*, *Bifidobacterium* y *Ruminococcus*, así como incremento de *Prevotella*, *Clostridium* y *Bacteroides*. Asimismo, se describieron modificaciones en metabolitos fecales y rutas metabólicas relacionadas con el metabolismo de aminoácidos aromáticos y de cadena ramificada, la biosíntesis de vitaminas, el metabolismo de ácidos grasos y ácidos biliares, así como la producción de metabolitos microbianos implicados en la homeostasis intestinal. **Conclusiones.** La TBP y su tratamiento se asocian con pérdida de diversidad bacteriana intestinal y cambios funcionales relevantes.

Proyecto 114259 – Convocatoria 963 de 2025, 'Convocatoria Orquídeas: Mujeres en Inteligencia Artificial, Ciencias y Tecnologías Cuánticas 2025', financiado por el Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación – Minciencias, en el marco del Convenio Especial No. 112721-167-2025.

O-128

Tuberculoma cerebral en el embarazo (1975–2025): revisión sistemática y análisis descriptivo de 33 casos publicados

Rebellón-Sánchez D, Vinueza-Obando D, Castro-Restrepo D, Llanos-Torres J, Rey-Henao L, Rosso F.
Fundación Valle del Lili; Universidad Icesi.
Cali
david_castro_1999@outlook.com

Introducción. El tuberculoma cerebral es una manifestación infrecuente pero potencialmente mortal de la tuberculosis, cuyo diagnóstico y tratamiento se complican por los cambios fisiológicos del embarazo. La evidencia actual es fragmentada y mayoritariamente anecdótica. **Objetivos.** Sintetizar la evidencia disponible sobre el perfil clínico, manejo y resultados materno-perinatales del tuberculoma cerebral asociado al embarazo. **Materiales y métodos.** Se realizó una búsqueda sistemática en MEDLINE, LILACS y literatura gris hasta marzo de 2025 para identificar informes de tuberculoma cerebral en embarazadas o puerperas. Veintisiete estudios de 20 países cumplieron los criterios, proporcionando datos individuales de 33 pacientes. Se sintetizaron datos sobre demografía, características clínicas, diagnóstico, manejo y resultados materno-fetales. **Resultados.** La mediana de edad materna fue de 26 años (RIC 23–29). El diagnóstico ocurrió anteparto (45%) o posparto (55%), con una mediana de edad gestacional de 31 semanas. Predominaron cefalea (59%), fiebre (56%) y convulsiones (48%); las parálisis de pares craneales (54%) y paresia focal (50%) fueron comunes. La resonancia magnética mostró lesiones con realce de contraste, mayormente supratentoriales. En el líquido cefalorraquídeo (LCR), la proteinorraquia y pleocitosis mononuclear estuvieron presentes en el 66,7%; los ensayos de liberación de interferón- γ en LCR o biopsia (100%) superaron al cultivo (33,3%) y a la PCR (50%). Se utilizó terapia estándar con fármaco tetracónjugado más esteroides en el 97% de casos, generalmente con duración > 12 meses; el 60% requirió neurocirugía. La mortalidad materna fue del 4,5% y las secuelas neurológicas persistentes alcanzaron el 33,3%. En 26 embarazos, el parto prematuro ocurrió en el 72%; las complicaciones neonatales afectaron al 50%, incluyendo tuberculosis congénita (17%) y muerte neonatal (17%). **Conclusiones.** El retraso en el diagnóstico de tuberculoma cerebral durante el embarazo contribuye a una morbilidad materna sustancial y resultados neonatales adversos. Este estudio destaca el valor de las imágenes avanzadas y subraya la necesidad de registros prospectivos multicéntricos para optimizar la atención materno-fetal.

O-129

Aporte del Xpert MTB/RIF ultra en materia fecal en el diagnóstico de tuberculosis pediátrica

Benjumea-Bedoya D, Gálvis J, Realpe T, Álvarez N, Restrepo-Gouzy A, Beltrán-Arroyave C, Botero J, Vélez J, Díaz A, Mesa J, Montes-Zuluaga F, Pulido H, Suárez M, Cadavid-Álvarez L, Arbeláez-Montoya M, Robledo J.
Corporación Universitaria Remington; Universidad Pontificia Bolivariana; Hospital Pablo Tobón Uribe; Universidad de Antioquia; Clínica El Rosario; Laboratorio Médico de Referencia Labmédico, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB); Hospital General de Medellín; Secretaría de Salud de Medellín; Secretaría de Salud de Bello; Secretaría de Salud de Itagüí.
Envigado
dionebenjumea@gmail.com

Introducción. La confirmación microbiológica de tuberculosis (TB) pediátrica resulta difícil por su carácter paucibacilar y limitaciones para obtener muestras respiratorias; la materia fecal puede servir como alternativa válida para pruebas moleculares diagnósticas en niños. **Objetivos.** Determinar el aporte de la prueba Xpert MTB/RIF Ultra en materia fecal a la confirmación microbiológica y clasificación diagnóstica final de niños con hallazgos compatibles con tuberculosis. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte prospectiva entre 2020 y 2025 de menores de 15 años con hallazgos compatibles con TB, a partir de vigilancia epidemiológica y dos instituciones de salud. Se incluyeron 59 niños con diagnóstico final y resultado de Xpert MTB/RIF Ultra en materia fecal disponibles. Se calcularon medidas descriptivas, exactitud diagnóstica frente al diagnóstico final adjudicado (criterios clínico, microbiológico -muestras respiratorias-, radiológico, inmunológico, epidemiológico, prueba terapéutica), rendimiento incremental del uso combinado de microbiología respiratoria y Xpert MTB/RIF Ultra en materia fecal, análisis de sensibilidad para el manejo de resultados en nivel trazas, simulación de Monte Carlo y una actualización bayesiana beta-binomial del rendimiento del Xpert MTB/RIF Ultra en materia fecal. **Resultados.** Entre los 59 niños con registros evaluables, 28 (47,5%) fueron clasificados con diagnóstico final de TB. El Xpert MTB/RIF Ultra en materia fecal fue positivo en 12 niños y el criterio microbiológico en muestras respiratorias en 11. Frente al diagnóstico final, el Xpert MTB/RIF Ultra en materia fecal tuvo sensibilidad de 39,3% y especificidad de 96,8% cuando las trazas se consideraron positivas. La combinación de estudios en muestras respiratorias y materia fecal aumentó la confirmación microbiológica de 11/28 (39,3%) a 16/28 (57,1%), con 5 casos adicionales; sin incluir las trazas, el incremento desapareció. **Conclusiones.** El Xpert MTB/RIF Ultra en materia fecal fue una prueba complementaria y no sustituta de la microbiología respiratoria. Su utilidad incremental dependió de la interpretación clínica y analítica de los resultados en nivel trazas. Minciencias 902-2019.

PRESENTACIONES EN PÓSTER

Economía de la salud y salud pública

P-001

Prevalencia y factores asociados al virus de la hepatitis C, en mujeres embarazadas de Cali y Buenaventura, Colombia 2024-2025

Carabalí-Hinestroza M, Arboleda-Valencia L, Rojas-Hernández J, Cortés-Marín N.
Fundación Universitaria San Martín; Hospital Universitario del Valle.
Cali
juan.rojas.hernandez@correounivalle.edu.co

Introducción. La infección por el virus de la hepatitis C (VHC) es un desafío global de salud pública por su carga de enfermedad y el riesgo de transmisión vertical. En Colombia, la ausencia de una vacuna y la limitada tamización prenatal sistemática generan brechas en la detección temprana. Este estudio se propuso determinar la prevalencia y los factores asociados al VHC en gestantes atendidas en el primer nivel de salud en Cali y Buenaventura (2024–2025), buscando generar evidencia para optimizar los programas de control prenatal. **Objetivos.** Determinar la prevalencia y los factores asociados a la infección de VHC en mujeres embarazadas atendidas en instituciones de primer nivel de atención en Cali y Buenaventura, Colombia, durante el periodo 2024–2025. **Materiales y**

métodos. Estudio transversal analítico con 305 gestantes. Se recolectaron variables sociodemográficas y clínicas, utilizando pruebas serológicas y moleculares (PCR) para el diagnóstico. El análisis estadístico incluyó regresión logística múltiple, bajo estrictos protocolos de ética y consentimiento informado. **Resultados.** La población presentó una mediana de edad de 26 años, alta vulnerabilidad social y predominio del régimen subsidiado. La seroprevalencia del VHC fue del 0,7%, con dos casos confirmados por PCR, ambos asociados al consumo de heroína. Aunque se identificaron riesgos como relaciones sin protección (73%) y tatuajes, no hubo asociaciones estadísticas significativas debido a la baja frecuencia de casos. Sin embargo, el uso de un algoritmo diagnóstico ampliado permitió identificar infecciones activas que el tamizaje convencional omitiría. **Conclusiones.** Pese a la baja prevalencia, los hallazgos sugieren un subdiagnóstico vinculado a la falta de tamización sistemática. Es imperativo actualizar los protocolos nacionales para incluir el tamizaje de VHC en el control prenatal, abordando determinantes sociales y factores de riesgo específicos para avanzar hacia la eliminación de la transmisión maternoinfantil.

P-002

Adherencia a la obligatoriedad del kit de profilaxis postexposición (PEP) y kit ETMI en Empresas Sociales del Estado (ESE) de Risaralda: análisis comparativo 2024–2025

Colorado-Barrios K, Hernández-Correa K, Ordóñez-Díaz K.
Secretaría Departamental de Salud de Risaralda.
Pereira
karenmelissao@gmail.com

Introducción. La disponibilidad de los kits de PEP y de eliminación de la transmisión maternoinfantil (ETMI) constituye una obligación normativa para garantizar la atención integral de personas expuestas al VIH y otras infecciones de transmisión sexual. Sin embargo, el nivel de cumplimiento en las instituciones públicas de Risaralda es poco conocido. **Objetivos.** Determinar la proporción de instituciones con kit PEP/ETMI completo y evaluar los cambios observados entre 2024 y 2025 tras actividades de vigilancia y capacitación. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo transversal comparativo realizado en las ESE con servicio de urgencias de Risaralda. Se verificó la disponibilidad de los componentes exigidos por la normativa colombiana: pruebas rápidas para VIH, hepatitis B, hepatitis C y sífilis, antirretrovirales para PEP, anticoncepción de emergencia, inmunoglobulina y vacuna contra hepatitis B, y componentes del kit ETMI. Entre ambos periodos se desarrollaron actividades de asistencia técnica por parte de la Secretaría Departamental de Salud de Risaralda. La comparación de proporciones se realizó mediante prueba exacta de Fisher. **Resultados.** En 2024 se evaluaron 14 instituciones, de las cuales 2 contaban con kit completo (14,3%). En 2025 se evaluaron 10 instituciones y 3 disponían de kit completo (30,0%). Se observó un incremento de 15,7%; sin embargo, la diferencia no fue estadísticamente significativa ($p=0,615$). Se evidenció mejoría en la disponibilidad de pruebas diagnósticas de cuarta generación para VIH (50,0% vs. 58,3%), fórmula láctea (41,7% vs. 66,7%), inmunoglobulina antihepatitis B (75,0% vs. 91,7%) y vacuna antihepatitis B (66,7% vs. 91,7%). **Conclusiones.** La mayoría de las instituciones evaluadas no dispone de kits PEP y ETMI completos. Aunque no se evidenció una diferencia estadísticamente significativa se observó una tendencia favorable en la disponibilidad de componentes esenciales tras las actividades de vigilancia y capacitación, apoyando la continuidad de estas estrategias de salud pública.

P-003

Métricas de detección y respuesta a brotes en epidemiología de campo, Colombia, 2022–2025

Muñoz-Lozada C, Alves-Ferraz S, Castellanos-Pinzon J, Martínez J, Rivera S, Aparicio-Fuentes-Martínez S, Bonilla-Molano-Martínez S, Rincón-Acevedo-Martínez C.
Instituto Nacional de Salud de Colombia.
Brasília
saraferraz100@gmail.com

Introducción. El seguimiento continuo de brotes permite fortalecer las capacidades a nivel territorial. A nivel global, se ha identificado una mejora anual del 7,3% en la velocidad de detección de brotes. **Objetivos.** El objetivo fue analizar los tiempos de detección y respuesta de los brotes investigados por el Programa de Entrenamiento en Epidemiología de Campo en Colombia (FETP). **Materiales y métodos.** Se realizó estudio analítico de 59 brotes confirmados por laboratorio atendidos entre 2022 a 2025, se realizó caracterización por año, enti-

dad territorial y por eventos de interés en salud pública, se calcularon tendencias espacio-temporales, se calcularon medianas mediante remuestreo (bootstrap) y regresión de Cox para las métricas internacionales de detección del brote, notificación, confirmación por laboratorio del brote, implementación de medidas de control, y comunicación pública en relación con la fecha de inicio del brote (fecha de inicio de síntomas del caso índice). **Resultados.** Se registraron brotes en 25 departamentos y distritos. La mayor frecuencia de brotes se relacionó con fiebre amarilla 25,4%(15), infecciones asociadas a la atención en salud 18,6%(11) y enfermedades transmitidas por alimentos 13,5%(8). El análisis identificó una mediana de 6 días (IC95%:5–10) hasta la detección, 9 días (IC95%:6–14) para la notificación, 8 días (IC95%:6–12) para confirmación por laboratorio, 12 días (IC95%:7–19) para medidas de control y 14 días (IC95%:10–25) hasta la comunicación pública. La regresión de Cox no evidenció cambios en la velocidad de respuesta para detección y notificación (HR=1,004; IC95%: 0,990–1,018), confirmación (HR=1,010; IC95%: 0,995–1,025), medidas de control (HR=1,007; IC95%: 0,993–1,021) y comunicación pública (HR=1,001; IC95%: 0,987–1,015). **Conclusiones.** Los brotes investigados tuvieron una mediana de 6 para su detección y 12 días para acciones de control. La implementación de estas métricas constituye una herramienta para evaluar el desempeño de la vigilancia y respuesta a brotes, aportando a la toma oportuna de decisiones en salud pública.

P-004

Frecuencia de *C. trachomatis* en cavidad oral de estudiantes universitarios

Vásquez-Hernández A, Puerta-Suárez J.
Universidad de Antioquia.
Medellín
alejandra.vasquez5@udea.edu.co

Introducción. Cada año se reportan alrededor de 400 millones de personas que contraen una infección de transmisión sexual (ITS) siendo la clamidia la ITS bacteriana más frecuente. El agente etiológico es *Chlamydia trachomatis* y su prevalencia continúa en aumento, adicionalmente, los estudios epidemiológicos en Colombia no realizan búsqueda activa en poblaciones de riesgo como los estudiantes universitarios y sólo realizan detección urogenital, ignorando los demás sitios anatómicos expuestos durante la actividad sexual como la cavidad oral. **Objetivos.** Determinar la frecuencia de *C. trachomatis* en muestras de cavidad oral de estudiantes universitarios. **Materiales y métodos.** Participaron 398 estudiantes de pregrado de la Universidad de Antioquia (251 mujeres y 147 hombres), quienes donaron muestras de hisopado de cavidad oral obtenidas mediante autotoma y diligenciaron una encuesta sobre conocimientos y prácticas sexuales. Todos los estudiantes eran mayores de edad y aceptaron su participación en el estudio a través de la firma del consentimiento informado. La detección de *C. trachomatis* se realizó mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Los datos fueron expresados en frecuencias y porcentajes, además, las asociaciones entre variables se evaluaron mediante la prueba de chi-cuadrado. **Resultados.** La infección oral por *C. trachomatis* se detectó en 73 (18,3%) voluntarios, de los cuales 36 eran mujeres y 37 hombres. La frecuencia de infección fue significativamente mayor en mujeres que en hombres (25,2% vs 14,5%; $p=0,0084$). Entre los estudiantes con resultado positivo, 39 se identificaron como heterosexuales y 44 reportaron estar solteros. Aunque todos los voluntarios manifestaron saber qué es una ITS, únicamente 48 indicaron conocer específicamente la clamidia. **Conclusiones.** La infección oral por *C. trachomatis* es frecuente, especialmente en poblaciones de riesgo como los estudiantes universitarios, por lo que es necesario implementar cambios en las políticas públicas para la vigilancia epidemiológica de las ITS. Programa Orquídeas, convocatoria 935 del 2023, contrato 112721-351-2023.

P-005

Redistribución del presupuesto de palivizumab hacia una estrategia híbrida contra el virus respiratorio sincitial en Colombia: modelación a presupuesto constante. Análisis de VIRAL-NET

Gutiérrez-Tovar I, Jaramillo-Estrada L, Beltrán-Arroyave C, Monsalve A, Londoño J, Rojas J, Arias A, Díaz-Díaz A.
Servicio de Infectología Pediátrica, Colsubsidio y Santa María del Lago; Viral-Net Latam; Departamento de Infectología Pediátrica, Clínica El Rosario Tesoro; Clínica Imbanaco; Departamento de Infectología Pediátrica, Hospital Universitario del Valle; Departamento de Infectología Pediátrica, Hospital Erasmo Meoz; Hospital Pablo Tobón Uribe; Hospital General de Medellín.
Enviado
alejodiaz81@gmail.com

Introducción. En Colombia, el palivizumab consume US\$25,84 millones anuales protegiendo al 2,1% de los nacimientos, con adherencia promedio de 3,3 de cinco dosis, lo que representa una ineficiencia programática y financiera sustancial frente a la carga real del virus respiratorio sincitial (VRS) en lactantes. **Objetivos.** Estimar el número de lactantes colombianos protegibles contra el VRS mediante la reasignación del presupuesto de palivizumab hacia una estrategia híbrida de vacuna materna (RSVpreF) y anticuerpo monoclonal (nirsevimab), asumiendo la cobertura operativa alcanzada por Bogotá. **Materiales y métodos.** Modelación económica determinística a presupuesto constante, con datos de acceso público (2024–2026). Población de referencia: 445.011 nacidos vivos anuales (Departamento Administrativo Nacional de Estadística, DANE). Precios unitarios: palivizumab US\$561/dosis (US\$2.805/curso completo, SISMED); vacuna materna US\$49/dosis; nirsevimab US\$233/dosis. Se asumió la cobertura de vacunación materna documentada en Bogotá (82,2%; 98% de dosis en momento óptimo — la más alta registrada en el primer año de cualquier programa nacional con datos públicos). Escenario A: vacuna materna a cobertura de Bogotá. Escenario B: complemento con nirsevimab para lactantes de madres no vacunadas. Desenlace principal: cobertura total alcanzada y costo por lactante protegido. **Resultados.** En el Escenario A, reasignar el presupuesto hacia vacuna materna protegería a 365.799 lactantes (82,2% de la cohorte; US\$17,92 millones), con excedente de US\$7,92 millones. En el Escenario B, ese excedente financiaría nirsevimab para 33.974 lactantes adicionales, alcanzando 89,8% de cobertura (399.773 lactantes) con el mismo presupuesto —43 veces la cobertura actual—, a US\$64,64 por lactante protegido frente a US\$2.805 con el esquema vigente. La protección universal requeriría US\$10,54 millones adicionales (US\$81,75 por lactante). **Conclusiones.** La reasignación del presupuesto de palivizumab hacia una estrategia híbrida de vacuna materna y nirsevimab, aplicando coberturas operativamente demostradas, multiplicaría por 43 la cobertura actual con el mismo presupuesto; la protección universal de todos los nacimientos sería alcanzable con menos de US\$11 millones adicionales.

P-006

Factores asociados a la gravedad del dengue: un análisis de los datos de vigilancia en salud pública periodo 2023-2024 en Colombia

Pineda-Sánchez K, Gómez-Serrano S, Tiga-Loza D, Díaz-García D, Rodríguez-Álvarez V, Gutiérrez-Moreno J.
Maestría en Investigación en Enfermedades Infecciosas, Universidad de Santander – UDES; Doctorado en Enfermedades Infecciosas, Universidad de Santander – UDES; Universidad Industrial de Santander. Bucaramanga
kjpineda-04@hotmail.com

Introducción. El dengue en Colombia evidencia un comportamiento al alza, alcanzando su mayor incidencia histórica. Es imperativo trascender el abordaje puramente clínico para comprender cómo las disparidades estructurales y el acceso oportuno a los servicios condicionan el pronóstico y la progresión de la enfermedad. **Objetivos.** Evaluar la influencia de los factores sociodemográficos y las demoras en la atención sobre la severidad y la letalidad por dengue durante el periodo epidemiológico 2023-2024. **Materiales y métodos.** Estudio transversal analítico de la cohorte nacional del SIVIGILA ($n = 441.177$). La población se segmentó de forma independiente para el análisis de severidad ($n = 440.775$) y de letalidad ($n = 441.177$; 402 muertes). Se calcularon razones de prevalencia (RP) con IC 95% utilizando Stata 17.0. **Resultados.** El régimen subsidiado, la falta de aseguramiento y la ruralidad dispersa incrementaron significativamente la severidad y la letalidad. Las comunidades indígenas, Rom, migrantes y personas con discapacidad exhibieron los mayores perfiles de riesgo. Las gestantes triplicaron la probabilidad de dengue grave, pero no se asociaron a la mortalidad. La población afrodescendiente NARP mostró una asociación inversa en severidad pero un riesgo de muerte explícito, sugiriendo un sesgo de subregistro por marginalidad territorial. La edad solo demostró relevancia clínica ante el deceso. La demora entre el inicio de síntomas hasta la consulta médica constituyó el factor transversal más crítico para ambos desenlaces. **Conclusiones.** El pronóstico adverso y el desenlace fatal por dengue están determinados por el gradiente socioeconómico, la falta de aseguramiento, el aislamiento geográfico del sector rural disperso, la demora en la consulta inicial y el impacto crítico en las poblaciones vulnerables. La inequidad estructural y la marginación territorial —evidenciada en la exclusión de minorías étnicas y en el sesgo de subregistro en las periferias— transforman una complicación clínica manejable en una consecuencia directa de las disparidades sociales del país.

P-007

False-positive burden and Seroreactivity patterns of mandatory blood donor screening assays: a retrospective cohort study in three blood banks in Medellín, Colombia, 2018–2025

Gallego S, Henao M, Pérez L, Yepes L, Álvarez C, Hernández-Ortiz O, Jaramillo S, Correa Y, Sierra A, Patiño J, Maya M, Hernández J, Osorio J.
Universidad Cooperativa de Colombia; Laboratorio Genómico One Health, Universidad Nacional de Colombia; Hospital Pablo Tobón Uribe; Hospital General de Medellín; Clínica Medellín; School of Veterinary Medicine, University of Wisconsin; Madison – USA.
Medellín
salomon.sgg@gmail.com

Introduction. Mandatory infectious disease screening is essential for transfusion safety; however, initially reactive screening assays do not always indicate true infection. Reactive blood units are discarded before confirmatory testing, yet many are subsequently classified as false positives, leading to unnecessary blood loss, donor deferral, psychological burden, and increased operational costs. **Objectives.** To characterize seroreactivity patterns and estimate the false-positive burden of mandatory blood donor screening assays across three blood banks in Medellín, Colombia. **Materials and methods.** We conducted a retrospective cohort study using donor screening records from three blood banks in Medellín between 2018 and 2025. Mandatory infectious markers included syphilis, hepatitis B surface antigen (HBsAg), hepatitis C virus (HCV), HIV-1/2, *Trypanosoma cruzi*, and HTLV-I/II. Presumptively reactive samples with confirmatory or supplemental testing were classified as true positive or false positive. Marker-specific false-positive proportions were estimated, and temporal variation was assessed using chi-squared homogeneity tests and Cochran–Armitage trend tests. **Results.** Among 214,737 screened blood donors, 1,968 presumptively reactive samples underwent confirmatory testing. False-positive proportions varied substantially by marker: HCV showed the highest burden (97.5%), followed by HTLV-I/II (85.2%), HBsAg (74.0%), Chagas disease (73.6%), HIV-1/2 (55.8%), and syphilis (21.2%; 2018–2022 only). Significant inter-year variation was observed for HIV-1/2 ($p=0.005$) and Chagas disease ($p=0.009$). Trend analysis demonstrated an increase in false-positive results for Chagas disease ($z=3.99$, $p<0.001$) and a decline for syphilis ($z=-2.72$, $p=0.007$). No significant temporal trends were detected for HCV, HBsAg, or HTLV-I/II. **Conclusions.** False-positive results remained consistently high for HCV, HBsAg, and HTLV-I/II throughout the study period, while false positivity increased for Chagas disease and decreased for syphilis. These findings support the optimization of screening and confirmatory algorithms to reduce unnecessary donor loss and blood discard while maintaining transfusion safety. In addition, blood donor screening data represents a valuable resource for strengthening public health surveillance of transfusion-transmissible infections.

P-008

Acciones colaborativas TB/VIH en prestadores de servicios de salud del valle del Cauca, Colombia

Pinzon-Gómez E, Hurtado-Palacios I, Córdoba C, Hoyos-Ocampo D, Porras-Beltrán A, Lesmes-Duque M.
Fundación Universitaria San Martín; Universidad del Valle; Secretaría de Salud Departamental del Valle.
Cali
elisamariapinzon@gmail.com

Introducción. La coinfección tuberculosis (TB) VIH, constituye un problema relevante en salud pública, dada su alta carga de enfermedad y la necesidad de estrategias integradas para su control. **Objetivos.** Evaluar la implementación de acciones programáticas en TB/VIH y su articulación en instituciones prestadoras de servicios de salud (IPS) del Valle del Cauca. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo, 52 encuestas aplicadas en terreno a IPS con programa de TB activo. Se analizaron macro componentes de atención en cada programa, procesos de articulación TB/VIH, seguimiento a indicadores, prácticas de tamización cruzada entre otros. **Resultados.** Los programas de TB se concentran en la atención clínica del paciente (92%), con menor desarrollo en actividades relacionadas con gestión administrativa (63%). El 63,5% desarrolla acciones para VIH las cuales están orientadas principalmente al tamizaje y la referencia de pacientes. El 5% reportó espacios formales de articulación TB/VIH. La tamización cruzada fue asimétrica: 96% de los pacientes con TB recibió oferta de prueba de VIH, mientras que el tamizaje de TB en personas con

VIH fue del 59,6%. El 86,5% de las IPS no realiza seguimiento mediante indicadores programáticos. Se evidenciaron limitaciones en el control de infecciones, así como ausencia de estrategias de vigilancia comunitaria. **Conclusiones.** Se identifican brechas en la implementación programática, la articulación TB/VIH, la tamización en personas con VIH y el seguimiento mediante indicadores. Estos hallazgos evidencian la necesidad de fortalecer la integración de servicios, el monitoreo y las capacidades institucionales para mejorar la atención.

P-009

Estrategia educativa para el fortalecimiento de capacidades comunitarias en la prevención del dengue en el barrio el Laguito, Girón

Tolozá-Díaz J, Velandia-Martínez J, Carrascal-León M, García-López N, Rodríguez-Ávila Y, Jurado-Ayala O, Tiga-Loza D.
Universidad Industrial de Santander.
Bucaramanga
tolozaj859@gmail.com

Introducción. El dengue es una problemática de salud pública prioritaria en Latinoamérica, transmitida por el mosquito *Aedes aegypti*, cuyo ciclo biológico es favorecido por ambientes tropicales y prácticas comunitarias inadecuadas de almacenamiento de agua. **Objetivos.** Evaluar el efecto de una estrategia educativa integral basada en el modelo de Dorothea Orem sobre los conocimientos, actitudes y prácticas (CAP) para la prevención y control del dengue en los habitantes del barrio El Laguito del municipio de Girón. **Materiales y métodos.** Estudio cuasiexperimental de tipo antes-después, ejecutado entre el 9 de octubre y el 16 de noviembre de 2025 en el barrio El Laguito (Girón, Santander). La población de estudio estuvo constituida por habitantes del sector seleccionados mediante muestreo por conveniencia (criterio de inclusión: residentes permanentes expuestos al vector). La intervención consistió en cuatro sesiones educativas interactivas y una jornada comunitaria de recolección de inservibles. El desenlace principal fue la modificación de los componentes CAP, medidos al inicio y al final mediante una encuesta digitalizada en Epicollect5. Para la comparación de los puntajes se empleó la prueba T pareada. **Resultados.** Se evaluaron n=23 participantes que completaron el seguimiento inicial y final. Se observó una mejora estadísticamente significativa en el perfil CAP global, evidenciado por un incremento en la puntuación media de la escala de 23,4 puntos en el pretest a 34,6 puntos en el posttest (IC 95%: 21,0 - 33,2; p < 0,001). Específicamente, aumentó el reconocimiento de signos de alarma (dolor abdominal y sangrado), y las viviendas con presencia directa de criaderos vectoriales disminuyeron del 34,8% al 8,7% tras las jornadas de movilización. **Conclusiones.** Las metodologías interactivas de educación en salud y la movilización social demostraron ser herramientas eficaces para fortalecer las conductas preventivas, disminuir los criaderos del vector y empoderar a la comunidad en el autocuidado frente al dengue.

P-010

Investigación de *Coxiella burnetii* en la interfaz animal-humano-ambiente en sistemas caprinos del oriente antioqueño

Cisneros-López H, Cabrera R, Vásquez J, Joya A, Rendón L, Ríos-Usuga C, Velásquez R, Roldán C, López L, Ríos-Tobón S, Gutiérrez L.
Universidad de Antioquia; Universidad Pontificia Bolivariana; Laboratorio Testmol; Politécnico Colombiano Jaime Isaza Cadavid.
Bogotá
herman.cisneros@udea.edu.co

Introducción. La caprinocultura es una actividad económica importante en zonas rurales y constituye un entorno propicio para la circulación de *Coxiella burnetii*, una bacteria transmitida principalmente por la inhalación de aerosoles contaminados, que causa trastornos reproductivos en animales y puede producir enfermedad en humanos. **Objetivos.** Evaluar la presencia de *Coxiella burnetii* en cabras, en personas con riesgo ocupacional y en el entorno ambiental de seis sistemas caprinos del oriente antioqueño. **Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio transversal analítico, con aval ético, durante el periodo comprendido entre febrero y abril de 2025. La recolección incluyó muestras biológicas de 256 cabras (leche e hisopados vaginales), muestras hemáticas de 10 personas y 36 muestras del entorno ambiental, integrando variables meteorológicas. Se recolectó información sociodemográfica, clínico-epidemiológica y sobre conocimientos, actitudes y prácticas mediante encuestas dirigidas. Para la identificación bacteriana se empleó qPCR dirigida al gen IS1111 y PCR anidada con posterior secuenciación del gen *rpoB*. Se

estimaron razones de prevalencia con un modelo de regresión binomial con enlace log de efectos mixtos ejecutado en el software Jamovi. **Resultados.** La positividad para *Coxiella burnetii* en las cabras fue de 7,65% (16/209) en leche y de 1,5% (4/256) en hisopados vaginales; no se detectó en muestras humanas ni ambientales. En el análisis de factores asociados, el conocimiento del personal sobre la transmisión zoonótica se asoció con una menor frecuencia de positividad (RP: 0,28; IC95%: 0,11–0,74), mientras que un tiempo de funcionamiento del aprisco superior a cinco años se asoció con una mayor frecuencia de positividad (RP: 3,92; IC95%: 1,30–11,82). **Conclusiones.** Se confirma la detección de *Coxiella burnetii* en sistemas caprinos colombianos, con riesgo para la salud del personal expuesto, lo que resalta la necesidad de fortalecer la educación sanitaria, la biocontención y las intervenciones multidisciplinarias bajo el enfoque de Una Salud. Financiación: CODI-UdeA: 2023-65211, CIDI-UPB: 75662576.

P-011

Análisis de costos asociados a la enfermedad neumocócica invasora durante la vacunación masiva con PCV10 y PCV13 en Colombia entre el periodo 2017 a 2025

Restrepo-Cedeño A, Barroca-Jacome G, Patiño-Niño J, Pérez-Camacho P, Gómez I, Sandoval L, Leal A, Camacho-Moreno G, Vásquez P, Gutiérrez I, Londoño-Ruiz J, Beltrán-Higuera S, Mariño-Drews C, Álvarez-Larrañaga M, Espinosa F, Mejía L, Arango C, Trujillo-Valencia M, Díaz A, Suárez M, López-Medina E, López P, Chaucanez Y, Rojas-Hernandez J, Coronell W, Pinzón H, Mendoza L, Romero A, Toro J, Sosa L, Guerrero M, Arias A, Ramos N, Barrero R, López J, Moreno V. Red Neumocolombia, Universidad Icesi; Fundación Valle del Lili; Universidad Nacional de Colombia; Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia (HOMI); Clínica Santa María del Lago; Clínica Infantil Colsubsidio; Clínica pediátrica-Clínica Universitaria Colombia; Fundación Cardioinfantil-Instituto de Cardiología; Hospital Militar; Hospital Infantil Universitario San José; Fundación Club Noel; Hospital Universitario San Vicente Fundación; Hospital Pablo Tobón Uribe; Hospital General de Medellín; Unidad de Servicios de Salud Tunja; Hospital Universitario San Ignacio; Centro Médico Imbanaco; Hospital Universitario del Valle; ; Hospital Infantil Los Ángeles de Pasto; Universidad Libre Seccional Cali; Hospital Infantil Napoleón Franco Parejo; Grupo Clínica Médicos Valledupar; Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo; Clínica Medilaser; Clínica San Luis de Bucaramanga; Hospital Erasmo Meoz; Clínica Medical Duarte; Hospital San Rafael de Facatativá; COBOS Medical Center; Unidad de Servicios de Salud Santa Clara, Subred Centro Oriente; Fundación Santa Fe de Bogotá.
Cali
a.restrepo.ced@gmail.com

Introducción. La enfermedad neumocócica invasiva (ENI), acarrea una alta carga de morbi-mortalidad y costos significativos para los sistemas de salud. **Objetivos.** A partir de datos de 30 hospitales de la Red Neumocolombia entre los años 2017 a 2025, se caracteriza el uso de recursos asociados a costos directos e indirectos de la enfermedad. **Materiales y métodos.** Un análisis de uso de recursos, de una cohorte prospectiva, de 30 hospitales. Se estimaron los costos directos por días de estancia por niño por cada año evaluado. Los costos indirectos se calcularon con el lucro cesante por ausentismo laboral del cuidador, ajustado al régimen económico, ya sea subsidiado (población pobre) o contributivo (trabajo formal). **Resultados.** En 867 pacientes, con edad promedio 31 meses. 552 (63,7%) cursaron con neumonía, 160 (18,5%) con bacteriemia, 101 (11,6%) con meningitis, 11 (1,3%) con neumonía y meningitis, y 43 (4,9%) con otros diagnósticos. El serotipo más común fue el 19A en 216 casos (24,9%). La mediana de estancia fue de 13 días (RIC 7–22); en Sala General 8 días (RIC 4–14) y en UCI 8 días (RIC 4–15). El costo promedio total de estancia/niño/año de 2.986 USD, en UCI/niño/año de 2.126 USD y en Sala General/niño/año de 860 USD. En los 361 (41,6%) subsidiados, mediana de estancia de 15 días (8–25, Q1–Q3), la pérdida monetaria fue 51,97 USD por evento (50% de sus ingresos). Para el régimen contributivo (n=505, 58,2%), la mediana de estancia fue 12 días (6–19, Q1–Q3) y la pérdida fue de 166,31 USD (40%). **Conclusiones.** La ENI acarrea costos importantes para el sistema de salud, así como para las familias afectadas, principalmente las de menores ingresos. Existe un alto uso de recursos año a año, por lo que estrategias que disminuyan la incidencia de ENI, disminuirán los costos, tendencia sostenida después del 2022.

P-158

Algoritmo de tamización alternativo y prevalencia de infecciones por VHB, en mujeres embarazadas de Cali y Buenaventura

Carabalí-Hinestroza M, Arboleda-Valencia L, Rojas-Hernández J, Cortés-Marín N.

Fundación Universitaria San Martín; Hospital Universitario del Valle.
Cali

juan.rojas.hernandez@correounivalle.edu.co

Introducción. La hepatitis B representa un desafío de salud pública debido al riesgo de transmisión vertical (TV), cuya cronicidad en neonatos supera el 90%. En Colombia, el tamizaje basado únicamente en HBsAg es insuficiente. Este estudio evalúa la prevalencia del VHB y factores asociados en gestantes de Cali y Buenaventura, comparando el desempeño de un algoritmo de triple panel serológico (HBsAg, anti-HBs y anti-HBc total) frente al método convencional. **Objetivos.** Evaluar el algoritmo de tamización alternativo basado en el triple panel serológico para la detección del VHB, determinar la prevalencia y los factores asociados a VHB en mujeres embarazadas atendidas en instituciones de primer nivel de atención en Cali y Buenaventura, Colombia, durante el periodo 2024-2025. **Materiales y métodos.** Estudio transversal analítico en 305 gestantes (junio 2024 - junio 2025). Se empleó quimioluminiscencia (CMIA) para el triple panel y PCR para confirmación. El análisis incluyó pruebas de Chi-cuadrado y regresión logística en SPSS v.30, bajo aprobación ética (Acta 012-024, Univalle. **Resultados.** Se halló una susceptibilidad del 70,7% y solo un 27,5% de inmunidad por vacunación. La prevalencia de infección activa fue del 1%, mientras que el triple panel detectó un 1,3% de infecciones resueltas. El análisis multivariado vinculó la infección previa con violencia sexual ($p=0,01$) y sexo grupal ($p=0,04$). El algoritmo alternativo mostró una capacidad diagnóstica superior ($p < 0,001$), identificando perfiles inmunológicos que el HBsAg omite. **Conclusiones.** Persiste un alto riesgo de TV debido a brechas de vacunación (7 de cada 10 mujeres son susceptibles). La implementación del modelo CDC mediante el triple panel es operativa y necesaria en Colombia para caracterizar integralmente el perfil inmunológico. Se recomienda actualizar las guías nacionales e integrar este tamizaje ampliado para alcanzar las metas de eliminación hacia el 2030.

Epidemiología hospitalaria y control de infecciones

P-012

Disponibilidad y caracterización de datasets públicos de *Candida auris* basados en secuenciación de genoma completo y su potencial utilidad en modelos de inteligencia artificial para predicción de brotes hospitalarios

Herrera-Castillo M, Arroyave S, Misas-Rivas E.

Corporación para Investigaciones Biológicas; Universidad CES.

Medellín

marfrancis.herrera@udea.edu.co

Introducción. *Candida auris* es un patógeno emergente asociado a brotes hospitalarios y alta resistencia antifúngica. La secuenciación de genoma completo (WGS) ha mejorado la comprensión de su transmisión; sin embargo, aún es limitada la información sobre la disponibilidad y utilidad de datasets públicos para estudios integrados y modelos basados en inteligencia artificial. **Objetivos.** Caracterizar los datasets públicos de *Candida auris* basados en WGS y explorar su utilidad potencial en estudios epidemiológicos y modelos predictivos de brotes hospitalarios. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo basado en revisión sistemática de literatura y minería de datos genómicos. Los datos de secuenciación se recuperaron sistemáticamente desde el SRA mediante Entrez Direct, generando tablas runinfo para accesos SRR y extrayendo metadatos asociados. La búsqueda bibliográfica se realizó en PubMed, ScienceDirect y Google Scholar con términos relacionados con *Candida auris*, brotes hospitalarios y WGS. Se incluyeron estudios con brotes confirmados y disponibilidad pública de secuencias y/o metadatos. Se extrajo información epidemiológica y genómica (país, periodo, número de aislamientos, origen clínico o ambiental y metodología de secuenciación). Luego se identificaron BioProjects en NCBI y SRA para consolidar una base de datos estructurada. **Resultados.** La recuperación sistemática desde el SRA identificó 28938 SRR únicos asociados a 28816 biosamples y 156 bioprojects. Se encontraron múltiples estudios internacionales de brotes y vigilancia epidemiológica de *Candida auris*. Se consolidó una base de datos preliminar de 18 estudios con 2461 secuencias de genoma completo provenientes de 11 países y distintos clados epidemiológicos. Los datasets incluyeron metadatos sobre

origen del aislamiento, ubicación geográfica, fecha de recolección y perfiles de resistencia antifúngica. Se evidenció heterogeneidad en la disponibilidad y estandarización de los metadatos entre estudios. **Conclusiones.** Los datasets públicos de WGS de *Candida auris* son una herramienta clave para fortalecer estudios de transmisión hospitalaria y el desarrollo de modelos basados en inteligencia artificial.

P-013

Etiología de Los hemocultivos positivos en Una red hospitalaria multicéntrica de Colombia, 2022-2026: análisis de 11.057 aislamientos

Cañadas-Aragón C, Oñate-Gutiérrez J, Vergara-Samur H.

Clínica Colsanitas; Clínica Sebastián de Belalcázar: Unidad de Investigación, Grupo One Health en enfermedades infecciosas, Keralty, Fundación Universitaria Sanitas.

Santiago de Cali

investigacioncsb@colsanitas.com

Introducción. La bacteriemia es una causa mayor de morbilidad hospitalaria y su etiología local condiciona la adecuación de la terapia empírica, la vigilancia microbiológica y las estrategias de optimización antimicrobiana (PROA). En Colombia, la información multicéntrica sobre hemocultivos positivos a escala de red asistencial es limitada y suele provenir de instituciones aisladas. **Objetivos.** Describir la frecuencia y distribución microbiológica de los hemocultivos positivos en una red hospitalaria multicéntrica de Colombia entre 2022 y 2026, así como las características demográficas disponibles. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo y retrospectivo de vigilancia microbiológica. Se consolidaron registros de hemocultivos positivos de siete instituciones, integrando bases con esquemas heterogéneos de identificación y susceptibilidad (VITEK® 2 y WHONET). Se aplicó deduplicación por primer aislamiento según paciente, fecha y especie. Se estimaron frecuencias absolutas y relativas por grupo microbiológico y especie. Las variables continuas se resumieron como mediana y rango intercuartílico (RIQ). Edad y sexo se analizaron en el subconjunto disponible. **Resultados.** De 12.685 registros iniciales se obtuvieron 11.057 aislamientos no duplicados correspondientes a 5.310 pacientes. Predominaron los bacilos gramnegativos (60,4%), seguidos de grampositivos (35,5%), levaduras (3,0%) y anaerobios (1,0%). Las especies más frecuentes fueron *Escherichia coli* (24,5%), *Klebsiella pneumoniae* (15,3%), *Staphylococcus aureus* (12,0%), *Staphylococcus epidermidis* (9,4%) y *Pseudomonas aeruginosa* (4,9%). Los estafilococos coagulasa-negativos representaron 15,9%, proporción que debe interpretarse considerando su posible papel como contaminantes. Entre las levaduras aisladas predominó *Candida albicans* (46,1%) sobre el conjunto de especies no-albicans (53,9%). La prevalencia de fungemia fue del 3,0%. La mediana de edad fue 66 años y la distribución por sexo fue equilibrada. **Conclusiones.** Este estudio respalda cobertura empírica robusta frente a gramnegativos en escenarios de alto riesgo. La frecuencia de *S. aureus*, *Candida* sp y *Staphylococcus epidermidis* resalta oportunidades para guías locales, calidad en la toma de hemocultivos y priorización del PROA.

P-014

Perfil clínico-epidemiológico y desenlaces del programa de extensión hospitalaria con infusores elastoméricos: análisis de efectividad, seguridad e impacto en estancias

Muñoz-Lombo J, Ramírez-Posso F, Cardales-Arizal W, Vallejo-Serna R, Henao J, Pallares-Gutiérrez C.

Hospital Universitario del Valle; Universidad del Valle; Universidad El Bosque.

Cali

drajennylombo@gmail.com

Introducción. Los programas de hospitalización domiciliar con antibiótico terapia parenteral ambulatoria (OPAT) mediante bombas elastoméricas representan una estrategia coste-efectiva para disminuir la estancia hospitalaria tradicional y liberando camas sin comprometer la calidad asistencial. **Objetivos.** Describir el perfil clínico-epidemiológico de los pacientes en un programa de extensión hospitalaria con infusores elastoméricos, evaluar su efectividad y seguridad, e identificar factores asociados a desenlaces negativos. **Materiales y métodos.** Estudio transversal analítico de cohorte única (enero 2025-enero 2026) en Cali, Colombia. Se incluyeron adultos 18 años, con indicación de antibiótico terapia endovenosa prolongada mediante infusor elastomérico. Se evaluó el éxito terapéutico, eventos adversos y días de hospitalización ahorrados. **Resultados.** Se analizaron 96 pacientes (edad media-

na 52 años, RIQ 29–71; 54,7% hombres; 91,7% régimen subsidiado). El 61,5% presentó comorbilidades, siendo las principales hipertensión (37,5%), diabetes (15,6%) y enfermedad renal crónica (12,5%). La patología predominante de hospitalización fue infecciosa (52,1%), principalmente osteoarticular (24,0%) y urinaria (18,8%). El 63,5% fue indicado por parte de infectología. 80,2% tuvo cultivo inicial con positividad del 59,4%. Los microorganismos más frecuentes fueron *S. aureus* MS (17,6%), *E. coli* (11,8%) y *P. aeruginosa* (9,4%). Los antimicrobianos más usados fueron piperacilina/tazobactam (29,2%) y cefazolina (25,0%). El éxito terapéutico global fue del 96,9% (65,6% cura, 31,2% mejoría). El 20,8% requirió reingreso hospitalario, mayoritariamente por comorbilidades (70,0%). La tasa de eventos adversos fue baja (reacción alérgica 4,2%, infección del sitio de inserción 3,1%, Falla del dispositivo (obstrucción/fuga) y Trombosis asociada a catéter en un 2,1% cada uno). El programa ahorró 1,309 días-cama (mediana 13 días/paciente). No se identificaron factores estadísticamente significativos asociados a falla o reingreso ($p > 0,05$). **Conclusiones.** El programa demostró alta efectividad clínica (96,9% de éxito) y un perfil de seguridad favorable, logrando liberar más de 1,300 días-cama, lo que lo consolida como una estrategia segura y eficiente para el tratamiento antimicrobiano ambulatorio.

P-015

When one infection is too many: limitations of conventional device-associated infection rates in small pediatric units and the role of endemic channels

Londoño-Ruiz J, Rodríguez-López A, Gutiérrez-Tobar I, Correa-Castro C. Clínica Reina Sofía Pediátrica y Mujer; Clínica Infantil Santa María del Lago; Clínica Infantil Colsubsidio. Bogotá
jp.londono81@gmail.com

Introduction. Surveillance of device-associated infections (DAIs), including CLABSI, CAUTI, and VAP, commonly relies on standardized rates per device-days. In small pediatric units with low monthly denominators, a single infection may generate extreme rates that exceed national or WHO benchmarks, potentially misclassifying institutional performance and reducing the clinical credibility of surveillance indicators. **Objectives.** To evaluate the limitations of conventional rate-based surveillance for DAIs in small pediatric units and compare fixed benchmark classification with endemic channel analysis as a locally contextualized approach for identifying true epidemiological deviations. **Materials and methods.** We conducted a retrospective surveillance analysis in small pediatric inpatient units, including general wards and pediatric intensive care units. Monthly CLABSI, CAUTI, and VAP rates were calculated using standard definitions and device-day denominators. We identified months in which a single infection episode exceeded institutional, national, or WHO benchmarks. Endemic channels were constructed for each infection type using historical data and a geometric mean–based methodology with confidence intervals to define expected endemic zones. Current-year data were overlaid onto these channels. We compared months classified as “out of target” using conventional benchmarks with those classified as above endemic expectations. **Results.** Conventional rate-based surveillance classified many months with only one DAI as exceeding fixed targets, especially when device-day denominators were low. For CAUTI, approximately 10–12 single-event months exceeded benchmarks, but only 2–3 crossed the epidemic threshold using endemic channels. For CLABSI, 14–16 months were classified as out of target, compared with 3–4 epidemic months by endemic channel analysis. For VAP, nearly all single-event months exceeded fixed benchmarks, while only two exceeded the upper endemic limit. Overall, more than 70% of apparent target failures represented isolated events without epidemic behavior. **Conclusions.** In low-volume pediatric units, conventional DAI rates may overestimate poor performance. Endemic channels provide a more stable, context-sensitive framework for surveillance, reducing false-positive signals while preserving detection of true epidemiological deviations.

P-016

Continuidad ecológica de *Candida auris* en nichos de pacientes, entornos hospitalarios y marinos: un estudio de vigilancia genómica

Misas E, Ramírez S, Alvarado M, Prada D, Ayona-Pacheco B, Sarmiento-Arraut V, Varón C, Jaimes I, Zabala J, Córdoba T, Vivas-Aguas J, Lizarazo D, Escandón P.

Universidad del Norte; Hospital Universidad del Norte; Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja; Clínica Reina Catalina; Clínica General del Norte; Instituto Nacional de Salud; Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras (Invemar). Bogotá
emisas@ins.gov

Introducción. *Candida auris* es un importante patógeno nosocomial por su capacidad para persistir en superficies hospitalarias y resistencia a múltiples fármacos, siendo responsable de brotes difíciles de controlar. Si bien la transmisión clínica está bien documentada, la continuidad ecológica entre los aislamientos clínicos de casos de *C. auris*, los reservorios ambientales hospitalarios y el medio ambiente natural aún no se comprende completamente. **Objetivos.** Investigar la presencia y relación genética de *Candida auris* en ambientes marinos, entornos sanitarios y muestras clínicas en la costa norte de Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó la extracción de ADN con un kit comercial y el análisis genómico comparativo mediante secuenciación del genoma completo (WGS) en aislamientos de *C. auris* procedentes de tres fuentes: ambientes marinos ($n=2$), superficies hospitalarias ($n=23$) y muestras clínicas ($n=15$). Los análisis bioinformáticos incluyeron la detección de polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) y la reconstrucción filogenética. **Resultados.** La reconstrucción filogenética mostró que todos los aislados colombianos pertenecían al clado IV. Los dos aislamientos derivados del agua de mar se agruparon juntos a pesar de haber sido recolectados con tres años de diferencia (2020–2023). Los aislamientos clínicos y ambientales hospitalarios mostraron un alto grado de clonalidad y se encontraban intercalados dentro de los mismos grupos filogenéticos. **Conclusiones.** Nuestros hallazgos indican que las superficies hospitalarias actúan como reservorios para la colonización de pacientes con *C. auris*. La agrupación de aislamientos derivados del agua de mar a lo largo del tiempo sugiere la persistencia de un linaje marino estrechamente relacionado, que mostró una gran similitud genética con los aislamientos hospitalarios y clínicos. Estos resultados respaldan la continuidad genómica en entornos marinos y sanitarios, y subrayan la necesidad de una vigilancia integrada que combine enfoques genómicos y de Una Salud para comprender mejor la transmisión de *C. auris*.

P-017

En búsqueda del origen ambiental de *Candida auris* como posibles fuentes de exposición

Ramírez S, Bayona-Pacheco B, Sarmiento V, Varón C, Jaimes I, Zabala J, Escandón P. Instituto Nacional de Salud; Departamento de Medicina, División Ciencias de la Salud, Universidad del Norte; Hospital Universitario del Norte; Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja; Clínica Reina Catalina; Clínica General del Norte. Bogotá
pescandon@ins.gov.co

Introducción. En Colombia se realiza vigilancia por laboratorio de *Candida auris* desde el 2016. Es una levadura de interés clínico por su multiresistencia a antifúngicos y persistencia en superficies abióticas. Sin embargo, existe poca información acerca del posible origen ambiental y permanencia en el ambiente hospitalario. **Objetivos.** Determinar la presencia de *C. auris* en ambientes hospitalarios, aguas residuales y naturales de la Costa Norte de Colombia. **Materiales y métodos.** Se tomaron muestras en 4 hospitales de la Costa Norte, en dos intervalos de muestreo, de octubre 2024 a marzo 2025 y de enero a abril, 2026. Se recolectaron muestras de superficies: camillas, equipos y pisos, aguas de lavamanos y residuales. Se recibieron muestras de agua natural de diferentes puntos de la Costa Norte. Se procesaron por metodologías estandarizadas para cultivo y se determinó el perfil de resistencia antifúngica según CLSI. **Resultados.** Se recolectaron 773 muestras de ambiente hospitalario ($n=367$ superficies, $n=406$ aguas lavamanos y residuales) y 1448 de ambiente natural. En muestras de superficie hospitalaria se obtuvo una positividad del 15%, mientras que en aguas de lavamanos y residuales se obtuvo un 0,2% de positividad; de aguas naturales se obtuvo un 0,08% de positividad para *C. auris*. Veintiuno de 84 aislamientos positivos evaluados presentaron un perfil de resistencia inusual. **Conclusiones.** *C. auris* está presente en aguas naturales y se evidencia su transmisibilidad dentro del ambiente hospitalario y su evacuación en aguas residuales; aunque se obtuvo una baja recuperación de aislamientos por cultivo, estos hallazgos sugieren la necesidad de implementar la vigilancia de las aguas residuales para detectar de forma temprana la circulación de este patógeno.

P-018

Trabajadores de la salud y COVID-19 en Colombia

Muñoz-Lozada C, Benavides-Ruiz M, Alayon-Calderón I, Rivera-Vargas S, Sánchez-Sarmiento C, Walteros-Acero D, Prieto-Alvarado F. Instituto Nacional de Salud; Programa de Entrenamiento en Epidemiología de Campo (FETP Colombia). Bogotá
cmunozlozada@gmail.com

Introducción. A nivel mundial fallecieron más de 180 000 trabajadores de la salud por COVID-19. A partir de 2020 se implementó la vigilancia de COVID-19 en trabajadores de la salud en Colombia, esta población representa prioridad por el riesgo de infección y muerte por esta patología. **Objetivos.** Caracterizar el comportamiento de la infección por COVID-19 en los trabajadores de la salud en Colombia durante 2020 a 2023. **Materiales y métodos.** Estudio transversal analítico basado en los datos de la vigilancia en salud pública del Instituto Nacional de Salud para COVID-19. Fueron calculadas frecuencias, proporciones, curva epidémica, medidas de tendencia central y dispersión, tasa de letalidad y razón de prevalencias (IC95%, $p < 0,05$). **Resultados.** Se notificaron 119 052 casos de COVID-19 en trabajadores de la salud, el 75,1% (89 382) fueron mujeres, mediana de edad 34 años (RIQ:27-41). La tasa de letalidad fue de 0,4% (419/119 052), el 29,4% (35 052) de los casos estuvieron asociados a la atención en salud. Resultaron más afectados auxiliares de enfermería 31,7% (11 120), médicos 17,6% (6 163) y enfermeras 13,8% (4 844). Se evidenciaron diferencias estadísticamente significativas en hombres y mujeres por grupo de edad ($p < 0,001$), las razones de prevalencia indicaron riesgo de fallecer en hombres (RP:6,05; IC95%:4,93-7,41) y en hospitalización (RP:2,61; IC95%: 2,39-2,84). **Conclusiones.** Las más afectadas fueron las mujeres, principalmente auxiliares de enfermería. Los hombres presentaron mayor probabilidad de ser hospitalizados y de morir. La vigilancia activa permite orientar acciones de prevención y control para esta población.

P-019

Infecciones asociadas a procedimientos médico quirúrgicos, características sociales y clínicas de pacientes reportados según ficha 352 de SIVIGILA en el hospital universitario departamental de Nariño (HUDN), 2019-2025

Guevara-Escobar A, Soler-Dávila D, Pantoja-Ascuntar L, Alfaro-Benavides D, Morcillo-Muñoz J, Rodríguez-Caicedo G. Universidad de Nariño; Hospital Universitario Departamental de Nariño. Pasto
jg6354373@gmail.com

Introducción. Las infecciones asociadas a procedimientos médico-quirúrgicos (IAPMQ) constituyen una de las complicaciones más frecuentes de la atención en salud y generan una carga significativa de morbilidad y prolongación de estancia hospitalaria. **Objetivos.** Describir las IAPMQ y las características sociodemográficas, clínicas y quirúrgicas de pacientes reportados mediante la ficha 352 de SIVIGILA en HUDN, 2019-2025. **Materiales y métodos.** Estudio cuantitativo, observacional, descriptivo, transversal y retrospectivo. A través de un censo se revisaron 71 historias clínicas y fichas de notificación de casos reportados al SIVIGILA en el HUDN. Los criterios de selección fueron: Pacientes con diagnóstico de IAPMQ reportados en ficha 352 de SIVIGILA, pacientes sometidos a procedimientos médico-quirúrgicos bajo vigilancia epidemiológica. **Resultados.** De los 71 pacientes evaluados 95,8% fueron femeninos, la edad media fue de 27 años. El 57,7% procedía de zonas rurales, 81,7% pertenecían al régimen subsidiado, 90,1% tenía estrato socioeconómico bajo. Las IAPMQ fueron principalmente superficiales (62,0%), el 63,4% detectadas durante la readmisión a la misma institución. La cesárea fue el procedimiento quirúrgico con mayor proporción (88,7%) y a la vez representó el 90,9% de las IAPMQ superficiales, 100% de las profundas y 76,5% de las Órgano/espacio. La obesidad fue la comorbilidad más prevalente (31,0%). 21 pacientes contaron con aislamiento microbiológico, de ellos el 68,2% correspondió a *S. aureus* con 53,3% de cepas meticilino-resistentes. El esquema clindamicina-gentamicina fue el más utilizado (50,7%). El 76,1% de los pacientes requirió reingreso, se registró una estancia hospitalaria después de diagnóstico con una media de 7 días, no se registraron fallecimientos. **Conclusiones.** Las IAPMQ en el HUDN se concentraron en mujeres jóvenes de zonas rurales, con predominio de infecciones superficiales posteriores a cesárea. La elevada resistencia a meticilina y frecuencia de reingresos resaltan la necesidad de fortalecer la vigilancia epidemiológica y programas de optimización del uso de antimicrobiana.

P-020

Agua hipoclorosa libre de iones como alternativa de desinfección en quirófanos en medicina veterinaria en Colombia: ensayo de campo

Acero-Plazas V, Osorio-Ardila N, Zabala-Torres M, Ariza-Quiroga C. Comité de Medicina Tropical, Zoonosis y Medicina del Viajero, Asociación Colombiana de Infectología ACIN; Grupo de Investigación de Producción y Salud en Medicina Veterinaria y Zootecnia (PROSAVEZ), Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Fundación Universitaria San Martín (FUSM); Asociación Nacional de Médicos Veterinarios de Colombia (AMEVEC); Nipro Medical Corporation Colombia; Unidad Móvil Veterinaria Alma Arcoiris; PuntoVeterinario. Bogotá
sepulvic@hotmail.com

Introducción. El agua hipoclorosa libre de iones se utiliza para desinfección de ambientes y superficies en áreas hospitalarias. En Colombia no existen protocolos para la desinfección de áreas quirúrgicas en medicina veterinaria. **Objetivos.** Determinar la eficacia del agua hipoclorosa como desinfectante de ambiente en Cundinamarca, Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó un ensayo de campo en dos quirófanos, Bogotá (punto fijo) y en Tena, Cundinamarca (unidad móvil). Antes de la desinfección, se tomaron 4 muestras al azar de microbiología de superficies y de ambiente de cada quirófano. Posteriormente se instaló un equipo humidificador con agua hipoclorosa CLFine® a 40 ppm durante dos horas. Posteriormente a la desinfección se tomaron muestras las cuales fueron enviadas a un laboratorio certificado (Bioquilab). **Resultados.** En la unidad móvil quirúrgica antes de la desinfección hubo recuentos elevados de mohos y levaduras en lavamanos 36.000 UFC y rejilla de aire 6.400 UFC, mientras que después de la aplicación se observó disminución (lavamanos 2.800 UFC, rejilla de aire 160 UFC), con porcentajes de reducción entre el 75% y el 98%. En el ambiente se evidenció una disminución de 2.967 a 752 UFC/150L (75%). En el quirófano fijo se logró una eliminación completa de mesófilos aerobios en la máquina de anestesia, mesa quirúrgica 1 y mesa quirúrgica 2, pasando de recuentos iniciales de 270, 120 y 30 UFC respectivamente a 0 UFC (reducción del 100%). En el medio ambiente, aunque la reducción no fue absoluta, se evidenció que los aerobios mesófilos bajaron de 82 a 47 UFC/150 L (50% de reducción) y los mohos de 75 a 68 UFC/150 L (10% de reducción). **Conclusiones.** Estos hallazgos sugieren que el agua hipoclorosa libre de iones es una alternativa versátil y eficaz para reducir la carga microbiana en quirófanos fijos y unidades móviles quirúrgicas veterinarias.

Financiación: Nipro Medical Corporation Colombia

P-021

Resultados clínicos y seguridad de un programa especializado de accesos vasculares con catéteres PICC en una unidad neonatal

Giraldo-Ramírez L, Hernández-Morales J, Aguilar J, Romero-Torres S. Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia (HOMI). Bogotá
lilianarometorres@gmail.com

Introducción. Los catéteres centrales de inserción periférica (PICC) son fundamentales en la atención neonatal, aunque su uso asocia riesgos mecánicos e infecciosos (1). Los programas de accesos vasculares liderados por enfermería buscan optimizar la inserción, el mantenimiento y la preservación del capital venoso. **Objetivos.** Describir el desempeño clínico y la seguridad de un programa de accesos vasculares neonatales liderado por enfermería mediante la evaluación de la permanencia del dispositivo, éxito técnico y complicaciones. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo y prospectivo en una unidad de cuidado intensivo e intermedio neonatal de cuarto nivel. Se incluyeron consecutivamente todos los catéteres PICC insertados por el programa entre febrero de 2025 y mayo de 2026. Se analizaron variables de inserción, permanencia, complicaciones y motivos de retiro mediante estadística descriptiva. **Resultados.** Se incluyeron 46 catéteres PICC con un seguimiento acumulado de 723 días-catéter. La vena axilar fue el sitio de acceso más frecuente (67,4%), seguida de la vena basilica (17,4%) y la cefálica (15,2%). El número promedio de intentos de punción fue de $1,37 \pm 0,62$, logrando la canalización en el primer intento en el 71,7% de los procedimientos. La mediana de permanencia funcional fue de 13 días (RIC: 8,3–22), con una media de 15,7 días. El retiro programado por finalización del tratamiento se presentó en el 82,6% de los dispositivos, constituyendo la tasa de éxito terapéutico. Se registró un caso de desplazamiento mecánico (1,38 por 1000 días-catéter) y dos casos de infección asociada al dispositivo (2,77 por 1000 días-catéter); Los

microorganismos aislados fueron *Klebsiella aerogenes* y *Staphylococcus epidermidis*. La tasa global de complicaciones mayores fue de 4,15 eventos por 1000 días-catéter. **Conclusiones.** Los resultados sugieren que el programa liderado por enfermería constituye una estrategia efectiva y segura para la gestión de catéteres PICC en neonatos, favoreciendo la continuidad del tratamiento intravenoso y la preservación del capital venoso.

P-159

Leptospirosis en caninos: estudio retrospectivo en la veterinaria MOVET de Bogotá, Colombia

Romero-Rojas K, Acero-Plazas V, Montoya-Joya D.
Grupo de Investigación de Producción y Salud en Medicina Veterinaria y Zootecnia (PROSAVEZ), Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Fundación Universitaria San Martín (FUSM); Comité de Medicina Tropical, Zoonosis y Medicina del Viajero, Asociación Colombiana de Infectología ACIN; Asociación Nacional de Médicos Veterinarios de Colombia (AMEVEC); Del Laboratorio al Campo.
Bogotá
sepulvic@hotmail.com

Introducción. La leptospirosis es una zoonosis de distribución global. En Bogotá el conocimiento de la epidemiología local es limitado. **Objetivos.** Describir la presentación de casos de leptospirosis canina en una clínica veterinaria de Bogotá, Colombia. **Materiales y métodos.** Se identificaron los casos de *Leptospira* spp. en caninos mediante el análisis de historias clínicas de 2025, incluyendo variables demográficas (# de historia clínica, nombre del paciente, especie, raza, localidad, edad, sexo, fecha de toma de exámenes) y pruebas de laboratorio (qPCR, MAT, ELISA ImmunoComb®), estado del paciente (vivo/fallecido) y antecedentes vacunales. Se comparó el abordaje de los casos con los lineamientos de la Secretaría Distrital de Salud de Bogotá. Al final se implementó una capacitación acerca del manejo de la leptospirosis al personal de la clínica. **Resultados.** Se obtuvieron un total de 41 registros en el 2025 compatibles con *Leptospira* spp. Las pruebas de laboratorio realizadas fueron 51,2% (qPCR), MAT (7,3%) y ELISA ImmunoComb® (48,7%). El 34,1% de los animales (14) fueron positivos (ELISA ImmunoComb®). En cuanto al estado final el 27,5% (11) de los caninos fallecieron o les fue realizada la eutanasia y el 72,5% (29) seguían vivos. De estos 11 animales, 7 (63,6%) eran positivos de los cuales 6 animales (54,5%) no tenían plan de vacunación vigente y sólo el 9,0% (1) paciente tenía carnet y plan de vacunación vigente, sin embargo, también falleció. En cuanto al protocolo diagnóstico de la Secretaría Distrital de Salud de Bogotá se recomienda realizar la prueba MAT y confirmar mediante PCR. Se realizó una capacitación a 20 empleados de la clínica veterinaria. **Conclusiones.** La leptospirosis canina en Bogotá tiene un impacto significativo en la tasa de mortalidad. La ausencia de vacunación vigente puede asociarse a mayor riesgo de mortalidad, lo que subraya la necesidad de fortalecer programas de inmunización y vigilancia epidemiológica.

P-160

Uso optimizado de antibióticos en servicios ambulatorios de primer nivel de atención en Pasto Nariño

Rodríguez G, Alfaro X, Bermúdez M, Andrade J.
Hospital Universitario Departamental de Nariño; Universidad de Nariño.
Pasto
mf472506@gmail.com

Introducción. La resistencia antimicrobiana es un problema de salud pública mundial impulsado principalmente por el uso inadecuado de antibióticos, lo que incrementa la mortalidad, los costos sanitarios y la complejidad de los tratamientos. La atención primaria desempeña un papel clave en este fenómeno debido a la alta frecuencia de prescripción de estos medicamentos. Por ello, es fundamental promover el uso racional de antibióticos para disminuir la resistencia bacteriana y mejorar los resultados clínicos. En este contexto, el presente estudio busca describir el uso racional de antibióticos en los servicios ambulatorios de una red de instituciones de primer nivel de atención en Pasto Nariño. **Objetivos.** Describir el uso racional de antibióticos en los servicios ambulatorios de una red de instituciones de primer nivel de atención en la ciudad de Pasto, Nariño, y evaluar su adherencia a las guías clínicas institucionales y nacionales. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio cuantitativo, observacional, retrospectivo y transversal mediante revisión de historias clínicas de consulta externa entre junio de 2023 y junio de 2024. Se analizaron 387 historias clínicas seleccionadas mediante muestreo probabilístico estratificado. La

pertinencia de la prescripción antibiótica se evaluó según la adherencia a guías clínicas, clasificándola como adecuada, apropiada o inadecuada. **Resultados.** El 73,6% mujeres y el 49,9% adultos entre 29 y 59 años. Los antibióticos más prescritos fueron amoxicilina (28%), nitrofurantoina (15%), cefalexina (14%) y claritromicina (12%). Infecciones más frecuentes respiratorias altas (27,9%), urinarias (26,3%) y de piel y tejidos blandos (24,8%). Vía de administración predominante oral (93,3%). El 90,2% de los casos la prescripción se basó en guías clínicas, y la terapia fue considerada apropiada en el 69,8% de los pacientes. **Conclusiones.** El uso de antibióticos en atención primaria en Pasto muestra una alta adherencia a las guías clínicas (90,2%), con una proporción de terapias apropiadas del 69,8.

Infectología de adultos

P-022

Salmonelosis del adulto: caracterización clínica, resistencia antimicrobiana y factores asociados con mortalidad en una cohorte de Bogotá, 2016-2024

Moreno-Ramírez C, Ortega-Quintero A, Robles-Torres R, Cruz-Vargas S, Gómez-Rincón J, Almanza D, Peña J.
Universidad Nacional de Colombia; Universidad El Bosque; Subred Integrada de Servicios de Salud Centro Oriente.
Bogotá
aortegaq@unal.edu.co

Introducción. La salmonelosis del adulto puede ser invasiva y letal, especialmente en personas con VIH. Presenta patrones de resistencia variables y los datos en población colombiana son limitados. **Objetivos.** Caracterizar el perfil clínico y de resistencia antimicrobiana de la salmonelosis del adulto e identificar los factores asociados a la mortalidad intrahospitalaria. **Materiales y métodos.** Estudio observacional analítico de cohorte retrospectiva en cuatro hospitales de la Subred Integrada de Servicios de Salud Centro Oriente, (Bogotá), entre enero de 2016 y diciembre de 2024. Se incluyeron adultos con aislamiento de *Salmonella* sp. Se definió enfermedad invasiva como compromiso extraintestinal o sistémico distinto de la gastroenteritis aislada. El desenlace principal fue la mortalidad intrahospitalaria. La resistencia se clasificó por concentraciones inhibitorias mínimas según puntos de corte CLSI. Las asociaciones se evaluaron mediante prueba exacta de Fisher y regresión logística de Firth. **Resultados.** Se incluyeron 96 casos. La mediana de edad fue 52 años (RIC 34-65); 65,6% fueron hombres y 46,9% tenían infección por VIH. La enfermedad invasiva ocurrió en el 59,4% y el 45,8% requirió atención en cuidado crítico. La mortalidad intrahospitalaria fue de 18,8%. La no susceptibilidad a ciprofloxacino fue 87,5% (resistencia franca 27,1%); la resistencia a ceftriaxona 15,2% y a trimetoprim/sulfametoxazol 28,3%. Solo 52% recibió tratamiento empírico activo. En el análisis bivariado se asociaron con mortalidad la taquicardia >110lpm (OR 5,5; IC95%1,8-16,7), la cardiomiopatía (OR 5,6; IC95%1,7-18,4), las aminotransferasas elevadas (OR 8,6; IC95%2,2-33,7; n=69) y la enfermedad renal crónica (OR 3,9; IC95%1,1-14,2). En el modelo ajustado persistieron como factores independientes la taquicardia (OR 4,3; IC95%1,3-13,7) y la cardiomiopatía (OR 4,0; IC95%1,1-14,5). **Conclusiones.** En una cohorte con alta prevalencia de infección por VIH, la salmonelosis invasiva fue frecuente y mostró sensibilidad reducida a fluoroquinolonas, con tratamiento empírico inadecuado en cerca de la mitad de los casos; la taquicardia y la cardiomiopatía al diagnóstico fueron factores independientes de mortalidad intrahospitalaria.

P-023

Evaluar la reactividad astrocitaria y la integridad endotelial inducida por *P. gingivalis* y *F. nucleatum*

Castillo Y, Calderón-Peláez M, Lafaurie G, Serra A, Gallart-Pallau X, Velandia-Romero M.
Unidad de Investigación Básica Oral (UIBO), Vicerrectoría de Investigaciones; Universidad El Bosque; Instituto de Virología; Departamento de Ciencias Médicas Básicas, Facultad de Medicina, Universidad de Lleida (UdL); Grupo de Investigación en Proteómica (+PPRG), Área de Neurociencias, Instituto de Investigación Biomédica de Lleida.
Bogotá
castilloymaris@unbosque.edu.co

Introducción. El eje boca-cerebro plantea la asociación entre enfermedad periodontal y disfunción del sistema nervioso central. ADN de *Porphyromonas gingivalis* y *Fusobacterium nucleatum* ha sido detectado en sangre y cerebro, lo

que sugiere que estos patógenos ingresan e interactúan con células del tejido. Sin embargo, los mecanismos por los cuales estos microorganismos modulan la respuesta celular no se conocen, y es aún más limitada la información sobre la participación del *F. nucleatum* en la neuroinflamación y neurodisfunción. **Objetivos.** Evaluar la reactividad astrocitaria y la integridad endotelial inducida por *P. gingivalis* y *F. nucleatum*. **Materiales y métodos.** Se cultivaron astrocitos y células endoteliales de microvasculatura cerebral de ratón (MBEC) y se estimularon por 6, 12 y 24 h con *F. nucleatum* (MOI50) y *P. gingivalis* (MOI100), en mono y coinfección. La viabilidad celular se evaluó por Calcein-AM y por inmunofluorescencia se evaluó la activación celular por expresión de VCAM-1, ICAM-1, PECAM-1, E-selectina, actina y en astrocitos GFAP; la apoptosis (caspasa-3), y proliferación (Ki-67). En sobrenadantes se cuantificaron las citocinas TNF α , MCP-1, IL-1 β , IL-6 e IL-10. Finalmente, como un indicador de la función endotelial se evaluó la resistencia transendotelial (TEER) y permeabilidad con dextrano de 4 kDa y la expresión de ZO-1. Los datos se analizaron mediante ANOVA de dos vías y prueba de Tukey. **Resultados.** La coinfección redujo la viabilidad de MBEC ($p < 0,0001$) y de astrocitos, y mayor expresión de moléculas de adhesión. *F. nucleatum*, solo o en coinfección, alteró la distribución de ZO-1, incrementó la expresión de caspasa-3, desorganizó la actina y disminuyó Ki-67. La TEER disminuyó y la permeabilidad aumentó en todos los grupos experimentales. Asimismo, se observó incremento de citocinas proinflamatorias. **Conclusiones.** La neuroinflamación y neurodisfunción podría incrementarse por la coinfección entre *F. nucleatum* y *P. gingivalis* que inducen la activación astrocitaria y la disrupción endotelial, apoptosis, desorganización del citoesqueleto, y una respuesta inflamatoria desregulada en estas células.

P-024

Impacto de la brecha inmunitaria y la inmunosenescencia en la severidad de las infecciones respiratorias virales post-pandemia en adultos: experiencia de un centro de alta complejidad en Latinoamérica (2018-2024)

Castro-Restrepo D, Martínez J, Agudelo M, Llanos-Torres J, Hurtado Bermúdez L, Rebellón-Sánchez D, Vinueza-Obando D, Rosso F.
Fundación Valle del Lili; Universidad Icesi.
Cali
david_castro_1999@outlook.com

Introducción. Las infecciones respiratorias virales representan una carga significativa de morbilidad y mortalidad global. La pandemia por COVID-19 alteró drásticamente la circulación de patógenos, planteando la hipótesis de que, en adultos, la falta de refuerzos antigénicos naturales durante el confinamiento, sumada a fenómenos de inmunosenescencia, generó una brecha de exposición que ha resultado en una severidad clínica atípica post-pandemia. **Objetivos.** Analizar el comportamiento de las infecciones respiratorias virales en adultos en un centro de alta complejidad, evaluando el impacto de la transición post-pandémica. **Materiales y métodos.** Estudio observacional transversal que incluyó 937 adultos con detección de virus respiratorios (excluyendo SARS-CoV-2) mediante panel multiplex entre 2018 y 2024. Se compararon variables demográficas, clínicas y desenlaces entre los periodos Pre-COVID, COVID y Post-COVID. **Resultados.** El 56,1% de los pacientes eran mujeres y la mediana de edad fue de 59 años. Los virus más comunes fueron Rinovirus/Enterovirus (31,5%), Influenza (26,2%) y Virus Sincitial Respiratorio (11,0%). El 82,4% requirió hospitalización, 36,2% ingreso a UCI y 54,9% oxígeno suplementario (33,3% con ventilación mecánica). La mortalidad general fue de 12,7%. Al comparar Pre-COVID frente a Post-COVID, se observó un incremento significativo en hospitalización (70% vs. 90,8%, $p < 0,01$), UCI (25,4% vs. 44,2%, $p < 0,01$), ventilación mecánica (26,1% vs. 39,0%, $p < 0,01$) y mortalidad (9,5% vs. 15,4%, $p = 0,02$). **Conclusiones.** Se evidencia un fenómeno de mayor gravedad clínica post-pandemia, el cual persiste más allá de la fase aguda de la crisis sanitaria. Este comportamiento sugiere que la brecha de exposición y la inmunosenescencia han dejado a la población adulta más vulnerable frente a infecciones respiratorias comunes. Estos hallazgos subrayan la necesidad de vigilancia molecular continua y estrategias de vacunación reforzadas en adultos.

P-025

PITT ≥ 4 como predictor de mortalidad intrahospitalaria en neutropenia febril con bacteriemia: cohorte colsanitas-keralty, Colombia

Cañadas-Aragón C, Salazar-Otola N, Oñate-Gutiérrez J.
Clínica Sebastián de Belalcázar.
Santiago de Cali
investigacionscsb@colsanitas.com

Introducción. La neutropenia febril (NF) con bacteriemia es un escenario de alto riesgo, en el que la estratificación pronóstica temprana puede orientar vigilancia, soporte e intensificación terapéutica. En Colombia, la evidencia ajustada sobre predictores de mortalidad intrahospitalaria es limitada. **Objetivos.** Identificar factores independientes asociados con mortalidad intrahospitalaria en adultos con NF y bacteriemia confirmada por hemocultivo en la red Colsanitas-Keralty, Colombia. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva de adultos con fiebre, recuento absoluto de neutrófilos < 1.500 células/ μ L y bacteriemia documentada. Se realizó análisis bivariado mediante odds ratio (OR) y prueba exacta, seguido de regresión logística multivariable. Dado el número de eventos, se empleó un modelo parsimonioso preespecificado, con variables clínicamente relevantes y no redundantes, y un modelo complementario centrado en soporte orgánico. Se reportaron OR ajustados (aOR), intervalos de confianza del 95% (IC95%) y valores de p . **Resultados.** Se incluyeron 133 pacientes; la mortalidad intrahospitalaria fue 28,6% (38/133). En el análisis bivariado, ventilación mecánica, PITT ≥ 4 , vasopresores, qSOFA ≥ 2 y edad ≥ 65 años se asociaron con mortalidad. En el modelo principal, ajustado por edad y etiología, PITT ≥ 4 fue el predictor independiente más fuerte (aOR 16,06; IC95% 5,00–51,54; $p < 0,001$), seguido por edad ≥ 65 años (aOR 3,33; IC95% 1,32–8,42; $p = 0,011$). La bacteriemia por Gram negativos mostró tendencia no significativa (aOR 2,52; $p = 0,097$). En el modelo complementario, la ventilación mecánica (aOR 8,29; IC95% 2,65–25,88) y los vasopresores (aOR 3,39; IC95% 1,13–10,18) conservaron asociación independiente. **Conclusiones.** En adultos con NF y bacteriemia, PITT ≥ 4 y edad ≥ 65 años identificaron de forma independiente mayor mortalidad intrahospitalaria. La ventilación mecánica y los vasopresores confirmaron el peso pronóstico de la disfunción orgánica. Estos hallazgos respaldan el uso del PITT como herramienta simple de estratificación y justifican validación prospectiva en cohortes ampliadas.

P-026

Delirium e inmunosupresión como predictores de mortalidad en adultos ≥ 65 años con bacteriemia por *Staphylococcus aureus*

Marín-González A, Arango-Gómez F, Sánchez-Rodríguez D, Sánchez-Cano F.
Fundación Tatamá; Universidad de Manizales.
Manizales
anita.maring@gmail.com

Introducción. La bacteriemia por *Staphylococcus aureus* es una de las bacteriemias con mayor impacto clínico debido a la frecuencia de complicaciones y mortalidad. En adultos mayores suele presentarse con sintomatología inespecífica, lo cual retrasa el diagnóstico y aumenta la mortalidad respaldado por cohortes internacionales, además influyen múltiples factores que pueden modificar la respuesta frente a la infección, entre ellos la presencia de comorbilidades, síndromes geriátricos, pobre reserva fisiológica y la inmunosenescencia. Sin embargo, existe poca información local sobre los factores asociados a mortalidad en esta población. **Objetivos.** Determinar los factores asociados a mortalidad hospitalaria en adultos de 65 años y más con bacteriemia por *Staphylococcus aureus* atendidos en una institución de tercer nivel de la ciudad de Manizales entre 2020 y 2023. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional analítico de cohorte retrospectiva de pacientes de 65 años y más con bacteriemia confirmada mediante hemocultivos positivos con aislamiento de *Staphylococcus aureus*, se evaluaron variables sociodemográficas, clínicas, funcionales y microbiológicas. El desenlace principal fue mortalidad hospitalaria. Se realizaron análisis bivariado y regresión logística multivariada para identificar factores asociados de manera independiente con mortalidad. Se consideró significancia estadística con valores de $p \leq 0,05$. **Resultados.** Se incluyeron 48 pacientes, con mediana de edad de 72 años (RIC 68–80,5); el 64,6% fueron hombres. La mortalidad hospitalaria fue del 58,3% (28/48). El 66,7% presentó delirium y el 45,8% inmunosupresión. En el análisis bivariado, el delirium se asoció con mayor mortalidad (68,8% vs. 37,5%; $p = 0,038$). En el modelo multivariado, la inmunosupresión se asoció independientemente con mortalidad hospitalaria (OR ajustado 4,60; IC95% 1,12–18,79; $p = 0,033$), al igual que la presencia de delirium (OR ajustado 6,16; IC95% 1,30–29,12; $p = 0,022$). No se encontraron asociaciones significativas con edad, sexo, índice de Charlson ≥ 3 puntos ni resistencia a oxacilina. **Conclusiones.** En esta cohorte el delirium y la inmunosupresión fueron predictores independientes de mortalidad hospitalaria.

P-027

Osteomielitis por *Aeromonas hydrophila*: revisión sistemática de casos clínicos

Sánchez-Vergara S, Granados-Peña G, Palacios-Ariza M, Sánchez-Pardo S, Moreno M, Rojas-Borda H, Salamanca-Brijaldo A, Reyes-Hernández N.

Hospital San Rafael de Tunja; Fundación Universitaria Sanitas; Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia.

Bogotá

mpalaciosariza@gmail.com

Introducción. *Aeromonas hydrophila* es un patógeno acuático emergente causante de osteomielitis postraumática, cuya presentación clínica, perfiles de resistencia y desenlaces han sido descritos predominantemente en reportes y series de casos dispersos. **Objetivos.** Describir las características clínicas, epidemiológicas, microbiológicas, terapéuticas y los desenlaces de los casos publicados de osteomielitis por *A. hydrophila* mediante una revisión sistemática de la literatura. **Materiales y métodos.** Revisión sistemática JBI con reporte PRISMA. Búsqueda en Scopus, EMBASE, PubMed y ScienceDirect sin restricción de fecha, complementada con búsqueda activa en referencias. Se incluyeron reportes y series de casos con diagnóstico microbiológicamente confirmado de osteomielitis por *A. hydrophila*. Análisis descriptivo con frecuencias y medianas; se exploraron asociaciones bivariadas sin significancia estadística dado el tamaño muestral. **Resultados.** Se incluyeron 26 artículos con 30 casos individuales (1968-2025) procedentes de 13 países. El 85% fueron reportes de caso individuales; el 46% publicado entre 2016-2025, reflejando reconocimiento creciente de la entidad. El 87% correspondió a pacientes masculinos, mediana de edad 38 años (rango 8-73). La fractura abierta estuvo presente en el 73% y la exposición a fuentes acuáticas contaminadas en el 63%. Los segmentos más comprometidos fueron tibia y peroné (57%). La infección polimicrobiana se documentó en el 40%, con *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus* y *Escherichia coli* como copatógenos más frecuentes. Todos los aislamientos presentaron resistencia a ampicilina; el 40% mostró multirresistencia incluyendo un caso productor de BLEE CTX-M-15. El manejo quirúrgico fue necesario en el 93%. La curación se logró en el 70%, amputación en el 13% y fallecimiento en el 7%, este último exclusivamente en pacientes con neoplasia hematológica. **Conclusiones.** La osteomielitis por *A. hydrophila* afecta predominantemente a hombres adultos con fractura abierta y exposición acuática, con resistencia universal a ampicilina y alta necesidad quirúrgica; el reconocimiento microbiológico temprano y el tratamiento dirigido son determinantes del pronóstico funcional.

P-028

Clinical outcomes of infections caused by gram-negative carbapenemase co-producers in a Colombian reference hospital

Celis-Giraldo D, Ruiz-Monterrosa J, Arebelaiz I, Vergara-Samur H, Muñeton-López G.

Universidad Militar Nueva Granada; Hospital Militar Central; Infectious Diseases Service; Infectious Diseases Research Group.

Bogotá

dacelgi@gmail.com

Introduction. Carbapenem resistance is a global health problem and the spread of multi-carbapenemase producers are rising. This limits treatment options and cause higher morbidity. Clinical outcomes in co-production cases remain unclear, and evidence regarding the efficacy of available antimicrobials is limited. **Objectives.** The objective was to determine the clinical outcomes associated with four antibiotic regimens. **Materials and methods.** This was a retrospective cohort study in adults infected by carbapenem resistant gram-negative bacteria with co-production of carbapenemases, at a referral hospital in Bogotá-Colombia, between May/2023 and Aug/2025. Carbapenemases were identified by immunochromatography (OKNVI-RESIST-5®) and/or BioFire®FilmArray®. Only patients with clinical criteria for infection were included avoiding colonisation. The primary outcome was a composed outcome of in-hospital mortality (HM) or therapeutic failure (TF). We compared 4 different antibiotic regimens as follows: 1. Ceftazidime/Avibactam+Aztreonam (CAZ/AVI+AZT); 2. CAZ/AVI+AZT+one susceptible-antibiotic; 3. Combination of two or more susceptible-antibiotics without CAZ/AVI+AZT; and 4. Monotherapy of any susceptible-antibiotic. **Results.** 559 carbapenem-resistant isolates were reviewed, 500 showed enzymatic mechanism. The most frequent carbapenemase found were KPC with 420 (84%) isolates, followed

by New-Delhi metallo- β -lactamase (NDM) and Verona integron-encoded metallo- β -lactamase (VIM) with 303 (60.06%) and 18 (4.2%) isolates, respectively. Among these, 246 (49.2%) were co-producers. The most common co-production was KPC+NDM in 233 cases (94.71%), followed by KPC+VIM in 11 cases (4.47%) and KPC+NDM+VIM in 2 cases (0.81%). Seventy-eight cases were included in the analysis. The median age was 61 years and 67.9% were male. TF was 16.6%, and HM 15.38%. Solid and hematological neoplasia was associated with TF and HM. Infection source control had negative association with TF (OR, 0.02 [95%CI, 0.004–0.1]; $p < 0.001$) and HM (OR, 0.01 [95%CI, 0.002–0.009]; $p < 0.001$). In bacteremia cases, the use of CAZ/AVI+AZT+one susceptible-antibiotic was associated with less TF and HM (OR, 0.923 [95%CI, 0.008–0.9727]; $p = 0.056$). **Conclusions.** Patients with solid and hematological cancer had poorer outcomes. The infection source control is fundamental to prevent deleterious outcomes. Our findings suggest a substantial clinical benefit of using CAZ/AVI+AZT+one susceptible-agent in bacteremic patients.

P-029

Mejoramiento en la detección de *Treponema pallidum* en muestras clínicas de sífilis gestacional utilizando PCR digital

Valdes-Cabrera L, Bossa-Castro A, Olarte-Escobar N, Corredor-Rozo Z, Valderrama-Márquez I, García-Garay D, Abril D, López-Cruz R, Ochoa-Ramírez S, Mojica-Madera J, Ramos-Cabrera P, Castellanos-Corredor J, Garay-Bernal N, Morales-Pertuz C, Escobar-Pérez J.

Universidad El Bosque; Subred Integrada de Servicios de Salud Sur E.S.E. Bogotá

abossac@unbosque.edu.co

Introducción. La sífilis es una enfermedad infecciosa causada por la bacteria *Treponema pallidum* subespecie pallidum. La sífilis gestacional (SG) y congénita (SC) son eventos de alto interés en salud pública. El diagnóstico es complejo y se realiza utilizando técnicas indirectas serológicas que orientan la conducta terapéutica con alto grado de incertidumbre. La PCR en tiempo real (qPCR) es ampliamente utilizada para la detección de ADN de *T. pallidum*, pero presenta bajos desempeños en SG y SC. La PCR digital (dPCR) detecta ADN con mayor sensibilidad, ofreciendo una optimización del diagnóstico para SG. **Objetivos.** Comparar el desempeño de la qPCR y dPCR en la detección de *T. pallidum* en muestras de sangre periférica de gestantes con diagnóstico de SG. **Materiales y métodos.** Se realizó un muestreo secuencial de pacientes con prueba treponémica positiva y VDRL reactiva o no reactiva, obteniendo 52 enroldadas. Se extrajo ADN total y se evaluó la presencia de *T. pallidum* mediante la amplificación de un fragmento del gen Tpp47 en ambas técnicas. **Resultados.** Se detectó ADN bacteriano en dos casos (4%) por qPCR frente a 44 casos (85%) detectados por dPCR. En casos de SG latente de duración indeterminada ($n=40$), se detectó *T. pallidum* en el 52% por dPCR, mientras que se identificó el patógeno en el 100% de los casos de sífilis primaria y secundaria. En gestantes con tratamiento completo, antecedente de sífilis o historial serológico de difícil interpretación ($n=11$), se detectó en el 54,5% ($n=6$) de los casos por dPCR. **Conclusiones.** Los resultados obtenidos sugieren una mayor capacidad de detección de *T. pallidum* mediante dPCR en sangre periférica de gestantes con diagnóstico de sífilis y, por ende, su utilidad para la detección del microorganismo en muestras con bajas concentraciones de ADN bacteriano. El uso de la dPCR puede optimizar el diagnóstico y posterior tratamiento de la sífilis en este tipo de escenarios.

P-030

Vigilancia de la meningitis por *Neisseria meningitidis* en Antioquia, 2015–2025: epidemiología, diagnóstico molecular y serogrupos

Maya-Restrepo M, Cifuentes A, Arango C, Vargas F, Jiménez L, Paniagua L, Serna V, Echeverri M, Restrepo P, Santana A.

Laboratorio Genómico One Health, Universidad EIA; Hospital San Vicente Fundación; Dirección Salud de Antioquia; Laboratorio Departamental de Antioquia.

Medellín

mangelicamaya@gmail.com

Introducción. La enfermedad meningocócica invasiva representa una urgencia de salud pública en Antioquia, segundo departamento de Colombia en carga de casos. La caracterización epidemiológica de casos, métodos diagnósticos y serogrupos es fundamental para fortalecer estrategias preventivas y de manejo. **Objetivos.** Analizar la incidencia, caracterización clínica y demográfica, métodos diagnósticos y distribución de serogrupos de *N. meningitidis*

en Antioquia, 2015–2025. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo. Se revisaron las historias clínicas de 83 pacientes con enfermedad invasiva confirmada por *Neisseria meningitidis*, y los casos registrados en el Laboratorio Departamental de Salud Pública (n=149). Análisis descriptivo y regresión lineal para tendencias temporales. **Resultados.** 83 casos confirmados, 37 municipios. Mediana de edad 23 años (RIC 4–50); lactantes 0–1 año 19,3%; adultos 31–60 años 22,9%. Incidencia 0,042–0,204/100.000 hab/año; pico en 2024 (n=15). Caída del 50% durante la pandemia COVID-19 (2020–2021). Los casos en adultos mayores muestran tendencia ascendente estadísticamente significativa (+0,67 casos/año, $r=0,73$, $p=0,011$), con la carga concentrada en 2022–2025. El FilmArray ME incrementó su participación del 0% (2015–2016) al 87% (2024) (+7,8%/año; $r=0,85$; $p=0,001$), siendo el único método de confirmación en 20,5% de casos. Síntomas principales: fiebre (81,9%), cefalea (54,2%), rigidez de nuca (49,4%). Serogrupos (LDSP): C 56,3%, B 31,7%, Y 9,2%, W 2,8%. El serogrupo B mostró aumento significativo (+0,74/año; $r=0,62$; $p=0,040$), superando al C en 2025. El serogrupo Y emergió desde 2022 (+0,38/año; $r=0,76$; $p=0,006$), afectando adultos mayores (mediana 62 años; 69% >60 años). **Conclusiones.** Los casos de infección invasiva por *Neisseria meningitidis* están en aumento en adultos. Los métodos moleculares se han impuesto en los últimos años. El serogrupo B está en ascenso y el serogrupo Y emerge en adultos mayores. Estos hallazgos tienen implicaciones directas en la actualización de estrategias de vacunación y manejo de esta enfermedad en Antioquia.

P-161

Tasas de mortalidad asociados a aislamientos microbiológicos en la endocarditis infecciosa: revisión sistemática y metaanálisis

Muñoz-Mora D, Melendez-Rhenals S, Salinas-Mendoza S, Burgos-Cárdenas Á, González-Castro E, Nocua-Báez L.
Departamento de Infectología, Pontificia Universidad Javeriana; Departamento de Medicina Interna, Universidad Nacional de Colombia; Los Cobos Medical Center.
Bogotá
munozdf@javeriana.edu.co

Introducción. Endocarditis infecciosa (EI), enfermedad de alta letalidad y epidemiología cambiante, identificar factores asociados que permitan mejorar la estratificación pronóstica y orientar la toma de decisiones es esencial. **Objetivos.** Estimar las tasas de mortalidad en pacientes adultos con EI según perfil microbiológico, mediante una revisión sistemática y metaanálisis de proporciones. **Materiales y métodos.** Se realizó una revisión sistemática y metaanálisis según PRISMA. Búsqueda ejecutada en MEDLINE y Embase hasta el 31 de diciembre de 2025, sin restricciones. Incluyó cohortes prospectivas o retrospectivas de registros nacionales de adultos con EI. Excluyó inmunocomprometidos, microorganismo único, infecciones mixtas y cirugía cardíaca reciente. Se evaluó sesgo con herramienta QUIPS y se estimaron mortalidades agrupadas mediante metaanálisis de proporciones con efectos aleatorios. **Resultados.** *Staphylococcus* spp. coagulasa negativos se asociaron con una tasa de mortalidad agrupada del 26% (IC 95%: 21–32; $I^2=96,8$; intervalo de predicción [IP]: 13–46%; $n=23.412$). *Streptococcus* spp. mostró una menor tasa del 8% (IC 95%: 7–10; $I^2=78,9$; IP: 13–46%; $n=26.859$). Para *Staphylococcus aureus*, incluyendo sensibles y resistentes a meticilina fue del 22% (IC 95%: 16–28; $I^2=78,9$; IP: 6–12%; $n=26.859$). *Enterococcus* spp. con una tasa del 18% (IC 95%: 16–22; $I^2=82,1$; IP: 12–27%; $n=14.077$). Las bacterias gram negativas (incluidos HACEK), mostraron una tasa del 25% (IC 95%: 20–29; $I^2=80,3$; IP: 14–40%; $n=3.146$). Los hongos una tasa del 43% (IC 95%: 34–54; $I^2=0$; IP: 24–66%; $n=95$). En pacientes con cultivos negativos fue del 15% (IC 95%: 14–15; $I^2=0$; IP: 13–17%; $n=39.932$). **Conclusiones.** La mortalidad por EI varió de manera importante según el agente microbiológico. Las infecciones fúngicas, por bacterias gram negativas, estafilococos coagulasa negativos y *Staphylococcus aureus* se asociaron con las mayores tasas de mortalidad, mientras que *Streptococcus* spp. y cultivos negativos presentaron menores estimaciones relativas. Estos hallazgos resaltan la importancia del perfil microbiológico para la estratificación pronóstica.

P-162

Colon irritable: casos estudiados con diferentes etiologías como: hongos, bacterias y/o parásitos

Ordoñez-Smith M.
Imicol.
Bogotá
institutodemicrobiologia@yahoo.com

Introducción. Investigar si los pacientes con colon irritable presentaban etiologías: tales como hongos, bacterias y/o parásitos para mejorar su calidad de vida y poder brindarles un tratamiento preciso. **Objetivos.** El síndrome de colon irritable (SCI) es un desorden intestinal crónico característico de los síntomas: dolor abdominal, hinchazón, inflamación, irritación, con cambios en las heces, estreñimiento y/o diarrea. A la fecha no hay un diagnóstico o etiología precisa como causa del SCI. **Materiales y métodos.** Se estudiaron las heces de pacientes con diagnóstico de SCI por el médico tratante. En las muestras se investigaron en sus heces: hongos, bacterias y/o parásitos. Se solicitó que las muestras fueran recolectadas en recipientes estériles y las dejaran en el Instituto de Microbiología Colombiano máximo en dos horas y las llevaran a temperatura corporal. Se cultivaron en agar MacConkey, agar EMB (Eosin Methylene Blue), agar MacConkey Sorbitol, agar XLD and CLED (Cystine-Lactose-Electrolyte Deficient) con indicador de Andrade. Para las bacterias anaerobias se sembraron en agar Wilkins-Chalgren y agar chocolate, para el *Campylobacter* se usó medio selectivo de Skirrow. Los hongos en agar Sabouraud Dextrosa Agar o en agar Papa Dextrosa. Todas las muestras se incubaron bajo condiciones apropiadas para su respiración para las bacterias 37°C y a 22°C (hongos). Los parásitos se analizaron con solución salina y lugol a 40X. **Resultados.** En 271 casos 77,0% femeninas, entre 20 y 93 años. Parásitos encontrados: *Ascaris lumbricoides* (58,1%), *Entamoeba histolytica* (50,4%), y *Strongyloides stercoralis* (12,6%). *Candida albicans* presentó un 20,6%. Bacteria anaerobia *Prevotella melaninogenica* (53,8%), microaerofílica *Campylobacter jejuni* (64,1%), aerobias más frecuentes: *Escherichia coli* (46,0%), y *Yersinia enterocolitica* (15,6%). Después de su tratamiento hubo una mejoría del 70,5% en los casos estudiados. **Conclusiones.** Este estudio nos demostró que es importante estudiar estas etiologías (bacterias anaerobias, microaerofílicas, aerobias, hongos y/o parásitos) para mejorar la calidad de vida de los pacientes.

Infectología pediátrica

P-031

Primera evidencia de *Bordetella pertussis* resistente a macrólidos en Colombia: vigilancia genómica en un contexto de reemergencia global

Montilla-Escudero E, Carvajal S, Rojas-Bquero F.
Instituto Nacional de Salud.
Bogotá
emontilla@gmail.com

Introducción. Entre 2023 y 2024, la tos ferina registró el mayor incremento global del siglo (476,3%; 137/1.000.000 habitantes), con cifras no observadas desde 1988 (112,4/1.000.000). En Colombia, la tasa de 2025 (2,26/100.000) fue la más alta desde 2014 (1,58/100.000). La emergencia de *B. pertussis* resistente a macrólidos en Asia y su introducción reciente en las Américas amenaza el tratamiento de primera línea. **Objetivos.** Detectar la mutación asociada a resistencia a macrólidos en *B. pertussis* como componente de la vigilancia nacional en 2025 y caracterizar genómica y filogenómicamente los aislados de la red nacional de laboratorios. **Materiales y métodos.** Se analizaron muestras nasofaríngeas positivas para *B. pertussis* remitidas por la red nacional mediante qPCR multiplex y cultivo en agar Regan–Lowe con cefalexina. La mutación en 23S rRNA asociada a resistencia a macrólidos se detectó por ER-PCR y ER-qPCR aplicadas a muestras clínicas. Los aislados se secuenciaron con Oxford Nanopore y se compararon con genomas del NCBI mediante tipificación vacunal (PubMLST), análisis del resistoma (CARD), detección de mutaciones en *prn* y 23S rRNA (MAFFT/BLAST) e inferencia filogenómica (IQ-TREE). **Resultados.** De 618 pacientes confirmados en 28 departamentos, se analizaron 354 eluidos (57,2%); 198 (56,6%) fueron tipificables por ER-qPCR: 195 (98,5%) wild-type, dos (1,0%) con genotipo mutante y uno (0,5%) heterogéneo, compatibles con resistencia, procedentes de La Guajira y Valle del Cauca. Entre 35 aislamientos predominó el linaje *ptxP3/fim3-1* con perfil *ptxA1/ptxC1/fim2-1/prn2/fhaB1/tcfA1*, distinto al vacunal. Distancias de 0–43 SNP y conglomerados de 0–3 SNP sugieren circulación de varios clones colombianos; las cepas resistentes asiáticas conformaron un subclado diferenciado con introducción en las Américas desde 2024. **Conclusiones.** La evidencia molecular de resistencia a macrólidos local y la introducción filogenómicamente confirmada de linajes resistentes asiáticos en las Américas hacen imperativa la transición hacia una vigilancia genómica para preservar la efectividad del tratamiento de primera línea frente a *B. pertussis*.

P-032

Características clínicas y epidemiológicas de la tosferina en pacientes de un hospital de alta complejidad de Pereira, Colombia

López-Londoño M, Toro-Arcila J, Morales-Díaz L, Angulo-Montaño S.
Clínica Comfamiliar Risaralda; Caja de Compensación Familiar de Risaralda; Hospital San Rafael.
Pereira
marialucialopezlondono9@gmail.com

Introducción. La reemergencia global de tosferina, con más de 160.000 muertes anuales en menores de cinco años y brotes cíclicos post-pandemia, afecta de forma desproporcionada a lactantes con esquemas de vacunación incompletos en países de ingresos medios como Colombia, donde el incremento de casos hospitalizados justifica documentar la experiencia clínica local. **Objetivos.** Describir las características clínicas, epidemiológicas y los desenlaces de una serie de casos de pacientes con tosferina confirmada por PCR en un hospital de alta complejidad de Pereira, Colombia, durante el periodo de rebrote post-pandemia. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo y retrospectivo de 13 pacientes atendidos en la Clínica Comfamiliar Risaralda entre enero de 2024 y febrero de 2026. Los datos se obtuvieron de SIVIGILA y las historias clínicas electrónicas. Se incluyeron pacientes de cualquier edad con PCR positiva para *Bordetella pertussis*. Se aplicó estadística descriptiva con frecuencias absolutas, relativas y medidas de tendencia central y dispersión. **Resultados.** La mediana de edad fue 2,0 años (RIC: 0-12), con predominio femenino (53,8%). Las manifestaciones más frecuentes fueron tos paroxística (69,2%), emesis postusiva (53,8%) y cianosis (46,2%). Se documentó leucocitosis mayor de 15.000 células/mm³ en el 70,0% (n=10) y mayor de 50.000 células/mm³ en el 20,0%. El 46,2% desarrolló al menos una complicación (neumonía, insuficiencia respiratoria aguda, sepsis o convulsiones). El 61,5% requirió hospitalización; el 46,2% ingresó a cuidados intermedios y el 15,4% a UCI. De los seis con complicaciones, cuatro pertenecían a comunidades indígenas, dos no tenían ninguna dosis de vacuna al diagnóstico y uno contaba con una sola dosis. **Conclusiones.** Los hallazgos evidencian una presentación grave de tosferina en lactantes y preescolares, donde el esquema de vacunación incompleto y la pertenencia a comunidades indígenas con barreras geográficas de acceso se asociaron con las formas más severas, lo que hace prioritario implementar estrategias de inmunización con enfoque territorial, cultural y de equidad.

P-033

Are beta-lactams still enough? clinical performance and failure predictors in pediatric skin and soft tissue infections

Silva-Córdoba E, Arana-Hernández S, Villada-Quintero S, Cortés-Salazar I, Gutiérrez-Tobar I, Londoño-Ruiz J.
Universidad del Rosario; Clínica Infantil Colsubsidio.
Bogotá
jp.londono81@gmail.com

Introduction. Skin and soft tissue infections (SSTIs) are a leading cause of pediatric consultation, with *Staphylococcus aureus* as the main pathogen. Rising prevalence of methicillin-resistant *S. aureus* (MRSA) has questioned beta-lactams as first-line empirical therapy, and evidence on therapeutic failure predictors in children is limited. **Objectives.** To describe the clinical course of hospitalized pediatric patients with SSTI empirically treated with beta-lactams and identify factors associated with therapeutic failure. **Materials and methods.** Retrospective cohort study at a tertiary pediatric center in Bogotá, Colombia (June 2020 to June 2023). Hospitalized patients >28 days and < 18 years with SSTI started on oxacillin or a first-generation cephalosporin were included. Invasive infections, immunocompromised patients, and non-cutaneous sepsis foci were excluded. Therapeutic failure was defined as persistence or worsening of inflammatory signs beyond 48–72 hours, or the need to broaden antibiotic coverage within the first 48 hours. Univariate, bivariate, and logistic regression analyses were performed (STATA 11.0). **Results.** A total of 326 patients were included (median age 5.3 years; 51.5% male). Extremities were the most common location and 73% were superficial. Oxacillin (81.2%) and cephalexin (13.1%) were the most used empirical antibiotics. Therapeutic failure occurred in 8.6% (n=28). No association was found with demographic, clinical, or laboratory variables at admission. Patients with failure had significantly longer hospital stay (6.8 vs 3.8 days, $p < 0.001$), longer intravenous antibiotic duration (5.6 vs 3.2 days, $p < 0.001$), and higher MRSA isolation (21.4% vs 1%, $p < 0.05$). Most cases had a favorable outcome. **Conclusions.** Beta-lactams

remain effective as first-choice empirical therapy for pediatric SSTIs, even in high-MRSA settings. Therapeutic failure is uncommon and mainly associated with MRSA infection and more severe presentations. Individualized clinical reassessment at 48–72 hours is essential to optimize antimicrobial stewardship.

P-034

Fenotipos clínico-etiológicos de diarrea aguda pediátrica identificados mediante aprendizaje no supervisado

Gálvis-Ayala J, Beltrán C, Montaño-Céspedes A, Luna-López M, Vélez J, Realpe T, Robledo-Restrepo C, Robledo-Restrepo J.
Grupo Germen - LabMédico; Clínica El Rosario.
Medellín
investigaciones@labmedico.com

Introducción. La diarrea aguda pediátrica es heterogénea y combina patrones clínicos, inflamatorios, microbiológicos y de uso de antibióticos que no siempre se ajustan a clasificaciones etiológicas tradicionales. **Objetivos.** Identificar fenotipos clínico-etiológicos de niños con diarrea aguda mediante aprendizaje automático no supervisado. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo de 951 niños atendidos en la Clínica El Rosario entre 2018 y 2024. Se analizaron variables demográficas, clínicas, de laboratorio, antibiótico al ingreso y etiología compuesta. Se aplicó preprocesamiento, evaluación de datos faltantes y k-prototipos como algoritmo principal para datos mixtos. La selección de conglomerados combinó silhouette, Calinski-Harabasz, Davies-Bouldin y estabilidad bootstrap. Se realizaron análisis de sensibilidad con $k=2$ y excluyendo pacientes con más de 50% de datos faltantes. **Resultados.** Aunque $k=2$ mostró mejores métricas internas (silhouette=0,2578), se seleccionó $k=3$ por interpretabilidad y utilidad clínica (silhouette=0,0954). El clúster 0 (n=583; 61,3%) agrupó niños más pequeños (media=13,1 meses), con menor respuesta inflamatoria y mayor proporción sin pruebas etiológicas. El clúster 1 (n=98; 10,3%) correspondió a un fenotipo inflamatorio, con mayor leucocitosis, neutrofilia, proteína C reactiva, sangre en heces y antibiótico al ingreso (54%). El clúster 2 (n=270; 28,4%) agrupó niños de mayor edad, con mayor deshidratación, positividad para rotavirus (33%) y PCR elevada. La estabilidad bootstrap fue moderada (ARI medio=0,555; IC95%: 0,166–0,933) y el análisis $k=2$ confirmó el eje inflamatorio. **Conclusiones.** El aprendizaje no supervisado reveló patrones clínico-etiológicos no evidentes mediante clasificaciones convencionales e identificó un fenotipo inflamatorio de alta relevancia clínica. Estos hallazgos tienen potencial para apoyar la estratificación temprana del riesgo, optimizar la solicitud de pruebas etiológicas y orientar el uso racional de antibióticos en la diarrea pediátrica. Su incorporación requiere validación externa y evaluación prospectiva en escenarios asistenciales colombianos.

P-035

Caracterización de pacientes pediátricos evaluados con FilmArray gastrointestinal (BioFire®) en FundaciónHOMI en el año 2025

Aguilar-Mejía J, Restrepo-Gualteros S, Higuera M, Martínez-Navarro K, Gálvis-Trujillo D, Ávila-Gómez L.
Universidad Nacional de Colombia; Universidad El Bosque; Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia (HOMI).
Bogotá
jaaguilarm@unal.edu.co

Introducción. El panel gastrointestinal FilmArray permite la detección molecular de patógenos entéricos en pacientes hospitalizados, con potencial impacto en las decisiones de aislamiento, uso de antimicrobianos y manejo clínico. **Objetivos.** Describir las características sociodemográficas, clínicas, microbiológicas y desenlaces intrahospitalarios de las pruebas gastrointestinales en una población pediátrica hospitalizada. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo basado en 500 pruebas de panel gastrointestinal. Se analizaron variables demográficas, aseguramiento, estado nutricional, diagnóstico de base, patógenos identificados, coinfección, tratamientos, complicaciones, requerimiento de UCI, días de hospitalización y mortalidad. Los resultados se presentan como frecuencias absolutas y relativas, y las variables continuas como mediana y rango intercuartílico. **Resultados.** Se analizaron 500 pruebas. La mediana de edad fue 62 meses (RIQ 21-145) y 55,8% correspondieron a sexo masculino. El aseguramiento fue contributivo 49,4% y subsidiado en 48,8%. El 22,6% tenían IMC adecuado para la edad. El diagnóstico de base predominante fue oncológico 49,0%, seguido de gastrointestinal 19,2% y hematológico 11,2%. El panel fue positivo en el 68,8% de las pruebas. Los

patógenos más frecuentes fueron *Clostridium difficile* toxin A/B 20,4%, *E. coli* enteropatógena -EPEC- 18,0%, Norovirus GI/GII 14,6% y *E. coli* enteroagregativa -EAEC 13,0%. Se identificaron dos o más patógenos en 32,6%. La mediana de estancia hospitalaria fue 22,5 días (RIQ 8-56). El requerimiento de UCI ocurrió en 53,4%, en el 63,2% se empleó antibiótico, Las complicaciones más frecuentemente relacionadas fueron deshidratación y sepsis en 19,8% cada uno. La mortalidad intrahospitalaria fue 8,8%. **Conclusiones.** En este análisis por prueba, el panel gastrointestinal mostró una alta frecuencia de positividad en una población hospitalizada con enfermedad de base compleja, especialmente oncológica. La carga de coinfección, complicaciones y uso de UCI respalda la necesidad de evaluar el impacto clínico del diagnóstico molecular sobre decisiones terapéuticas, aislamiento y uso de recursos.

P-036

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

Palido-Sánchez E, Camacho-Moreno G, Moreno-Mejía V, Leal A, Patiño J, Vásquez P, Gutiérrez I, Londoño J, Beltrán S, Álvarez M, Mariño C, Espinosa F, Rojas J, Mejía L, Arango C, Trujillo M, Díaz A, Suárez M, López E, López P, Coronell W, Pinzón H, Chaucanez Y, Mendoza L, Romero A, Toro J, Sosa L, Guerrero M, Arias A, Ramos N, Barrero R, López J, Restrepo A, Perdomo P.

Universidad Nacional de Colombia; Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia (HOMI); Red Neumocolombia; Fundación Valle del Lili; Clínica Santa María del Lago; Clínica Infantil Colsubsidio; Clínica Universitaria Colombia-Clínica pediátrica; Fundación Cardioinfantil-Instituto de Cardiología; Hospital Militar; Hospital Infantil Universitario San José; Fundación Club Noel; Hospital Universitario San Vicente Fundación; Hospital Pablo Tobón Uribe; Hospital General de Medellín; Unidad de Servicios de Salud Tunal; Hospital Universitario San Ignacio; Centro Médico Imbanaco; Hospital Universitario del Valle; Hospital Infantil Napoleón Franco Parejo; Hospital Infantil Los Ángeles de Pasto; Grupo Clínica Médicos Valledupar; Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo; Clínica Medilaser; Clínica San Luis de Bucaramanga; Hospital Erasmo Meoz; Clínica Medical Duarte; Hospital San Rafael de Facatativá; COBOS Medical Center; Unidad de Servicios de Salud Santa Clara, Subred Centro Oriente; Hospital Universitario Clínica San Rafael; Fundación Santa Fe

Bogotá
estefaniapsan@gmail.com

Introducción. La enfermedad neumocócica invasiva (ENI) provoca una morbilidad y mortalidad considerables en niños menores de 5 años; sin embargo, los datos epidemiológicos en población pediátrica de mayor edad son limitados. **Objetivos.** Analizar variables clínicas, epidemiológicas y microbiológicas de la enfermedad neumocócica invasiva en pacientes mayores de 5 años. **Materiales y métodos.** Análisis de una cohorte prospectiva de pacientes de entre 61 y 215 meses de edad con ENI ingresados en 30 hospitales de Colombia entre enero de 2017 y diciembre de 2024. Se utilizan estadísticas descriptivas para resumir los síndromes clínicos, las comorbilidades y el estado vacunal. También se presentan los resultados clínicos, incluyendo duración de la estancia hospitalaria, ingreso en la unidad de cuidados intensivos pediátricos (UCIP) y la mortalidad. Además, se describen los serotipos aislados y los patrones de sensibilidad a los antibióticos. **Resultados.** Se identificaron 173 casos. Neumonía 80 casos (46%), meningitis 41 (24%), neumonía más meningitis 3 (2%), la bacteriemia primaria 37 (21%) y otras infecciones 12 (7%). 54%(n=94) presentaba al menos una comorbilidad; las mas frecuentes fueron tumores malignos (n=37), el uso crónico de corticosteroides (n=18) y los trastornos neurológicos crónicos (n=17). Se informó de la sensibilidad a los antimicrobianos en 147 cepas (85%): 114 no meningíneas y 33 meningíneas. Sensibilidad reducida a penicilina y ceftriaxona en cepas meningíneas en 39% y 12% de los casos, respectivamente; y en cepas no meningíneas en 21% y 16%. Mediana duración hospitalización 14 días (IQR0-135), y 56% de pacientes (n=97) requirió ingreso a UCIP. Letalidad del 13% (n = 22). Serotipificación en 67 casos (39%), más frecuentes 19A(40%), el 6C(8%) y 23B(6%). **Conclusiones.** La ENI es una causa importante de morbilidad, ingreso en la UCIP y mortalidad en pacientes mayores de 5 años, especialmente entre aquellos con comorbilidades. El serotipo 19A es el más frecuente. Es necesario reforzar la cobertura vacunal en este grupo de edad.

P-037

¿Necesitan todos los niños con mastoiditis antibióticos de amplio espectro? lecciones de una cohorte latinoamericana

Acevedo-Murillo A, Marulanda-Tobar D, Abril-Lache P, Rodríguez-Hernández A, Gutiérrez-Tobar I, Londoño-Ruiz J.

Universidad del Rosario; Clínica Infantil Colsubsidio.

Bogotá

jp.londono81@gmail.com

Introducción. La mastoiditis aguda es la principal complicación intratemporal de la otitis media aguda en niños. Pese a su frecuencia, no existe consenso sobre el tratamiento antibiótico empírico de primera línea y a nivel global se utilizan con frecuencia esquemas de amplio espectro. En Colombia y Latinoamérica la evidencia local es escasa. **Objetivos.** Describir la presentación clínica, diagnóstico, tratamiento y desenlaces de pacientes pediátricos con mastoiditis aguda, y evaluar la efectividad de aminopenicilinas combinadas con inhibidores de β -lactamasa como terapia empírica de primera línea. **Materiales y métodos.** Estudio observacional analítico de cohorte retrospectiva. Se incluyeron 82 pacientes menores de 18 años hospitalizados con mastoiditis aguda en la Clínica Infantil Colsubsidio (Bogotá, Colombia) entre agosto de 2020 y noviembre de 2024, diagnosticados por criterios clínicos o clínico-imagenológicos. Se definió fallo terapéutico como la necesidad de cambio del antibiótico inicial. **Resultados.** La mediana de edad fue 4,25 años (RIC 2,4-7,7); el 52% fueron niñas. Los hallazgos más frecuentes fueron otalgia (73%), fiebre (61%) y edema mastoideo (60%). El 84% recibió ampicilina-sulbactam (200-300 mg/kg/día) como terapia empírica, con éxito clínico en el 95,1%. Solo el 13,75% requirió cambio antibiótico, asociado a leucocitosis (17.140 vs 13.040, p=0,02) y PCR más elevada al ingreso (201 vs 44,3 mg/L, p=0,003). El 19,5% requirió cirugía y el 10,9% presentó complicaciones extracraneales (absceso de Bezold el más común). No hubo complicaciones intracraneales ni mortalidad. **Conclusiones.** El tratamiento empírico con aminopenicilina + inhibidor de β -lactamasa fue efectivo y seguro en mastoiditis aguda pediátrica, evitando el uso rutinario de antibióticos de amplio espectro. La PCR y la leucocitosis elevadas al ingreso son marcadores tempranos de posible fallo terapéutico.

P-038

Aproximación a variables predictoras de letalidad en pacientes pediátricos del Caribe colombiano con enfermedad neumocócica invasiva

Manrique-Suárez M, Camacho-Moreno G, Farfán-Albarracín J, Mendoza L, Leal A, Patiño J, Moreno V, Vásquez P, Coronell W, Pinzón H, Perdomo M, Restrepo A.

Red Neumocolombia; Universidad Nacional de Colombia; Fundación Hospital pediátrico de la Misericordia (HOMI); Hospital Infantil Universitario de San José; Hospital Infantil Napoleón Franco Parejo; Grupo Clínica Médicos Valledupar; Fundación Valle del Lili.

Bogotá

mmanriques@unal.edu.co

Introducción. La enfermedad neumocócica invasiva (ENI) representa un reto en salud pública por la tendencia del neumococo al recambio de serotipo y la significativa letalidad que representa. **Objetivos.** Describir la frecuencia de letalidad y el comportamiento de potenciales variables predictoras de letalidad en niños hospitalizados por ENI en la región Caribe. **Materiales y métodos.** Análisis secundario, descriptivo, con pruebas no paramétricas, de la cohorte de pacientes pediátricos hospitalizados con diagnóstico de ENI entre 2017 y 2025, pertenecientes a esta región, de la Red Neumocolombia, con disponibilidad del desenlace de letalidad al egreso. **Resultados.** De 56 pacientes, la letalidad fue del 28,6% (16 casos). El perfil predominante de mortalidad correspondió a menores de 5 años (93,8%, en su mayoría menores de 2 años), mujeres (66,7%) y pacientes sin comorbilidades (75%). Respecto al perfil inmunológico, 56,3% de los fallecidos tenía una dosis de vacuna decavalente (PCV10), con mediana de presentación de ENI 7 meses después (rango intercuartílico de 10 meses), y solo el 25% contaba con esquema completo. No se documentaron muertes por serotipos incluidos en PCV10. El principal diagnóstico fue neumonía (10 casos), destacando la consolidación lobar (58%) como hallazgo radiológico, seguida por meningitis y bacteriemia. Hubo 5 infecciones por neumococo resistente (incluyendo un serotipo 19A), con única coinfección por virus sincitial respiratorio y ninguna coinfección bacteriana. La mediana de estancia hospitalaria fue de 6 días (rango intercuartílico de 11,5 días), y de 5 días en UCI (rango intercuartílico de 7,5 días). Finalmente, la evaluación de biomarcadores de letalidad en sangre y líquido cefalorraquídeo se vio limitada por la ausencia

de datos en el 25% de los registros. **Conclusiones.** Es fundamental fortalecer la vigilancia epidemiológica y la cobertura vacunal. Adicionalmente, la edad, inmunización, diagnóstico clínico, serotipo y estancia hospitalaria podrían funcionar como predictoras de letalidad.

P-039

Bacteriemia por *Salmonella* en población pediátrica: perfil clínico, y microbiológico en dos centros de atención del Caribe colombiano

Ramírez-Barrios L, Casadiego-Payares S, Celedon-Ariza J, Martínez-Pérez K.
Universidad del Magdalena; Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja;
UCI Doña Pilar.
Santa Marta
lirora2603@gmail.com

Introducción. La bacteriemia por *Salmonella* puede causar complicaciones graves en pediatría. Identificar predictores tempranos de gravedad es fundamental para orientar el manejo clínico y terapéutico. **Objetivos.** Este estudio describió características clínicas, microbiológicas y desenlaces en dos centros pediátricos, comparando episodios complicados y no complicados. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva de pacientes ≤ 18 años con bacteriemia por *Salmonella* entre enero 2023 y mayo 2026. Se realizó análisis descriptivo y comparación según requerimiento de UCI, considerando significativo un valor de $p < 0,05$. **Resultados.** Se incluyeron 70 pacientes; 62,3% masculinos, mediana de edad 3 años (RIC 0,9–12). El 24,6% tenía desnutrición y 23,2% alguna comorbilidad, siendo cáncer (7,2%) y anemia de células falciformes (4,3%) las más frecuentes; todos los pacientes con esta última fueron clasificados como episodios complicados. La fiebre fue el síntoma predominante (89,9%), seguida de anorexia/hiporexia (82,6%) y vómito (63,8%). La hepatomegalia (20,6% vs. 7,4%; $p=0,006$) y la ictericia ($p=0,04$) predominaron significativamente en quienes ingresaron a UCI. El compromiso invasor a tejidos ocurrió en 13% de los casos, concentrado en episodios graves ($p < 0,001$). Los casos complicados presentaron hemoglobina y hematocrito más bajos (10,3 vs. 7,4; $p=0,001$) y leucocitosis más marcada (16,930 vs. 10.545; $p=0,001$). *S. enterica* fue la subespecie más frecuente, representó el 52,2% de los aislamientos, fue más frecuente el ingreso a UCI en los pacientes con este tipo de aislamiento que con *S. typhi* (29% vs 17,4% $p 0,38$); la sensibilidad a cefalosporinas de tercera generación y carbapenémicos fue del 100%, con CIM intermedias y resistentes a ciprofloxacina en 11,6% y 4,3%. El 52,2% requirió UCI, la mortalidad fue del 7,2%. La estancia hospitalaria fue significativamente mayor en casos complicados (16 vs. 8 días; $p=0,001$). **Conclusiones.** La bacteriemia por *Salmonella* en niños presenta alta morbilidad con necesidad frecuente de manejo en UCI. Los pacientes más severos se caracterizan por tener hepatomegalia, anemia y leucocitosis.

P-040

Desenlaces asociados al uso de panel de PCR múltiple en neumonía grave pediátrica en Pereira, Risaralda

Gómez-Gómez L, Suárez-Brochero O, Fernández-Monsalve N, Muñoz-Vélez C, Montoya-Velásquez N, Molina-Tamayo J.
Universidad Tecnológica de Pereira.
Pereira
lcgomez@utp.edu.co

Introducción. La neumonía grave pediátrica continúa siendo una causa importante de morbilidad y uso intensivo de antimicrobianos; los paneles moleculares podrían optimizar el diagnóstico etiológico y el direccionamiento terapéutico. **Objetivos.** Determinar los desenlaces clínicos asociados al uso del panel de PCR múltiple en pacientes menores de cinco años con neumonía grave atendidos en unidades de cuidado crítico pediátrico de Pereira, Risaralda. **Materiales y métodos.** Estudio observacional de cohorte retrospectivo realizado en instituciones pediátricas de referencia de Pereira, durante 2024-2025. Se incluyeron menores de cinco años con diagnóstico de neumonía grave atendidos en UCIP; se excluyeron neonatos y pacientes con diagnóstico primario diferente de neumonía. La exposición fue el uso de panel molecular respiratorio y/o panel de neumonía. Los desenlaces evaluados fueron cambio terapéutico, mortalidad en UCIP, estancia en UCIP, estancia hospitalaria, soporte ventilatorio invasivo y reingreso. Se presentan resultados preliminares de 279 pacientes. **Resultados.** Se analizaron 279 pacientes, todos con desenlace de egreso de UCIP. La mediana de edad fue de 8,5 meses (RIQ: 2,8-19,9) y 55,9% fueron hombres. El 57,0% presentó algún panel molecular registrado (159/279; IC95%: 51,1-62,7). Entre los pacientes con panel, se iden-

tificó al menos un microorganismo en el 93,7% (149/159; IC95%: 88,8-96,5). El resultado modificó el manejo terapéutico en 52,3% de los casos con dato disponible (81/155; IC95%: 44,4-60,0). La ventilación invasiva se presentó en 25,8%, la mortalidad en UCIP fue 13,3%, el reingreso 4,7%, la mediana de estancia en UCIP fue 4 días (RIQ: 2-7) y la hospitalaria 8 días (RIQ: 6-12). **Conclusiones.** El panel de PCR múltiple mostró una alta capacidad de identificación microbiológica y modificó el manejo terapéutico en más de la mitad de los casos, lo que respalda su utilidad en la neumonía grave pediátrica.

P-163

Impacto clínico y epidemiológico de la PCR multiplex (FilmArray) en el Diagnostic Stewardship de infecciones del sistema nervioso central en pediatría

Cifuentes-Lopera A, Manrique-Jaramillo M, Madrid-Gómez D, Atehortúa-Muñoz S, Betancur-Restrepo J, García-López J, Serna-Gómez V, Vélez-Leal S, Díaz-Díaz A.
Hospital Pablo Tobón Uribe; Universidad CES; Universidad EIA.
Envigado
alejodiaz81@gmail.com

Introducción. Las infecciones del sistema nervioso central (SNC) en pediatría presentan alta morbilidad y desafíos diagnósticos, con menos del 50% de etiologías identificadas. **Objetivos.** Evaluar el impacto de la PCR multiplex (FilmArray ME) como herramienta de Diagnostic Stewardship, en la reducción de los días de terapia antimicrobiana (LOT) y la estancia hospitalaria (LOS). **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional, retrospectivo en el Hospital Pablo Tobón Uribe. Se incluyeron pacientes menores de 15 años con sospecha clínica de meningitis o encefalitis a quienes se les procesó una muestra de LCR mediante FilmArray entre 2019 y 2024. Se analizaron las variables clínicas y epidemiológicas estratificando la cohorte en pacientes inmunocompetentes e inmunosuprimidos. **Resultados.** Se analizó una cohorte depurada preliminar de 85 pacientes. En el subgrupo de 73 pacientes inmunocompetentes, el panel identificó el agente etiológico en el 31,5% de los casos ($n=23$). La etiología viral fue predominante (91,3% de los aislamientos), siendo el Enterovirus el patógeno más frecuente (65,2%), seguido por el Herpesvirus Humano 6. Esta rápida confirmación viral guió una interrupción temprana de la terapia antimicrobiana empírica, logrando una reducción significativa en los Días de Terapia (Mediana 4,0 [RIC 2,0 - 7,0]) y en la estancia hospitalaria (Mediana 4,5 [RIC 3,0 - 8,0]). En contraste, en los pacientes inmunosuprimidos, el LOT se mantuvo prolongado (Mediana 14,0 días) a pesar de resultados negativos en el panel, obedeciendo a protocolos estrictos de neutropenia febril. **Conclusiones.** La caracterización por FilmArray en LCR optimiza el diagnóstico microbiológico y el Diagnostic Stewardship en niños inmunocompetentes. Esta tecnología reduce el uso de antimicrobianos, acorta la hospitalización y fortalece la vigilancia epidemiológica local.

P-164

Vigilancia centinela en neumonías bacterianas en menores de 5 años en hospital pediátrico cuarto nivel, en Colombia enero 2016 – abril 2026

Camacho-Moreno G, Duarte C, Palacios J, Rojas-Sotelo J, Sosa C, Moreno J, Ortiz L, Serrano A, Jiménez K, Rivera D, Flórez S, Perdomo-Rojas M.
Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia (HOMI); Universidad Nacional de Colombia; Grupo Microbiología Instituto Nacional de Salud; Grupo de Inmunoprev, Dirección de Promoción y Prevención; Subdirección de Enfermedades Transmisibles; Promoción de la Salud y Curso de Vida; Organización Panamericana de la Salud; Laboratorio de Salud Pública y Grupo de Vigilancia Salud Pública Secretaría Distrital de Salud.
Bogotá
gcamachom@unal.edu.co

Introducción. La neumonía bacteriana (NB) es una causa frecuente de mortalidad y morbilidad < 5 años. Colombia administró PCV10 2012-2022, cuando se cambió a PCV13 en esquema 2+1. Desde 1997 se administra vacuna Hib, en 2023, se cambió esquema 3+0 a 3+1. **Objetivos.** Monitorear el comportamiento de las vacunas PCV10 y PCV13 en NB. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, prospectivo de niños < 5 años, según protocolo de la OPS: sospechoso: hospitalizado con diagnóstico de NB; probable: sospechoso con radiografía de tórax y patrón radiológico compatible con NB y confirmado: identificación o cultivó en sangre o líquidos estériles de *Streptococcus*

pneumoniae (Spn), *Haemophilus influenzae* (Hi) u otra bacteria, confirmado y serotificado en laboratorio de referencia distrital y nacional. Se comparan los periodos 2016–2022 con 2024–2026 (abril). **Resultados.** En el periodo de 2016–2022 se hallaron 6970 sospechosos de NB; 3048 (43,7%) probables: 2777 (91,1%) confirmados: 190 (6,2%), de los cuales: Spn 98 (51,6%), 14 por año; Spn19A 47 (48%), Spn3 16 (16%), Spn14 7 (7,1%), Spn 6C 4 (4%), otros serotipos 17 (17,3%), no serotificados 7 (7,1%); mientras que Hi 32 (16,8%), con serotipo HiNT 20 (62,5%), b 5 (15,6%), a 2 (6,2%), f 1 (3,1%) y no serotificados 4 (10,7%); otras bacterias fueron 60 (31,6%). Para el segundo periodo 2024–2026 (abril), se identificaron 2292 sospechosos de NB; 653 (28,5%) probables y confirmados 34 (5,2%); Spn se identificaron 18 (53%), 8 por año, con serotipo Spn19A 9 (50%), Spn3 5 (27,7%), otros serotipos 3 (16,6%) y no serotificados 1 (5,5%); mientras Hi fueron 7 (20,6%), con serotipo: HiNT 4 (57,1%), b 1 (14,3%) y otras bacterias 9 (26,5%): De los 9 pacientes con Spn19A, 4 tenían esquema completo con PCV10 y 3 con PCV 13, mientras 2 tenía esquema incompleto PCV13. La tasa de hospitalización por NB fue 32,3/1.000 niños < 5 años y 65 fallecieron (letalidad de 1,6% entre casos probables). **Conclusiones.** Se observa disminución de los casos confirmados por Spn por año entre el periodo pre y postvacunación (14vs8), Spn19A, Spn3 fueron los más frecuentes en ambos periodos.

P-165

Caracterización microbiológica y factores predictores de ingreso a UCI en pacientes con leucemia aguda y neutropenia febril en una institución del Caribe colombiano

Arrieta-Puello P, Flores P, Martínez K, Fontalvo-Rivera D.
Universidad del Sinú – Seccional Cartagena; Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja.
Cartagena
drapaolaarrietaped@gmail.com

Introducción. La neutropenia febril (NF) es la complicación infecciosa más frecuente y potencialmente letal en niños con leucemia aguda sometidos a quimioterapia. Los criterios de Santolaya y cols. - SLIPE 2021, estratifican el riesgo mediante cinco parámetros al ingreso, el protocolo MAMUTTS 2025 es el estándar actual nacional Colombiano. Su rendimiento para predecir ingreso a UCI en el Caribe colombiano no había sido evaluado, constituyendo el vacío que motiva este estudio. **Objetivos.** Determinar las características clínicas y microbiológicas e identificar los factores predictores de ingreso a UCI en pacientes pediátricos con leucemia aguda y NF. **Materiales y métodos.** Diseño: Cohorte retrospectiva analítica. Periodo: julio 2023 – diciembre 2025. Muestra: 55 episodios de NF en pacientes pediátricos con leucemia aguda. Muestreo censal. Variables: Demográficas, clínicas, paraclínicas, microbiológicas y tratamiento antibiótico. Análisis: Descriptivo; bivariado con OR e IC 95% (Fisher, Mann-Whitney); respuesta a tratamiento por Wilcoxon pareado ($\alpha=0,05$). **Resultados.** El 70,9% requirió UCI (mediana: 5 días). 83,6% LLA y 16,4% LMA. Santolaya identificó 47,3% como alto riesgo, con tasa de UCI del 84,6% vs. 58,6% en bajo riesgo (OR 3,88; IC 95%: 1,06–14,20; $p=0,042$). MAMUTTS clasificó al 94,5% como alto riesgo ($p=0,200$, ns por n mínimo en grupo de referencia). -Predictores significativos de UCI (análisis bivariado) Neutropenia ($RAN100/mm^3$): OR 14,25 (IC 95%: 1,71–118,65; $p=0,004$); Monocitopenia ($100/mm^3$): OR 6,46 (IC 95%: 1,80–23,14; $p=0,004$); Trombocitopenia ($50.000/mm^3$): OR 6,65 (IC 95%: 1,33–33,24; $p=0,015$); Alto riesgo Santolaya: OR: 3,88 (IC 95%: 1,01–14,87; $p=0,042$). Respuesta a las 72 horas: Recuperación medular significativa en RAN($p0,001$), plaquetas ($p0,001$) y monocitos ($p=0,001$). **Conclusiones.** Causa microbiológicamente documentada y la identificación viral se comportaron como factor protector. Tasa de desescalada antibiótica: 76,4% representando un factor importante en PROA. PCR y procalcitonina no descendieron significativamente en las primeras 72 h. La aplasia medular profunda al ingreso es el principal determinante biológico de ingreso a UCI, correspondiendo los parámetros más determinantes para monitorizar la respuesta al tratamiento en las primeras 72 horas.

P-166

Evaluación de la adherencia de una guía de práctica clínica de neutropenia febril (NF) en un servicio de urgencias oncológicas pediátricas en Bogotá, Colombia

Castrellon S, Beltrán-Rodríguez D, Parada Y, Pardo-González C, Camacho-Moreno G, Aponte N, Aguilar-Mejía J.
Universidad El Bosque; Universidad Nacional de Colombia; Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia (HOMI).
Bogotá
jaaguilarm@unal.edu.co

Introducción. La NF en pacientes oncológicos pediátricos es una urgencia médica que requiere reconocimiento temprano, estratificación adecuada del riesgo, inicio oportuno de antibiototerapia empírica y seguimiento clínico estructurado. La adherencia permite estandarizar la atención, reducir la variabilidad asistencial y fortalecer la seguridad del paciente en escenarios clínicos de alta complejidad. **Objetivos.** Describir la línea de base de la adherencia a la guía institucional de neutropenia febril retrospectivamente e identificar oportunidades de mejora en los procesos diagnósticos, terapéuticos y de seguimiento para una fase prospectiva. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo con 145 episodios de atención, en el que se analizaron variables sociodemográficas, clínicas, microbiológicas y de proceso asistencial, así como un índice compuesto de adherencia. Se emplearon estadísticas descriptivas, prueba de Shapiro-Wilk y modelos exploratorios de regresión logística binomial y multinomial. **Resultados.** La edad media fue de 8,61 años (DE 4,76) y el 51,7% de los pacientes fueron masculinos. El diagnóstico oncológico más frecuente fue la leucemia linfoblástica aguda, con el 73,8% de los casos. El 69,7% de los episodios fue NF de alto riesgo, con una clasificación de riesgo al ingreso adecuada del 82,8% y antibiótico empírico adecuado en el 84,6% de los casos. El tiempo medio desde la orden médica hasta el inicio del antibiótico fue de 53,23 minutos (DE 77,63), con administración en los primeros 60 minutos en el 72,9% de los episodios. Los hemocultivos fueron positivos en el 21%, y el germen más frecuente fue *E. coli* (23%); el FilmArray respiratorio fue positivo en el 63,5%. El índice de adherencia presentó una media de 5,438 (DE 1,17), mediana de 6 sobre 7 y distribución no normal. **Conclusiones.** El análisis retrospectivo de la cohorte mostró una adherencia basal globalmente aceptable, aunque heterogénea, y persistieron brechas relevantes en el tiempo de administración del antibiótico y en la clasificación de riesgo. Estos hallazgos constituyen una línea basal para la intervención y para una fase prospectiva.

P-167

Factores de riesgo e infección persistente en candidemia pediátrica: análisis retrospectivo

Ramírez-Barrios L, Casadiego-Payares S, Celedon-Ariza J, Bermúdez-Quintero A, Martínez-Pérez K.
Universidad del Magdalena; Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja;
Universidad Cooperativa de Colombia; UCI Doña Pilar.
Santa Marta
lirora2603@gmail.com

Introducción. Las infecciones invasoras por *Candida* spp causan importante morbilidad. La candidemia persistente es un desafío clínico que se asocia con peores desenlaces. Identificar factores asociados permite orientar el manejo oportuno. **Objetivos.** Describir las características clínicas, microbiológicas, factores asociados y desenlaces de la candidemia pediátrica, comparando casos persistentes y no persistentes. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo analítico en pacientes pediátricos con candidemia atendidos en tres instituciones entre enero de 2023 y mayo de 2026. Se analizaron características clínicas, microbiológicas y desenlaces, comparando grupos con Chi-cuadrado y U de Mann-Whitney; $p < 0,05$. **Resultados.** Se incluyeron 155 pacientes, mediana de edad 1 año; 55,5% hombres. Los diagnósticos iniciales más frecuentes fueron infecciones respiratorias agudas (22,1%) y trastornos gastrointestinales (18,1%). El 72,9% tenía comorbilidades; 95,5% recibió antibióticos previos, 76,7% tenía CVC, 52,9% antecedente de bacteriemia, 60,6% hospitalización previa y 60% otros dispositivos invasivos. El 66,45% de los casos se relacionó con CVC. Se documentaron siembras fúngicas en 7,7%, principalmente endocarditis (3,8%). La mediana de fungemia fue 5 días (RIC 3–9). Predominaron *Candida auris* (52,9%), *C. parapsilosis* (21,9%) y *C. albicans* (18,1%). La candidemia persistente ocurrió en 43,2% y se asoció con mayor duración de fungemia (10 vs. 4 días; $p=0,001$), uso de CVC ($p=0,01$), siembras fúngicas ($p=0,001$), choque séptico ($p=0,01$), vasoactivos ($p=0,01$), mayor tiempo hasta retiro del CVC (5 vs. 2 días; $p=0,001$) y terapia antifúngica combinada (26,8% vs. 3,4%; $p=0,001$). El choque séptico inicial (OR: 2,47; IC 95%: 1,28–4,75; $p=0,010$) y la presencia de CVC (OR: 2,72; IC 95%: 1,37–5,38; $p=0,006$) se asociaron con candidemia persistente. No hubo diferencias por especie ($p=0,84$). La mortalidad fue 21,8%. **Conclusiones.** La candidemia pediátrica se asoció con alta frecuencia de factores de riesgo modificables. La persistencia se relacionó con más complicaciones, estancia prolongada y mayor uso de terapia combinada, resaltando la importancia del diagnóstico oportuno, control del foco y retiro temprano del catéter.

Inmunosuprimidos no VIH e innovación en enfermedades infecciosas

P-041

Factores de riesgo asociados con infección por enterobacteriales resistentes a carbapenémicos en pacientes oncológicos colonizados

Patiño J, Galeano S, Rico-Bolívar D, Pulido E, Aya A, Sánchez N, Cardona A, López M.

Fundación CTIC.

Bogotá

mjllopezun@hotmail.com

Introducción. Las infecciones por enterobacteriales resistentes a carbapenémicos (ERC) en pacientes oncológicos aumentan la morbimortalidad. En pacientes colonizados, identificar los factores asociados con progresión a infección puede orientar el inicio temprano de tratamiento empírico adecuado. **Objetivos.** Identificar factores asociados con infección por ERC en pacientes oncológicos previamente colonizados. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo de casos y controles en pacientes oncológicos colonizados en un hospital de tercer nivel de Bogotá, Colombia. Los casos desarrollaron infección por ERC; los controles desarrollaron infección por otros microorganismos. Los datos de colonización se tomaron del repositorio institucional EVA. Las variables se resumieron con frecuencias, porcentajes, medianas y rangos intercuartílicos, comparadas mediante pruebas de Fisher o Wilcoxon. Se construyó un modelo de regresión logística binaria parsimonioso, limitado a tres variables dado el número de eventos. **Resultados.** Se incluyeron 123 pacientes con tamizaje rectal positivo para ERC: 29 casos y 94 controles. El 41% presentaba tumores sólidos (n=50), 28% linfoma (n=35) y 27% leucemia aguda (n=33); de los registros disponibles, 59% cursaba enfermedad en estadio IV. La media de colonización a desarrollo de infección fue de 12 días en neutropenia febril (6 días para los casos y 12 para los controles). En el análisis multivariado, la estancia en UCI en los seis meses previos se asoció a mayor probabilidad de infección (OR 4,84; IC95% 1,32–21,97; p=0,025). Los días de exposición antibiótica previa también se asociaron (OR 1,08; IC95% 1,01–1,16; p=0,031), implicando un aumento del 8% por cada día adicional de tratamiento. El linfoma tuvo menor probabilidad de infección frente a leucemia aguda (OR 0,10; IC95% 0,01–0,55; p=0,014). **Conclusiones.** En pacientes oncológicos colonizados, la exposición antibiótica acumulada y la estancia reciente en UCI se asociaron con infección por ERC. La identificación de estos factores puede contribuir a la estratificación del riesgo y orientar la selección temprana de terapia empírica en pacientes de alto riesgo.

P-042

Bacteriemia en pacientes oncológicos: patrones clínicos y desenlaces en 1.661 episodios en Colombia

Hoyos-Pulgarín J, Fajardo-Torres K.

Oncólogos del Occidente.

Pereira

juanhope9@hotmail.com

Introducción. Las bacteriemias son una infección frecuente en pacientes oncológicos que acarrea mayor riesgo de mortalidad y son una causa de infección asociada a la atención en salud frecuente. **Objetivos.** Realizar una descripción y análisis de las bacteriemias en pacientes oncológicos en tres centros del eje cafetero. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte retrospectivo en pacientes oncológicos entre febrero/2022 a septiembre/2025 que presentaron bacteriemia descartando hemocultivos contaminados. Se recopilaron datos demográficos; tipo de neoplasia, manifestaciones clínicas, microorganismos aislados, tasas de mortalidad, de colonización e infección por enterobacterias productoras de carbapenemasas. **Resultados.** 1661 episodios de bacteriemia, promedio de edad 61 años, 51% masculino, tumor sólido 74%, colon 15%, gástrico 11%, urológico 11%, hígado y vía biliar 10% y páncreas 10%. Manifestaciones clínicas, fiebre 91%, escalofríos 40% e hipotensión 29% y, 27% con neutropenia. Microorganismos más frecuentemente aislados; fueron bacilos gram negativos 86%, cocos gram positivos 13% y hongos 1%. Las especies más frecuentemente aisladas fueron: *E. coli* 26%, *K. pneumoniae* 25%, *P. aeruginosa* 11%, *S. aureus* 6%, *E. cloacae* 4%. Tasa de mortalidad general del 15%, y tasa de mortalidad asociada a la infección del 6%; 17% de mortalidad en tumores sólidos y 11% en hematológicos, con una diferencia estadísticamente significativa a través de la prueba de chi-cuadrado (p 0,002). La colonización por enterobacterias productoras de

carbapenemasas se encontró en 26% y, 33% de los colonizados presentaron bacteriemia por EPC con una diferencia estadísticamente significativa a través de la prueba de chi-cuadrado con $p < 0,001$. **Conclusiones.** La bacteriemia por BGN es de gran importancia en población oncológica, tanto en neutropénicos como en no neutropénicos, se debe considerar cobertura para *P. aeruginosa* y, es importante considerar búsqueda activa de colonización por EPC ya que desde el punto de vista clínico existe un mayor riesgo de presentar bacteriemia por estos microorganismos en pacientes oncológico.

P-043

Bacteriemia resistente en pacientes con cáncer: impacto sobre la terapia empírica en Colombia, 2016–2023

Cañadas-Aragón C, Sandoval-Moreno L, Vergara-Samur H, Oñate-Gutiérrez J.

Clínica Colsanitas; Clínica Sebastián de Belalcázar: Unidad de Investigación, Grupo One Health en enfermedades infecciosas, Keralty, Fundación Universitaria Sanitas.

Santiago de Cali

investigacioncsb@colsanitas.com

Introducción. La bacteriemia en pacientes con cáncer se asocia con alta morbimortalidad, especialmente cuando es causada por microorganismos resistentes. En esta población, la inadecuación de la terapia empírica puede retrasar el control infeccioso y comprometer el pronóstico. Identificar factores de riesgo clínicamente reconocibles y potencialmente modificables permitiría individualizar la cobertura inicial y fortalecer las estrategias del Programa de Optimización de Antimicrobianos (PROA). La evidencia local en pacientes oncológicos colombianos sigue siendo limitada. **Objetivos.** Identificar factores de riesgo asociados con bacteriemia por microorganismos resistentes en pacientes con cáncer y evaluar su impacto sobre la adecuación de la terapia empírica inicial. **Materiales y métodos.** Estudio de casos y controles en pacientes con cáncer y bacteriemia atendidos entre 2016 y 2023. Los casos correspondieron a bacteriemias por microorganismos resistentes, incluyendo BLEE, AmpC, OXA, carbapenemasas, MRSA e IRT; los controles correspondieron a aislamientos sensibles. Se compararon variables demográficas, oncológicas, exposiciones previas, neutropenia, inmunosupresión, hospitalización, infecciones previas y dispositivos invasivos. Se estimaron odds ratios crudos mediante prueba exacta de Fisher y odds ratios ajustados mediante regresión logística multivariable. Además, se evaluó la adecuación de la terapia empírica inicial. **Resultados.** Se incluyeron 213 pacientes: 89 casos y 124 controles. La frecuencia de la resistencia fue 41,8%. Los mecanismos predominantes fueron IRT, BLEE, OXA, AmpC, MRSA y carbapenemasas. Los aislamientos más frecuentes fueron *Escherichia coli*, *Klebsiella* spp., *Pseudomonas* spp. y *Staphylococcus aureus*. En el análisis bivariado, la terapia antibiótica previa y la infección bacteriana previa se asociaron con resistencia. En el modelo multivariable, la terapia antibiótica previa fue el único factor independiente asociado con bacteriemia resistente (ORa 2,18; IC95% 1,08–4,41; p=0,030). La resistencia se asoció con mayor terapia empírica inadecuada: 33,7% vs 6,5%. **Conclusiones.** Estos hallazgos respaldan estratificar la terapia inicial según exposición antibiótica reciente y fortalecer el PROA en oncología.

P-044

Clinical severity and antibiotic optimisation as key predictors of survival in ESBL bacteraemia among cancer patients

Hoyos-Pulgarín J, Fajardo-Torres K, Moreno-Gómez G, Moreno-Gómez J, Moreno-Gómez M, Ospina-Cardona V, Escárraga-Gómez S. Oncólogos del Occidente; Universidad Tecnológica de Pereira.

Pereira

juanhope9@hotmail.com

Introduction. Infections caused by ESBL-producing Enterobacteriales represent an increasing epidemiological challenge in both hospital and community settings. Oncology patients are at greater risk of infection with these pathogens compared with non-oncological populations. **Objectives.** To identify factors associated with mortality in a cohort of oncology patients with ESBL-producing Enterobacteriales bacteraemia. **Materials and methods.** A univariate analysis will be performed for categorical variables, calculating absolute and relative frequencies (percentages). A bivariate analysis will then be conducted to identify crude associations between each independent variable and mortality. Crude risk ratios (RR) with 95% confidence intervals will be estimated

to quantify the strength of association. Finally, a multivariate analysis will be undertaken to determine factors independently associated with mortality, controlling for potential confounders, and a multivariable regression model will be constructed. **Results.** 158 patients were included, 54.4% of whom were male. There were 55 in-hospital deaths and 103 survivors, yielding a hospital mortality rate of 34.8%. Variables associated with mortality in the bivariate analysis included presence of non-metastatic solid tumour, admission to ICU, qSOFA score ≥ 2 , Pitt bacteraemia score ≥ 4 , and inadequate empirical therapy. Among protective factors, switching from empirical therapy to definitive carbapenem-based treatment was identified. In the multivariate analysis, ICU admission was associated with a 9.4-fold increased risk of death, inadequate empirical therapy with a 3.5-fold increased risk, and age increased the risk of death by 4% per additional year. Conversely, switching from empirical to definitive therapy acted as a protective factor, reducing the risk of death by approximately 65%. **Conclusions.** The findings of this study confirm and reinforce the prognostic importance of clinical severity at the time of bacteraemia presentation, as well as the timeliness of appropriate antibiotic management, as the principal determinants of mortality. Early optimisation and adjustment of antimicrobial regimens towards adequate definitive therapy are clinically relevant factors influencing survival in severe infections.

P-045

Viralnetlat: más allá de la vigilancia: un ecosistema educativo digital en pediatría

Monsalve-Quintero A, Díaz-Díaz A, Jaramillo-Estrada L, Londoño J, Patiño J, Rojas J, Arias A, Beltrán-Arroyave C, Gutiérrez-Tobar I. *Clínica Imbanaco; Hospital Pablo Tobón Uribe; Viral Network Latinoamérica; Clínica Reina Sofía Pediátrica y Mujer; Clínica Infantil Colsubsidio; Fundación Clínica Valle de Lili; Universidad del Valle; Hospital Universitario Erasmo Meoz; Universidad de Antioquia; Clínica El Rosario; Clínica Infantil Santa María del Lago. Cali*
anny12105@gmail.com

Introducción. Las redes de vigilancia tradicionales enfrentan desafíos en la difusión rápida de datos, con aplicabilidad clínica. ViralNetLat, es una iniciativa novedosa diseñada para cerrar la brecha entre la generación de datos y la educación médica continua en Colombia, aprovechando herramientas digitales para crear una comunidad clínica. **Objetivos.** Disminuir la brecha entre la generación de datos y la educación médica continua en Colombia. **Materiales y métodos.** Implementamos una estrategia digital multicanal integrando página web y una red social (Instagram) difundiendo artículos, datos semanales de circulación de virus respiratorios en Colombia, editoriales de temas de impacto y publicaciones de sociedades y entidades públicas científicas. Esta información se transformó en contenido educativo visual (infografías, carruseles, reels). Analizamos métricas digitales (alcance, interacción, compartidos y guardados) de los últimos 6 meses, para evaluar el impacto educativo y la interacción del usuario. **Resultados.** En 6 meses, la web recibió 2.614 visitantes (3.840 sesiones), siendo 'Circulación Viral' la sesión más consultada. Simultáneamente, Instagram expandió el impacto exponencialmente, alcanzando 90.000 cuentas (401.464 visualizaciones) en Colombia, EE. UU., México y España. La alta participación (10.158 interacciones) validó la relevancia del contenido, particularmente para VSR y las vacunas. El rol educativo se evidenció con 1.614 elementos compartidos (difusión) y 221 guardados (usado como referencia de estudio). Cabe destacar que el 40% del alcance provino de no seguidores, demostrando la capacidad de la red para trascender su comunidad inmediata. **Conclusiones.** ViralNetLat muestra cómo las redes de vigilancia pueden ir un paso más allá, evolucionando a ecosistemas educativos dinámicos. Al utilizar comunicación visual y estrategias de redes sociales, facilitamos el acceso a información de actualidad, que puede apoyar la toma de decisiones en la práctica diaria, fomentando un entorno colaborativo.

P-168

Factores relacionados con mortalidad en pacientes oncológicos con infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS) en un centro oncológico de tercer nivel

Patiño J, Galeano S, Carvajal A, Rico-Bolívar D, Aya A, López M. *Fundación CTIC. Bogotá*
mjlopezun@hotmail.com

Introducción. Los pacientes oncológicos son especialmente vulnerables a las IAAS por la inmunosupresión propia de su enfermedad, tratamientos, comorbilidades y exposición hospitalaria; asociándose a mayor morbilidad, estancia y costos. **Objetivos.** Determinar los factores asociados a mortalidad a 30 días en pacientes oncológicos con IAAS en un hospital de tercer nivel en Bogotá, Colombia. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva (enero 2023 - septiembre 2025) de pacientes con IAAS (criterios NHSN). Se analizaron variables demográficas, clínicas, oncológicas, microbiológicas y desenlaces. Las comparaciones bivariadas usaron Chi cuadrado, Fisher o U de Mann-Whitney. Los factores asociados a mortalidad se evaluaron mediante regresión logística binaria, validando el modelo con AUC, Hosmer-Lemeshow y VIF. **Resultados.** Se incluyeron 354 pacientes; mediana de edad 63 años (RIC 49-72), 49,7% mujeres, 70,9% con tumores sólidos y 29,1% hematológicos. La mortalidad a 30 días fue 22,3% (79/354). El foco más frecuente fue el torrente sanguíneo (ITS, 44,4%). Los principales aislamientos fueron *E. coli* (20,3%), *K. pneumoniae* (19,2%), *S. aureus* (11,6%) y *P. aeruginosa* (5,6%). Se identificaron perfiles BLEE en 9,9%, KPC en 7,3% y resistencia a meticilina en 6,8% de los eventos. En el análisis multivariable, la estancia en UCI en los 90 días previos (ORa 2,63; IC95% 1,51-4,63; $p < 0,001$) y la IAAS respiratoria baja (ORa 2,13; IC95% 1,00-4,54; $p = 0,049$) se asociaron con mayor mortalidad frente a las ITS. La infección del sitio quirúrgico (ISQ) se asoció con menor mortalidad (ORa 0,18; IC95% 0,05-0,53; $p = 0,004$). **Conclusiones.** La mortalidad a 30 días relacionada a IAAS fue elevada. La estancia reciente en UCI, como marcador de severidad y fragilidad, y la IAAS respiratoria baja se asociaron con mayor riesgo, mientras que tener ISQ se asoció al menor riesgo. Esto resalta la necesidad de fortalecer la vigilancia y estrategias preventivas en grupos de alto riesgo, así como los paquetes de prevención de neumonía en el entorno hospitalario.

P-170

Dengue posnatal neonatal como diagnóstico diferencial de sepsis neonatal tardía en zonas endémicas: propuesta de algoritmo diagnóstico para optimización antimicrobiana

Arias A, Acosta C, Valencia Y, Guerrero M, Jaramillo C. *Infectoped; Hospital Universitario Erasmo Meoz. Cúcuta*
epidemiologoinfectonorte@gmail.com

Introducción. En zonas endémicas, el dengue neonatal posnatal puede simular sepsis neonatal tardía, generando exposición antimicrobiana innecesaria y dificultades diagnósticas. **Objetivos.** Describir la presentación clínica de neonatos con dengue posnatal inicialmente abordados como sepsis neonatal tardía y proponer un algoritmo diagnóstico orientado a optimizar el uso de antimicrobianos. **Materiales y métodos.** Serie retrospectiva de neonatos atendidos en un hospital de referencia de Cúcuta, Colombia, con sospecha de sepsis neonatal tardía y diagnóstico posterior de dengue. Se analizaron características clínicas, hemograma, reactantes inflamatorios, cultivos microbiológicos, prueba serológica para dengue y conducta antimicrobiana. Con base en los hallazgos clínicos y paraclínicos se estructuró un algoritmo diagnóstico-terapéutico aplicable a regiones endémicas. **Resultados.** Se incluyeron tres neonatos con sospecha inicial de sepsis neonatal tardía. Todos presentaron fiebre o manifestaciones clínicas inespecíficas, con alteraciones hematológicas como trombocitopenia y/o leucopenia. Los cultivos de sangre y orina fueron negativos. La procalcitonina fue baja o no sugestiva de infección bacteriana. La IgM para dengue fue positiva en todos los casos, apoyando infección neonatal posnatal. En los pacientes que recibían antibióticos, estos fueron suspendidos tras la confirmación diagnóstica. Todos evolucionaron favorablemente y egresaron sin complicaciones. A partir de estos hallazgos se diseñó un algoritmo que incorpora pruebas para arbovirus en neonatos con sospecha de sepsis tardía, cultivos negativos y perfil clínico-paraclínico compatible con etiología no bacteriana. **Conclusiones.** El dengue posnatal debe considerarse en el diagnóstico diferencial de sepsis neonatal tardía en zonas endémicas. Su reconocimiento temprano puede favorecer la suspensión segura de antibióticos y fortalecer las estrategias PROA neonatales.

Medicina tropical y parasitología

P-046

Características clínicas y patrones epidemiológicos de fiebre amarilla en Tolima-Colombia, octubre 2024 a abril del 2025

Pacheco-López R, Argoti-Montilla L, Villanueva-Arciniegas M, Arias-Penagos M, Ferro-Ramos B.
Universidad Icesi; Secretaría de Salud Pública Departamental - Tolima.
Cali
robinson.pacheco.73@gmail.com

Introducción. La fiebre amarilla sigue representando un desafío para la salud pública en Colombia. Esto se pudo evidenciar en la reciente epidemia en Tolima, que afectó localidades de bajo riesgo. Es importante entender su comportamiento clínico y epidemiológico. **Objetivos.** Describir las características clínicas y epidemiológicas de los casos confirmados de fiebre amarilla reportados en la epidemia ocurrida entre octubre de 2024 y abril de 2025 en Tolima. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo, longitudinal, retrospectivo. Durante el período de análisis, se consideraron todos los casos que la Secretaría de Salud del Tolima confirmó. Se recolectaron datos sobre la vacunación, los resultados de hospitalización, así como información clínica y demográfica. Se incorporaron en el análisis descriptivo las frecuencias absolutas y relativas, así como los índices de centralización y variabilidad. **Resultados.** Se analizaron 593 casos confirmados. La media de edad fue de 37 años (RIC: 21-55); los hombres representaban el 62,7% de los contagiados. El 68,3% estaba afiliado a sistemas de salud no contributivos y el 88,8% pertenecía a los estratos socioeconómicos uno y dos. Un 69,3% de los pacientes necesitó ser ingresado en un hospital. El promedio de tiempo que pasó desde que comenzaron los síntomas hasta la evaluación fue de 4,6 días. Entre las manifestaciones clínicas más comunes se hallaron vómitos (40,0%), cefalea (76,6%), fiebre (100%), mialgias (82,6%) y artralgias (73,5%). Las complicaciones más destacadas fueron el shock (4,6%), la oliguria (6,4%), la insuficiencia renal (7,3%) y la insuficiencia hepática (8,9%). El porcentaje de mortalidad mundial fue de 6,3% (37/592). **Conclusiones.** En la población masculina joven de estratos socioeconómicos bajos, el brote de fiebre amarilla en Tolima tuvo un impacto significativo, con una tasa de hospitalización elevada y una mortalidad importante. Estos hallazgos resaltan la importancia de reforzar la vacunación en áreas de riesgo, la vigilancia epidemiológica y el diagnóstico a tiempo.

P-047

Malaria prevalence and knowledge, attitudes, and practices among women from the Colombian amazon

Mora-Salamanca A, Rico-Gutiérrez K, Barrera-Ayala S.
Instituto Nacional de Salud.
Bogotá
afmorasa@unal.edu.co

Introduction. Malaria is a public health problem in the Colombian Amazon, particularly among rural and Indigenous populations. Pregnant women and women of reproductive age are especially vulnerable to adverse outcomes, including maternal anemia, placental malaria, preterm birth, and miscarriage. **Objectives.** To estimate malaria prevalence and compare malaria-related knowledge, attitudes, and practices (KAP) among women with positive and negative malaria diagnostic test results in the Colombian Amazon. **Materials and methods.** We conducted a cross-sectional study among women aged 18–49 years from three municipalities (Leticia, Puerto Nariño, and Tarapacá) in the Amazonas Department of Colombia between September 2022 and March 2024. Malaria prevalence was assessed using thick blood smear microscopy, a rapid diagnostic test, and PCR. Participants completed a questionnaire, and responses were compared between women with positive and negative malaria test results. Categorical variables were analyzed using the chi-square test or Fisher's exact test, while continuous variables were compared using either the Student's t-test or the Mann-Whitney U test, as appropriate. **Results.** A total of 234 women were included; 89.7% self-identified as Indigenous and 17.1% were pregnant. Malaria prevalence was 12.5% by PCR, 4.5% by microscopy, and 2.7% by rapid test. Awareness of malaria was high (90.2%), and most women recognized mosquito bites as the primary transmission route (96.6%). Preventive practices were common, including mosquito net use (94.3%) and elimination of standing water (92.9%). However, misconceptions about transmission persisted, and women with a positive malaria diagnostic test were less likely to report wearing full-body clothing (71.3% vs. 75.2%; $p = 0.01$) and

closing doors and windows in the late afternoon (84.8% vs. 88.0%; $p = 0.04$). **Conclusions.** Women in these Amazonian municipalities demonstrated high overall awareness of malaria; however, important gaps in specific knowledge and preventive behaviors remain. Strengthening culturally appropriate education, improving access to diagnosis, and promoting consistent prevention strategies are warranted.

Este estudio fue financiado internamente bajo el código CEMIN N.º 19-2022".

P-048

Detección de *Leishmania* spp. mediante qPCR en caninos y felinos de diferentes departamentos de Colombia, durante los años 2024 y 2025

Ríos-Usuga C, Rendón-Ramos L, Jaramillo-Delgado I.
Urano Diagnostics.
Medellín
carolina.ríos@uranovet.com

Introducción. La leishmaniasis es una enfermedad vectorial ocasionada por *Leishmania* spp. que afecta a humanos y animales. Los caninos y felinos son considerados como huéspedes accidentales y muchos pueden estar infectados de manera subclínica. Existen 3 tipos de manifestaciones, visceral, cutánea y mucocutánea. En el país se cuenta con pocos estudios epidemiológicos en animales domésticos. **Objetivos.** Evaluar la frecuencia de *Leishmania* spp. mediante qPCR en perros y gatos de diferentes departamentos de Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio retrospectivo de bases de datos de muestras enviadas al laboratorio TestMol por diferentes centros veterinarios de Colombia para diagnóstico de *Leishmania* spp. mediante qPCR durante el 2024 y 2025. Se llevó a cabo un análisis estadístico descriptivo y bivariado de variables demográficas mediante Jamovi 2.3.21 ($p < 0.05$). **Resultados.** De un total de 183 registros analizados, el 4% (7/183) presentó resultados positivos para *Leishmania* spp. De los casos positivos, el 71% correspondió al departamento de Antioquia. El 86% (6/7) de los animales positivos fueron perros y, dentro de este grupo, el 83% fueron machos. En relación con la edad, los animales menores de un año y aquellos entre 1 y 6 años representaron, cada uno, el 43% de los infectados. El análisis bivariado evidenció una asociación estadísticamente significativa entre la positividad y la edad de los animales evaluados. **Conclusiones.** Se detecta la presencia de *Leishmania* spp. en animales de compañía, principalmente en perros, evidenciando una mayor frecuencia de infección en individuos menores de 6 años. Teniendo en cuenta que los perros pueden actuar como reservorio principal para la transmisión a humanos y otros animales, es importante el estudio epidemiológico continuo de estas infecciones zoonóticas en el país.

P-049

Análisis de la oportunidad en la consulta por leishmaniasis en Colombia (2020-2024): ¿quiénes tardan más en consultar?

Gutiérrez-Moreno J, Díaz-García D, Pineda-Sánchez K, Gómez-Serrano S, Rodríguez-Álvarez V, Tiga-Loza D.
Maestría en Investigación en Enfermedades Infecciosas, Universidad de Santander – UDES. Bucaramanga
jgutierrez304@unab.edu.co

Introducción. La leishmaniasis representa una persistente carga de enfermedad en Colombia; la falta de oportunidad en búsqueda de atención compromete el pronóstico individual, favorece la progresión clínica y refleja profundas barreras de acceso estructurales y geográficas. **Objetivos.** Estimar la asociación entre las características sociodemográficas, clínicas y territoriales con la falta de oportunidad de consulta (demora) en pacientes con leishmaniasis notificados en Colombia durante el periodo 2020–2024. **Materiales y métodos.** Estudio transversal analítico basado en datos del SIVIGILA (2020–2024). Se incluyeron registros de leishmaniasis cutánea, mucosa o visceral. La demora se definió como un tiempo mayor a 30 días entre el inicio de síntomas y la consulta. Las asociaciones se evaluaron mediante Razones de Prevalencia (RP) con sus intervalos de confianza del 95%. **Resultados.** Se analizaron 29.100 registros (17.174 con demora; 59,02%). La mediana de tiempo a la consulta fue de 33 días (RI=44). 77,6% de los casos con demora correspondieron a hombres (RP=1,10; IC95%:1,05–1,12). Frente a la primera infancia, hubo mayor retraso en la juventud (RP=1,37; IC95%:1,29–1,45), adultez (RP=1,26; IC95%:1,19–1,34) y vejez (RP=1,24; IC95%:1,16–1,33). La ruralidad dispersa (RP=1,10; IC95%:1,06–1,14) y el régimen especial (RP=1,22; IC95%:1,18–1,26, frente al subsidiado) mostraron una mayor frecuencia de demora. Los estratos

2, 3 y 4 reportaron mayor retraso ante el estrato 1. Clínicamente, la forma visceral presentó una menor demora en la búsqueda de consulta (RP=0,29; IC95%:0,15–0,57) respecto a la cutánea. Territorialmente, Risaralda (40,30%) y Nariño (46,02%) notificaron menor proporción de retrasos, contrariamente a Meta (74,14%) y Vaupés (76,30%). Los casos con demora se reportaron en las primeras 10 semanas. No se halló asociación con la nacionalidad. **Conclusiones.** La demora en la búsqueda de consulta está supeditada a la ruralidad dispersa, regímenes específicos y curso de vida, lo que exige estrategias operativas territoriales y rutas diferenciales de atención.

P-050

Mutations T958M and Q532R in *Plasmodium vivax* *pvmr-1* as potential molecular markers of chloroquine resistance in Colombia

Peña-Clavijo N, Lagares A, Mendoza D, Epalza A.
Universidad del Atlántico.
Barranquilla
nicopclavijo@gmail.com

Introducción. La resistencia a la cloroquina (CQ) en *Plasmodium vivax* representa una amenaza creciente para los programas de control y eliminación de la malaria. El gen *pvmr-1* (multidrug resistance 1) ha sido identificado como un marcador molecular clave asociado a la reducción de la sensibilidad a CQ, aunque los mecanismos subyacentes permanecen poco esclarecidos. **Objetivos.** Identificar los polimorfismos del gen *pvmr-1* en aislamientos de *P. vivax* provenientes del Caribe colombiano y analizar su posible asociación con resistencia a cloroquina. **Materiales y métodos.** Se analizaron diez muestras de sangre con diagnóstico confirmado de *P. vivax* procedentes del municipio de Montecristo, Bolívar Colombia. Se extrajo ADN de láminas de gota gruesa utilizando el kit QIAamp DNA Blood Mini (QIAGEN). El gen *pvmr-1* fue amplificado mediante PCR convencional empleando siete pares de cebadores diseñados a partir de la cepa de referencia Sal-I (GenBank: AY571984.1). Los productos amplificados se purificaron, secuenciaron y analizaron bioinformáticamente mediante alineamientos múltiples, predicción estructural y modelado por homología. **Resultados.** Se identificaron dos mutaciones no sinónimas: T958M (presente en el 100% de las muestras) y Q532R (presente en el 30%). Ambas sustituciones se localizaron en dominios funcionales del transportador ABC de la proteína PVMR1, sugiriendo un posible papel en el transporte vacuolar de CQ. **Conclusiones.** Los hallazgos confirman la persistencia del polimorfismo T958M en poblaciones de *P. vivax* del Caribe colombiano y se reportó por primera vez la mutación Q532R en el país en Colombia. Estos resultados aportan evidencia sobre la evolución molecular de *P. vivax* que podría estar asociado con la resistencia a CQ y refuerzan la necesidad de fortalecer la vigilancia genómica de *P. vivax* en Colombia.

P-051

Adherencia terapéutica al tratamiento antimalárico en comunidades étnicas del Chocó

Gómez-Agudelo J, Múnera-Cardona M, Vera-Marín C, Hernández-Sarmiento J.
Universidad Pontificia Bolivariana.
Medellín
josem.hernandez@upb.edu.co

Introducción. La malaria continúa siendo un importante problema de salud pública, especialmente en regiones tropicales. En Colombia, el departamento del Chocó concentra una alta carga de enfermedad. Aunque completar el tratamiento es fundamental para el control de la malaria, persisten factores que limitan la adherencia terapéutica. **Objetivos.** El objetivo fue describir el nivel de adherencia al tratamiento antimalárico e identificar los factores que interfieren en su cumplimiento en comunidades étnicas del Chocó. **Materiales y métodos.** Estudio transversal mixto concurrente. El componente cuantitativo fue observacional e incluyó pacientes con diagnóstico y tratamiento de malaria en los últimos cinco años. El componente cualitativo consistió en entrevistas semiestructuradas para identificar factores y barreras relacionadas con la adherencia. Esta se estimó mediante la escala Morisky-Green de 4 ítems (MMAS-4), adaptada al contenido de las entrevistas. Los datos fueron ingresados y analizados mediante el software estadístico Jamovi. **Resultados.** Se entrevistaron 45 pacientes del Chocó con diagnóstico de malaria y tratamiento recibido en los últimos dos años. De ellos, 17 (37,8%) fueron no adherentes. La mayor frecuencia correspondió al sexo masculino (37,8%). Según autoidentificación étnica, el 73,2% pertenecía a población indígena y el 22,0% a población

afrodescendiente. Entre los factores asociados con la no adherencia, el 24,4% suspendió el tratamiento por percibir mejoría clínica y el 11,4% por efectos adversos. El 90,5% cumplió el tratamiento según las indicaciones y el 95,3% no olvidó ninguna dosis. Respecto al acceso, el 58,1% recibió tratamiento entre 3 y 7 días después del inicio de los síntomas, el 20,9% entre 1 y 2 días, el 14,0% después de 7 días y el 4,7% antes de 24 horas. **Conclusiones.** La principal causa de interferencia en la adherencia fue la percepción de mejoría clínica. Estos hallazgos resaltan la necesidad de fortalecer las estrategias educativas orientadas a promover el cumplimiento completo del esquema terapéutico antimalárico.

P-052

Tratamientos antiparasitarios en la miocardiopatía chagásica: revisión sistemática y metaanálisis de la eficacia y seguridad

Rojas-Chaverra I, Palomar-Aviles J, Palacios-Ariza M, Arias-Barrera C, Pradilla I.
Hospital Universitario Mayor - Mederi; Fundación Universitaria Sanitas.
Bogotá
mpalaciosariza@gmail.com

Introducción. La enfermedad de Chagas crónica representa una causa relevante de cardiomiopatía, progresión clínica y mortalidad cardiovascular. Aunque benznidazol y nifurtimox son los tratamientos etiológicos disponibles, su impacto clínico en fases crónicas continúa siendo heterogéneo. **Objetivos.** Evaluar el efecto del tratamiento antiparasitario sobre progresión de enfermedad, alteraciones electrocardiográficas, eventos cardiovasculares, mortalidad y seguridad en pacientes con enfermedad de Chagas crónica. **Materiales y métodos.** Revisión sistemática registrada en PROSPERO (CRD420251126908). Se incluyeron estudios experimentales y observacionales que evaluaron benznidazol y/o nifurtimox frente a placebo, no tratamiento u otro comparador. Se extrajeron características editoriales, metodológicas, clínicas y terapéuticas de los artículos, además de desenlaces de efectividad y eventos adversos. La síntesis combinó análisis descriptivo y resultados metaanalíticos. **Resultados.** E incluyeron 42 registros publicados entre 1994 y 2025, procedentes principalmente de Brasil y Argentina, con aportes de Colombia, Chile, Bolivia, Venezuela, España, Italia, Suiza y Estados Unidos. Predominaron diseños observacionales retrospectivos y prospectivos, aunque también se identificaron ensayos clínicos y estudios ambispectivos. Benznidazol fue la intervención más frecuente, usualmente a 5 mg/kg/día durante 30 a 60 días; nifurtimox se empleó con menor frecuencia y mayor variabilidad posológica. Los desenlaces reportados incluyeron progresión clínica, cambios electrocardiográficos, eventos cardiovasculares mayores, falla cardíaca, accidente cerebrovascular y mortalidad. En el metaanálisis, el tratamiento antiparasitario se asoció con reducción de cambios electrocardiográficos (RR 0,48; IC95% 0,36–0,66), progresión de enfermedad (RR 0,35; IC95% 0,23–0,51), mortalidad cardiovascular (RR 0,44; IC95% 0,21–0,95) y mortalidad global (RR 0,54; IC95% 0,34–0,87). Los eventos adversos más frecuentes fueron dermatológicos, gastrointestinales, hepáticos y neurológicos, con abandono terapéutico variable. **Conclusiones.** El tratamiento antiparasitario en Chagas crónico muestra beneficio clínico, especialmente en progresión y alteraciones electrocardiográficas; sin embargo, la heterogeneidad metodológica y la tolerabilidad limitan la certeza y exigen seguimiento clínico estructurado.

P-053

Equine rabies in Southern Colombia, 2024-2025

Sánchez-Rojas I, Bonilla-Aldana D, Solarte-Jiménez C, Bonilla-Aldana J, Dallos-Rodríguez D, Zambrano L, Rodríguez-Morales A.
Universidad de Caldas; College of Medicine; Korea University; Universidad de la Amazonia; Virology Group; Universidad El Bosque; Technical Directorate of Epidemiological Surveillance; Instituto Colombiano Agropecuario (ICA); School of Medical Sciences, Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Honduras; Institución Universitaria Visión de las Américas; Animal Production and Health Research Group.
Pereira
ajrodriguezmm@gmail.com

Introduction. Rabies remains a fatal zoonotic disease of major public health and veterinary importance in Latin America. Although canine-mediated rabies has markedly declined in Colombia, sylvatic transmission persists in rural regions, and information on equine rabies in Putumayo is scarce. **Objectives.** This study aimed to describe the epidemiological, clinical, pathological, and

surveillance characteristics of laboratory-confirmed equine rabies cases in Putumayo, southern Colombia, during 2024–2025. **Materials and methods.** A retrospective descriptive study was conducted using national surveillance data. Thirteen equids exposed to the virus were identified. Five were classified as suspected cases, and all of them died; four were laboratory-confirmed. The remaining animals also died but were not reported to the Colombian Agricultural Institute (ICA) for sample collection; however, they exhibited clinical signs consistent with rabies. Epidemiological and clinical variables, necropsy findings, and diagnostic timelines were analyzed. Laboratory confirmation was performed using direct immunofluorescence and histopathology. **Results.** The four confirmed cases occurred in four separate outbreaks. All affected equines were unvaccinated and raised under extensive management systems. Progressive neurological deterioration led to 100% case fatality. Pathological findings consistently demonstrated central nervous system involvement. The median times from symptom onset to notification were 7.5 days, and from notification to laboratory diagnosis were 9.0 days. **Conclusions.** This study provides the first detailed characterization of equine rabies in Putumayo, suggesting ongoing sylvatic transmission and gaps in preventive vaccination. Strengthening integrated surveillance and One Health strategies is essential to reduce the rabies burden.

P-054

Identificación molecular de *Cyclospora* spp en muestras de ambientales y heces de niños en una zona rural del departamentos del Quindío

Muñoz-Sánchez G, Lora-Suárez F, Gómez-Marín J.
Universidad del Quindío.
Armenia
gdmu2016@gmail.com

Introducción. *Cyclospora* spp, es un protozoos-parásito en el humano. En algunos países, se han reportado varios brotes en algunas matrices ambientales, pero sigue inconcluso su ciclo de vida y su eco-epidemiología. **Objetivos.** 1. Identificar la frecuencia de *Cyclospora* sp en matrices ambientales. 2. Describir la frecuencia de *Cyclospora* spp en heces de niños. **Materiales y métodos.** Tipo de estudio: descriptivo de corte transversal. Fase de intervención: se seleccionaron seis puntos de muestreo con diferentes condiciones de temperatura. En tres periodos de precipitación durante el año 2025 y 2026. Fase de campo: Se colectaron en total 151 muestras. Durante tres salidas de campo con cinco intervenciones en cada una de las comunidades. Fase de laboratorio: Se optimizaron las condiciones PCR y un método de recuperación de *Cyclospora* en fresas. Posteriormente, fueron observadas por microscopia y amplificadas por PCR. Se inició con los procesos de recuperación, y se colocaron en dicromato de potasio al 2,5% por 10 días y se realizó una tinción de Ziehl-Neelsen modificado. Posteriormente se concentraron las muestras. Seguidamente se prosiguió hacer la extracción de ADN y amplificación por PCR. **Resultados.** Se estandarizó la técnica de PCR para el género *Cyclospora* spp, evaluando su límite de detección (3 ooquistes), además del proceso de recuperación en fresas a partir de 3 ooquistes inoculados. Se colectaron en total 151 muestras. Donde se evidenció por microscopia la presencia de *Cyclospora* en pepino y agua residuales, entre otras matrices. También se detectó el ADN de *Cyclospora* spp, en muestras de heces de animales, alimentos, agua y heces de niños por PCR y la posible influencia de algunos factores fisicoquímicos. Algunos autores plantean la posibilidad de que las condiciones de estacionalidad o los factores ambientales influyen en la permanencia de los ooquistes. **Conclusiones.** Se evidenció la presencia de *Cyclospora* spp, en algunas matrices ambientales y heces de niño. Financiado por PROTOZLAB.

P-055

Brote de fiebre amarilla en zona rural del municipio de Ataco, Tolima, Colombia, marzo 2025

Castillo-Vargas L, Moreno-Vargas V, Muñoz-Suárez A.
Instituto Nacional de Salud.
Bogotá
ladyalexandrastillovargas@gmail.com

Introducción. En marzo de 2025 se notificó el primer caso de fiebre amarilla en Ataco, Tolima, con desenlace fatal, en un territorio previamente considerado de bajo riesgo. Este evento se enmarca en la reemergencia y ex-

pansión de la enfermedad hacia zonas no endémicas en Colombia. **Objetivos.** Describir el comportamiento epidemiológico del brote para orientar acciones de vigilancia, control y prevención. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de brote, se realizó investigación epidemiológica de campo, búsqueda activa comunitaria e institucional, identificación de sintomáticos y confirmación mediante RT-PCR. La información se recolectó con herramienta digital (EpiCollect), se analizaron frecuencias, medidas de tendencia central, tasas de ataque, letalidad y curva epidémica. **Resultados.** Se identificaron siete casos probables y cuatro confirmados de fiebre amarilla en zona rural, correspondientes a hombres agricultores sin antecedente vacunal. La mediana de edad fue de 54 años (RIQ: 40,5–62,5). Los principales síntomas fueron fiebre 100% (4/4), adinamia 100% (4/4), dolor lumbar 50% (2/4) y hematemesis 50% (2/4). Todos los casos confirmados fallecieron, con una letalidad del 100%. La tasa de ataque fue 19,4 casos por 100.000 habitantes. La cobertura de vacunación en la zona rural fue del 49%. Entre los factores de riesgo se identificaron la proximidad a áreas boscosas 96%; (26/27), presencia de afluentes hídricos 70% (19/27), lavado inadecuado del lavadero 73%; (11/15), depósitos de agua 56% (15/27), presencia de larvas 53% (8/15) y reporte de monos como evento centinela 26% (7/27). Se implementaron acciones de control que incluyeron vacunación (87 dosis), vigilancia basada en la comunidad, evaluación eco-epidemiológica, fortalecimiento de la vigilancia de epizootias y articulación interinstitucional. **Conclusiones.** La baja cobertura de vacunación y las condiciones eco-epidemiológicas favorecieron la transmisión. Se requiere fortalecer la vigilancia, la comunicación del riesgo y la articulación interinstitucional para reducir la mortalidad y prevenir nuevos casos.

P-056

Climate variability and dengue incidence in Colombia: a systematic review of epidemiological evidence

Lucano-Tello S, Hernández-Del Vecchio S, Solano-Tascon D, Jaramillo-Sáenz S, Sánchez-Cardona M, López-Caicedo M, Rodríguez-Morales A.
Universidad Libre; Institución Universitaria Visión de las Américas; Asociación Científica de Estudiantes de Medicina de la Universidad Libre (ACEMLI).
Pereira
ajrodriguezmmd@gmail.com

Introduction. Climate change is increasingly influencing the transmission of vector-borne diseases worldwide. In Colombia, dengue remains one of the most important arboviral diseases, and its transmission is strongly affected by climatic and environmental conditions. However, evidence regarding the impact of climatic variables on dengue incidence remains fragmented. **Objectives.** To evaluate the association between climatic variables and dengue incidence in Colombia and assess their influence on disease dynamics and outbreak prediction. **Materials and methods.** A systematic review was conducted following PRISMA 2020 guidelines. PubMed, Scopus, SciELO, and LILACS were searched for studies published between January 2021 and May 2026. Original observational, ecological, time-series, and epidemiological studies evaluating climatic determinants of dengue in Colombia were included. Data were extracted using a standardized form and synthesized narratively. **Results.** Fourteen studies met the inclusion criteria. Temperature was the climatic variable most consistently associated with dengue incidence, being identified in 89% of studies. Positive associations were reported mainly in the Pacific and Andean regions, with relative risks up to 1.40 (95% CI: 1.17–1.67) and lag periods ranging from 0 to 7 months. Precipitation showed heterogeneous effects, with negative associations at the national level but positive associations under extreme rainfall conditions in some regions. ENSO and sea surface temperature anomalies in Niño regions 3, 3.4, and 4 were associated with increased dengue risk, raising the probability of excess cases by 4.6%–6.9% per standard deviation increase in sea surface temperature. Hydroclimatic models, including SA-RIMAX, random forest, and Double Machine Learning approaches, successfully predicted outbreaks up to 3–6 months in advance. Altitude, deforestation, and socioeconomic vulnerability modified climatic effects. **Conclusions.** Temperature, precipitation, ENSO, and sea surface temperature are important determinants of dengue transmission in Colombia. Integrating climatic and socioeconomic indicators into surveillance systems could strengthen early warning systems and improve climate-informed public health interventions.

P-057

Giardiasis among international travelers: a systematic review of global occurrence, clinical features, and diagnostic challenges

Rodríguez-Morales A, Escobedo A.
Institución Universitaria Visión de las Américas; Research Department,
Cuba; Institute of Gastroenterology, Cuba.
Pereira
ajrodriguezmmmd@gmail.com

Introducción. Giardiasis is a common cause of gastrointestinal illness in international travelers, yet its global burden, geographic risk patterns, and clinical implications remain incompletely characterized. **Objetivos.** To describe clinical and epidemiological features of giardiasis among international travelers. **Materiales y métodos.** We conducted a systematic review of studies reporting laboratory-confirmed giardiasis among international travelers. PubMed/MEDLINE, Embase, Scopus, Web of Science, and LILACS were searched from inception to December 2025. Eligible studies included surveillance reports, cohort studies, sentinel network analyses, and clinical series describing travel-associated *Giardia intestinalis* infection. Data were extracted on study design, population characteristics, travel destinations, diagnostic methods, incidence or proportion of travel-related cases, clinical manifestations, and treatment outcomes. Study quality was assessed using appropriate standardized tools. **Resultados.** Twenty-seven studies comprising more than 35,000 travel-associated cases were included. National surveillance data indicated that approximately one-third of reported giardiasis cases in low-endemicity countries were travel-related, with highest incidence following travel to Southern Asia, Latin America, and Sub-Saharan Africa. Denominator-based studies reported risks exceeding 600 cases per 100,000 travelers in high-exposure regions. Global sentinel surveillance identified giardiasis as the predominant intestinal protozoal infection among returning travelers. Clinical series showed that up to 22% of infections were asymptomatic, while prolonged diarrhea and abdominal symptoms were common. Diagnostic approaches were heterogeneous, with stool microscopy remaining widely used alongside antigen detection and molecular assays. Treatment failure and emerging nitroimidazole-refractory infections were reported, particularly among travelers returning from Southern Asia. **Conclusiones.** Giardiasis remains a significant and geographically heterogeneous cause of morbidity among international travelers. Improved surveillance, standardized diagnostics, and optimized management strategies are needed to reduce disease burden and prevent treatment failure.

P-058

Caracterización de la microbiota intestinal en larvas de *Aedes aegypti* y su relación con la susceptibilidad a insecticidas organofosforados y piretroides en el Caribe colombiano: una revisión sistemática

Lobo-Rincón T, Fragoso-Castilla P.
Universidad Popular del Cesar.
Valledupar
torcoromalobo@unicesar.edu.co

Introducción. La resistencia de *Aedes aegypti* a insecticidas químicos en el Caribe colombiano amenaza el control de arbovirosis, requiriendo descifrar el rol de la microbiota intestinal larval en la detoxificación metabólica de xenobióticos. **Objetivos.** Sintetizar la evidencia científica sobre la composición de la microbiota intestinal en larvas de *Aedes aegypti* y su correlación con la resistencia a organofosforados y piretroides. **Materiales y métodos.** Revisión sistemática según lineamientos PRISMA. Se consultaron PubMed, Scopus, SciELO y ScienceDirect entre enero de 2012 y mayo de 2026. Población: estudios experimentales in vitro e in vivo que evaluarán el microbioma larval mediante secuenciación 16S ARNr o metagenómica. Criterios de elegibilidad: artículos originales sobre el perfil bacteriano asociado a bioensayos de susceptibilidad a piretroides o/y organofosforados en América Latina, indexando datos aplicables al Caribe colombiano. Desenlace principal: abundancia relativa bacteriana y expresión de vías de degradación metabólica en cepas resistentes versus susceptibles. **Resultados.** Se identificaron 120 registros iniciales, seleccionando finalmente 30 estudios metodológicamente homogéneos. Los filos Proteobacteria y Firmicutes predominaron en el tracto larval. Se halló un incremento significativo en la abundancia relativa de los géneros *Pseudomonas* (OR combinado = 2,45; IC95%: 1,68–3,57) y *Acinetobacter* en larvas resistentes comparadas con la cepa de referencia susceptible Rockefeller. El análisis funcional evidenció una sobreexpresión de genes de hidrolasas de ésteres de fósforo y citocromos P450 bacterianos, con una correlación positiva moderada

($r = 0.62$, $p < 0,05$) entre la carga de bacterias degradadoras y el aumento de las concentraciones letales medias (CL50) de temefos y deltametrina. **Conclusiones.** La microbiota intestinal de las larvas modula activamente la resistencia a insecticidas mediante vías de detoxificación biológica simbiótica, perfilándose como un biomarcador clave para optimizar la vigilancia entomológica molecular en el Caribe colombiano.

P-059

Más allá de la fiebre: caracterización clínica, epidemiológica y terapéutica de pacientes con dengue en el hospital militar central (2023–2026)

Torres I, Faccini-Martínez Á, Huertas D, Vergara-Samur H, Medina-Lozano L.
Universidad Militar Nueva Granada; Hospital Militar Central.
Bogotá
lmedinal@unal.edu.co

Introducción. El dengue es una arbovirosis transmitida por *Aedes aegypti* que constituye un importante problema de salud pública. En Colombia, la incidencia reportada es de 292,7 casos por cada 100.000 habitantes según el Instituto Nacional de Salud semana 33 del 10 al 16 agosto de 2025. **Objetivos.** Caracterizar los factores epidemiológicos, clínicos, paraclínicos y terapéuticos de los pacientes con diagnóstico de dengue atendidos en el Hospital Militar Central entre febrero de 2023 y abril de 2026. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo descriptivo basado en la revisión de historias clínicas. Se recolectaron variables epidemiológicas, clínicas, paraclínicas y terapéuticas de pacientes mayores de 18 años valorados por los servicios de medicina interna e infectología. **Resultados.** Se identificaron inicialmente 273 registros de pacientes con dengue; sin embargo, se excluyeron 31 casos debido a que no fueron valorados por los servicios de medicina interna o infectología, obteniéndose una muestra final de 242 pacientes. De estos, el 66,9% eran hombres, con una edad media de 33 años, y el 36,5% procedían del departamento de Cundinamarca, de los cuales el 56,6% eran militares activos. El 45,9% ingresó durante la fase crítica de la enfermedad. La fiebre fue el síntoma más frecuente (94,6%), acompañada de manifestaciones generales como escalofríos, astenia y anorexia. En los estudios paraclínicos predominó la trombocitopenia moderada, mientras que el dolor abdominal constituyó el principal signo de alarma. De acuerdo con la clasificación terapéutica, el 56,6% de los pacientes fue categorizado en el grupo B2. **Conclusiones.** En esta cohorte, el dengue se presentó principalmente en adultos jóvenes expuestos durante actividades laborales, con ingreso frecuente en fase crítica y predominio de signos de alarma como dolor abdominal y trombocitopenia. La caracterización de estos pacientes permite identificar patrones clínicos de relevancia para fortalecer las estrategias de diagnóstico oportuno, vigilancia y manejo hospitalario durante periodos de alta transmisión.

P-060

Diabetes mellitus y riesgo de malaria grave en adultos: revisión sistemática y meta-análisis

Rodríguez-Morales A, Chica-Granados E, Bernal-Chica M, Soto-Ávila L, Hernández M.
Institución Universitaria Visión de las Américas; Facultad de Medicina,
Instituto de Medicina Tropical; Universidad Central de Venezuela; Clínica de la Mujer; Policlínica del Sur.
Pereira
ajrodriguezmmmd@gmail.com

Introducción. La diabetes mellitus (DM), principalmente tipo 2, es una de las enfermedades no transmisibles de mayor crecimiento mundial, incluyendo regiones endémicas de malaria. La coexistencia de ambas enfermedades representa un desafío emergente para la salud pública. Aunque estudios previos han sugerido que la DM podría aumentar el riesgo de malaria grave, la evidencia disponible ha sido limitada e inconsistente. **Objetivos.** Evaluar la asociación entre DM y malaria grave en adultos mediante una revisión sistemática y meta-análisis actualizados. **Materiales y métodos.** Se realizó una revisión sistemática siguiendo las directrices PRISMA 2020. Se buscaron estudios observacionales en MEDLINE, Web of Science, Scopus y ScienceDirect desde su inicio hasta enero de 2026. Se incluyeron adultos (≥ 18 años) con malaria confirmada por laboratorio y diagnóstico de DM. La calidad metodológica se evaluó mediante la escala Newcastle-Ottawa. Se extrajeron razones de momios ajustadas (ORA) e intervalos de confianza al 95%, y se realizó un metanálisis de efectos aleatorios. También se efectuaron análisis por subgrupos según contexto epidemiológico y méto-

do diagnóstico de la DM. **Resultados.** Se incluyeron cinco estudios publicados entre 2017 y 2025, con 27.430 pacientes de África, Asia, Europa y América del Norte. La mayoría correspondió a DM tipo 2 e infecciones por *Plasmodium falciparum*, aunque también se incluyeron infecciones por *P. vivax* y mixtas. En áreas endémicas, la DM se asoció significativamente con malaria grave (ORa combinada: 4,85; IC95%: 1,92–12,23; $I^2=41\%$). En contextos no endémicos, los resultados fueron heterogéneos (ORa: 1,41; IC95%: 0,76–2,64; $I^2=66\%$). El análisis global mostró una asociación positiva (ORa: 2,74; IC95%: 0,98–7,62). **Conclusiones.** La evidencia disponible sugiere que la DM, especialmente tipo 2, incrementa el riesgo de malaria grave, particularmente en áreas endémicas. Aunque la evidencia sigue siendo limitada, estos hallazgos resaltan la necesidad de estudios prospectivos multicéntricos y de estrategias integradas para el manejo conjunto de enfermedades transmisibles y no transmisibles.

P-061

Malaria in Venezuela during early 2026: epidemiological trends and geographic distribution

Rodríguez-Morales A, Bonilla-Aldana D, Bonilla-Aldana J, Cardona-Ospina J.

Institución Universitaria Visión de las Américas; College of Medicine; Korea University; Virology Group; Universidad El Bosque; School of Public Health, University of California, USA.

Pereira

ajrodriguezmm@gmail.com

Introduction. Despite substantial reductions in malaria across most countries of the Americas, Venezuela continues to report a significant burden of disease. Ongoing transmission in mining and remote areas, coupled with socioeconomic and healthcare challenges, sustains malaria as a major public health concern. Continuous epidemiological assessment is essential for monitoring trends and identifying priority areas for intervention. **Objectives.** To assess the epidemiological situation of malaria in Venezuela during the first 16 epidemiological weeks (EW1–EW16) of 2026. **Materials and methods.** An ecological analysis was conducted using official surveillance data reported by the General Directorate of Environmental Health of the Venezuelan Ministry of Health. Malaria cases, species distribution, geographic patterns, imported infections, mortality, relapses, recrudescences, and annual parasite incidence (API) were evaluated through EW16 of 2026. **Results.** During EW16, 14,508 samples were examined, identifying 1,367 new malaria cases (positivity index 9.4%). Of these, 98.5% were autochthonous and 1.5% imported, mainly from Colombia, Guyana, and Brazil. Between EW1 and EW16, Venezuela recorded 33,955 malaria cases, a 5.9% increase over the same period in 2025 (31,568 cases). *Plasmodium vivax* accounted for 70.8% of infections, *P. falciparum* for 23.3%, and mixed infections for 5.9%. Bolívar remained the most affected state, contributing 67.3% of all cases (22,509/33,424), followed by Amazonas (9,245 cases). The highest APIs were recorded in Sifontes (562.5), Atabapo (457.5), and Manapiare (351.5). Six malaria-related deaths were reported, together with 1,896 relapses and 214 recrudescences. Men accounted for 63.1% of cases, and individuals aged 10–39 years represented the most affected population group. **Conclusions.** Malaria transmission in Venezuela increased during early 2026 compared with the same period in 2025, with persistent concentration in Bolívar and Amazonas. The predominance of *P. vivax*, ongoing imported cases, and continued mortality underscore the need to strengthen surveillance, early diagnosis, treatment, and vector control, particularly in high-transmission and mining-associated areas.

P-062

Blastocystis sp.: prevalencia en una población general y revisión narrativa de su papel patogénico

Ramírez V, Fandiño E, Tejada G, Quiaro Z, Fernández M, Ospina S.
Proclínico Apoyo Diagnóstico, Universidad EIA; Colegio Mayor de Antioquia.

Medellín

asesortecnico@proclinico.com.co

Introducción. Introducción: *Blastocystis* sp. es el parásito que se identifica con mayor frecuencia en estudios de prevalencia de parasitosis intestinales, superando a otros, tanto patógenos como no patógenos. Existe controversia acerca del papel patogénico de *Blastocystis* sp., y la necesidad de tratamiento en situaciones especiales. **Objetivos.** Determinar la prevalencia y distribución de *Blastocystis* sp. en una población general y revisar la evidencia actual sobre el papel patogénico y la diversidad genética de este parásito. **Materiales y**

métodos. Materiales y métodos: estudio retrospectivo de corte transversal y revisión narrativa. La población estuvo conformada por muestras de materia fecal de pacientes de una red de atención de primer nivel, entre enero de 2022 y diciembre de 2025. Se realizaron análisis descriptivos de los resultados y una revisión narrativa con base en la literatura reciente. **Resultados.** Resultados: Se estudiaron 8029 muestras de materia fecal; la prevalencia de parásitos intestinales fue del 22,3% (1788). *Blastocystis* sp. fue el más prevalente, con un 16,2% (1303) de los casos; seguido por *Endolimax nana* con 5,8% (471); *Entamoeba coli*, 1,5% (119); *E. histolytica*/dispar, 0,8% (66); *Giardia duodenalis*, 0,5% (43); *Iodamoeba buschlii*, 0,5% (39) y *Trichomonas hominis*, 0,03% (3); no se identificaron helmintos. La mayor prevalencia de *Blastocystis* sp. se observó en el grupo de 45 a 59 años, con 18,4% (578/3393). Las parasitosis variaron significativamente por procedencia del paciente ($p < 0,05$). No se encontró asociación estadísticamente significativa entre la consistencia de la materia fecal y la presencia de parásitos. **Conclusiones.** Conclusión: *Blastocystis* sp. fue el parásito predominante en la población estudiada. La ausencia de helmintos y la baja prevalencia de protozoos patógenos, sugieren un cambio en el perfil epidemiológico de las parasitosis intestinales en esta población. Conviene analizar, de acuerdo con la evidencia disponible, el papel patógeno de *Blastocystis* sp., y proponer estudios prospectivos que lo evalúen.

P-063

Carga de enfermedad por fiebre amarilla en Colombia, 2025: un análisis basado en AVADs por edad y sexo

Rodríguez-Morales A, Salazar C, Chica-Granados E, Bernal-Chica M, Vargas H.

Institución Universitaria Visión de las Américas; Dirección de Salud Pública; Secretaría de Salud del Tolima.

Pereira

ajrodriguezmm@gmail.com

Introducción. La fiebre amarilla continúa siendo un importante problema de salud pública en Colombia, con brotes recientes caracterizados por alta letalidad. Sin embargo, su impacto suele evaluarse únicamente mediante casos y muertes. **Objetivos.** Estimar los años de vida ajustados por discapacidad (AVAD) por fiebre amarilla en Colombia durante 2025, estratificados por edad y sexo. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio ecológico utilizando datos nacionales de casos y muertes por fiebre amarilla en 2025. Los AVAD se calcularon siguiendo la metodología de la Carga Global de Enfermedad, como la suma de los años de vida perdidos (AVP) por mortalidad prematura y los años vividos con discapacidad (AVD). Los AVP se estimaron mediante la esperanza de vida estándar remanente, mientras que los AVD se calcularon utilizando un peso de discapacidad de 0,133 y una duración promedio de enfermedad de 10 días. Las tasas por 100.000 habitantes se estimaron con base en las proyecciones poblacionales del DANE para 2025. **Resultados.** Durante 2025 se registraron 147 casos y 64 muertes por fiebre amarilla en Colombia. Se estimaron 2.268,5 AVAD, de los cuales más del 99% correspondieron a AVP. La tasa nacional fue de 4,31 AVAD por 100.000 habitantes. La carga fue considerablemente mayor en hombres (8,41 por 100.000) que en mujeres (0,33 por 100.000). Las mayores tasas se observaron en adultos jóvenes y de mediana edad, especialmente entre 20–29, 35–39 y 60–64 años. Los AVD representaron una proporción mínima de la carga total. **Conclusiones.** La fiebre amarilla generó una elevada carga de enfermedad en Colombia durante 2025, dominada por la mortalidad prematura y concentrada en hombres en edad productiva. Estos hallazgos respaldan el fortalecimiento de las estrategias de vacunación, vigilancia epidemiológica y control vectorial, así como el uso de los AVAD para orientar prioridades de salud pública.

P-171

Tendencia temporal y características epidemiológicas de la malaria en el departamento del Chocó, Colombia, 2019–2022

Hernández-Zapa J, Orozco-Vergara J, López-Quintero C, Hernández-Sarmiento J.

Universidad Pontificia Bolivariana; Universidad EIA.

Medellín

josem.hernandez@upb.edu.co

Introducción. La malaria continúa siendo un importante problema de salud pública en el departamento del Chocó, especialmente en poblaciones indígenas y afrocolombianas con limitaciones en el acceso a servicios de salud. La pandemia por COVID-19 pudo influir en la vigilancia y notificación de esta enfermedad. **Objetivos.** Caracterizar los casos de malaria notificados en el departamento del Chocó entre 2019 y 2022. **Materiales y métodos.** Estudio

descriptivo de tendencia temporal basado en 94.340 casos de malaria notificados al SIVIGILA entre 2019 y 2022. Se analizaron variables sociodemográficas y clínicas, incluyendo grupo étnico, edad, especie de *Plasmodium*, hospitalización, complicaciones y distribución geográfica. **Resultados.** Se analizaron 94.340 registros de malaria. La población afrocolombiana concentró el 57% de los casos y la indígena el 36%. El mayor número de casos se registró en 2019 (25.858), seguido de 2021 (25.562), 2020 (23.166) y 2022 (21.417). Entre 2019 y 2020 se observó una disminución del 10,4%, seguida de un incremento del 10,3% en 2021 y una reducción del 16,2% en 2022, para una disminución acumulada del 17,2% durante el periodo estudiado. *P. falciparum* fue la especie predominante (56%), seguido de *P. vivax* (42%) e infecciones mixtas (2%). Las complicaciones ocurrieron en el 0,9% de los casos, de las cuales el 54% correspondieron a *P. vivax*. La hospitalización fue requerida en el 3,5% de los casos, asociada a *P. vivax* en el 57%. Los municipios de la cuenca del río Baudó y las zonas rurales de Quibdó concentraron la mayor carga de enfermedad. **Conclusiones.** Aunque los casos de malaria disminuyeron 17,2% entre 2019 y 2022, la enfermedad mantuvo una elevada carga. A pesar del predominio de *P. falciparum*, *P. vivax* se asoció con la mayoría de complicaciones y hospitalizaciones, lo que resalta la necesidad de fortalecer las estrategias de vigilancia y control en las poblaciones y territorios más afectados.

P-172

Perfil clínico y evolución del síndrome febril agudo por dengue en adultos mayores en el suroccidente colombiano

Castro-Restrepo D, Gómez-Ayala M, Maya-Portillo D, Toro-Gómez D, Tróchez-Lince L, Grijalva-Zuluaga D, Rosso F.
Fundación Valle del Lili; Universidad Icesi.
Cali

Introducción. El dengue en adultos mayores se asocia con una mayor morbimortalidad debido a la alta prevalencia de comorbilidades subyacentes y el fenómeno de inmunosenescencia. **Objetivos.** Describir las características clínicas, el perfil bioquímico y el curso de la enfermedad en adultos mayores (≥ 60 años) atendidos por dengue en un hospital de alta complejidad en Cali, Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo en pacientes de 60 años o más con diagnóstico de dengue confirmado mediante serología o antígeno NS1, atendidos en la Fundación Valle del Lili entre 2024 y 2025. Las infecciones se clasificaron como primarias o secundarias, y la severidad clínica se estratificó según los criterios de la OMS. **Resultados.** Se incluyeron 44 pacientes con una mediana de edad de 66,5 años (RIC: 63-74), 47,7% fueron mujeres. Se observó una alta carga de comorbilidades, predominando hipertensión arterial (47,7%), neoplasias malignas (22,7%) y diabetes mellitus (20,5%). El 81,8% de los episodios correspondieron a infecciones secundarias. El 59,1% desarrolló signos de alarma, principalmente dolor abdominal continuo y acumulación de líquidos, y el 13,6% progresó hasta dengue grave, manifestado mayoritariamente como choque. El perfil bioquímico evidenció compromiso hepático en la mayoría de los pacientes, con AST mediana de 75,3 U/L (RIC: 42,2-126,9; $n=41$) y ALT mediana de 53,1 U/L (RIC: 32,5-95,6; $n=41$). La función renal se mantuvo relativamente preservada (creatinina mediana: 1,0 mg/dL; RIC: 0,8-1,3; $n=42$). El 20,5% requirió manejo en UCI y se documentó un desenlace fatal, representando una mortalidad del 2,3%. **Conclusiones.** La infección por dengue en la población geriátrica de zonas hiperendémicas presenta un curso clínico severo asociado a comorbilidades y una alta tasa de infecciones secundarias. La rápida progresión al choque, daño orgánico y la presencia de casos fatales en este grupo de pacientes resaltan su elevada vulnerabilidad, exigiendo una monitorización hemodinámica estrecha y oportuna.

P-173

Model-based cost-effectiveness and budget impact analysis of targeted introduction of the dengue vaccine TAK-003 in high-incidence municipalities in Colombia

Rodríguez-Morales A, Realpe-Marín H, Chica-Granados E, Zuluaga-Palomo D, Hernández-Serrano L, Bambague-Trujillo L, Rivera-Echeverry C, Grisales-Nieto D, Erazo-Paredes I.
Institución Universitaria Visión de las Américas; Program of Family Medicine Specialization.
Pereira
ajrodriguezmm@gmail.com

Introduction. Dengue remains a major public health challenge in Colombia, causing recurrent epidemics, substantial healthcare utilization, and a significant economic burden. In 2025, Colombia initiated the targeted intro-

duction of the tetravalent dengue vaccine TAK-003 (QDengue®) in selected high-incidence municipalities. **Objectives.** To develop a model-based economic evaluation to estimate the budget impact and cost-effectiveness of this strategy. **Materials and methods.** A decision-analytic model compared targeted TAK-003 vaccination versus no vaccination among children aged 9 years in 18 high-incidence municipalities. Analyses were conducted from the perspective of the Colombian health system over 5-year (2026-2030) and 10-year (2026-2035) horizons. Epidemiological inputs were derived from national surveillance data and adjusted using incidence multipliers and under-reporting scenarios. Outcomes included symptomatic cases, hospitalizations, severe cases, deaths, disability-adjusted life years (DALYs), budget impact, and incremental cost-effectiveness ratios (ICERs). Deterministic and probabilistic sensitivity analyses were performed. **Results.** Under the policy-relevant scenario incorporating epidemic-year introduction, a high-incidence multiplier ($\times 3$), and under-reporting adjustment ($\times 2$), vaccination was projected to avert 4,878 symptomatic cases, 2,187 hospitalizations, 102 severe cases, and 4.1 deaths over 5 years. Over 10 years, projected benefits increased to 8,278 symptomatic cases, 3,711 hospitalizations, 173 severe cases, and 7.0 deaths averted. At a vaccine price of US\$20 per dose, the ICER was US\$31,688 per DALY averted over 5 years and US\$36,995 per DALY averted over 10 years. Five-year net budget impact ranged from US\$3.9 million to US\$60.1 million depending on the vaccine price. Cost-effectiveness was highly sensitive to vaccine acquisition cost and transmission intensity. **Conclusions.** Targeted TAK-003 vaccination in high-incidence Colombian municipalities could substantially reduce the dengue burden. Economic value is strongly dependent on negotiated vaccine pricing, with favorable cost-effectiveness achieved primarily at lower public-sector prices and under higher transmission scenarios. These findings support targeted implementation strategies in dengue-endemic areas of Colombia.

P-174

Factores sociodemográficos, clínicos y de laboratorio relacionados con leptospirosis grave en pacientes atendidos en las instituciones de salud de Apartadó, Antioquia, durante el periodo de 2009 al 2025

Bonilla-Cardona N, Arboleda-Naranjo M, Ríos-Tapias P.
Universidad CES; Instituto Colombiano de Medicina Tropical.
San Andrés
nazly.bonilla13@gmail.com

Introducción. La leptospirosis es una zoonosis de importancia en salud pública. En Urabá, las condiciones ambientales favorecen su transmisión y progresión hacia formas graves con alta morbimortalidad. **Objetivos.** Determinar los factores sociodemográficos, clínicos y de laboratorio relacionados con leptospirosis grave en pacientes atendidos en Instituciones Prestadoras de Salud (IPS) de Apartadó, Antioquia, entre 2009 y 2025. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional, retrospectivo con intención analítica, basado en fuentes secundarias de información. Se incluyeron pacientes con diagnóstico confirmado de leptospirosis por MAT en Apartadó, durante 2009-2025. Desde registros del SIVIGILA, datos de laboratorio, RUAF e historias clínicas se analizaron variables sociodemográficas, clínicas y de laboratorio asociadas con leptospirosis grave, mediante análisis bivariado y multivariado, evaluando el desempeño predictivo del modelo con curva ROC. **Resultados.** Se revisaron 280 historias de pacientes con diagnóstico confirmado de leptospirosis y con registro clínico con 80% de integridad. El 68% pacientes eran del sexo masculino, con predominio urbano y frecuencia de contacto con roedores del 71,1%. Se encontró una proporción de casos graves del 20,7%, siendo *L. copenhageni* (10%) y *L. hardjo* (7%) los serovares más frecuentemente. El 11% de los casos graves refiere exposición a inundaciones. La trombocitopenia, la alteración de la función renal y el compromiso hepático, mostraron asociación con leptospirosis grave; en el modelo de regresión, la hiperbilirrubinemia fue la variable con mayor significancia estadística en las formas graves, constituyéndose como el principal factor predictor de gravedad (OR ajustado; $p < 0,05$). El modelo predictivo presentó una excelente capacidad discriminativa, con un AUC=0,954, indicando alta precisión para diferenciar entre casos graves y no graves. **Conclusiones.** La hiperbilirrubinemia, principal factor asociado con leptospirosis grave en la población estudiada. Los hallazgos aportan evidencia útil para la identificación temprana de pacientes en riesgo y contribuyen al fortalecimiento del manejo clínico y la vigilancia epidemiológica en regiones endémicas.

P-175

Resultados preliminares y concordancia del panel BioFire® FilmArray® de fiebre tropical en muestras de pacientes con dengue y malaria diagnosticadas previamente por métodos de rutina en el hospital militar central

Faccini-Martínez Á, Vergara-Samur H.
Hospital Militar Central.
Bogotá
afaccini@gmail.com

Introducción. El panel BIOFIRE® FILMARRAY® de Fiebre Tropical es una herramienta de diagnóstico molecular para la detección del virus dengue, virus chikungunya, *Plasmodium* spp. y *Leptospira* spp. a partir de muestras de sangre total en pacientes con síndrome febril. La introducción y el uso de este panel en instituciones de salud colombianas es reciente. El Hospital Militar Central en Bogotá es una institución de referencia en la atención de pacientes con síndrome febril de origen tropical, lo cual hace pertinente el uso de este panel en dicha institución. **Objetivos.** Describir, de forma preliminar, los resultados y concordancia del panel BIOFIRE® FILMARRAY® de Fiebre Tropical en muestras de pacientes adultos con dengue y malaria diagnosticados previamente por métodos de rutina, durante el mes de mayo de 2026, en el Hospital Militar Central. **Materiales y métodos.** Se realizó el panel BIOFIRE® FILMARRAY® de Fiebre Tropical en muestras de pacientes con dengue y malaria diagnosticados previamente por métodos de rutina (antígeno NS1 positivo y gota gruesa positiva, respectivamente), verificando su concordancia. **Resultados.** Durante el mes de mayo de 2026, por métodos de rutina, se diagnosticó un caso de dengue y dos casos de malaria (un caso de *Plasmodium vivax* y un caso de infección mixta *P. vivax/P. falciparum*). El panel BIOFIRE® FILMARRAY® de Fiebre Tropical, para el caso de dengue, indicó "Detected Dengue virus (DENV 3)"; para el caso de malaria vivax, indicó "Detected *Plasmodium* spp., Detected *Plasmodium vivax*/ovale"; y para el caso de malaria mixta, indicó "Detected *Plasmodium* spp., Detected *Plasmodium falciparum*, Detected *Plasmodium vivax*/ovale". **Conclusiones.** El panel BIOFIRE® FILMARRAY® de Fiebre Tropical presentó resultados positivos y concordancia en muestras de pacientes con dengue y malaria diagnosticados previamente por métodos de rutina. Adicionalmente, para el caso de dengue, el panel aportó la detección del serotipo viral. A futuro, es necesario incluir más muestras para obtener datos más robustos.

P-176

Identificación de endoparásitos presentes en muestras coprológicas de murciélagos en áreas urbanas de Armenia, Quindío

Leguizamón-Mesa S, Zanabria-Gil P, Hernández-Arango N.
Universidad del Quindío.
Armenia
sdleguizamonn@uqvirtual.edu.co

Introducción. Los murciélagos han sido reconocidos como hospederos definitivos o intermediarios de una amplia variedad de patógenos, tanto endoparásitos como ectoparásitos. Actualmente, para el Quindío, no hay información disponible sobre endoparásitos identificados en este taxón. **Objetivos.** Determinar la frecuencia y diversidad de endoparásitos presentes en muestras coprológicas de murciélagos asociados a diferentes gremios tróficos en áreas residenciales de Armenia, Quindío. **Materiales y métodos.** Este estudio se llevó a cabo en cuatro bosques urbanos del norte de Armenia. Los individuos fueron capturados mediante redes de niebla. Se colectaron las muestras coprológicas en tubos de 15 mL y se preservaron en formol salino al 10%. Las muestras fueron procesadas mediante la técnica de concentración por sedimentación (Ritchie), se realizó microscopía óptica empleando Lugol parasitológico al 1% y posteriormente se realizó tinción de Ziehl-Neelsen modificada en el Laboratorio de Parasitología de la Universidad del Quindío. **Resultados.** Se obtuvieron 36 muestras coprológicas, pertenecientes a dos familias de murciélagos (Phyllostomidae y Vespertilionidae), de los cuales, 16 individuos se encontraban parasitados (44,4%), correspondientes a los gremios frugívoro (8/16), nectarívoro (6/16), insectívoro (1/16) y omnívoro (1/16). Se identificaron quistes de amebas como *Entamoeba coli*, *Iodamoeba bütschlii*, quistes de *Blastocystis* sp., larvas de *Strongyloides* sp. y un huevo de uncinaria (por confirmar). El gremio frugívoro fue quien representó la mayor prevalencia de parásitos. **Conclusiones.** Este estudio evidencia la presencia de protozoos y helmintos de importancia en salud pública, asociados a diferentes gremios tróficos, siendo el gremio frugívoro quien presentó el mayor grado de parasitismo. La información obtenida permite ampliar el conocimiento sobre la

relación hospedero-parásito en murciélagos y brinda nuevos registros para el departamento del Quindío; favoreciendo nuevas investigaciones a futuro que contribuyan a la vigilancia ambiental y sanitaria para la región.

P-177

Determinantes sociodemográficos en mujeres gestantes con enfermedad de Chagas: análisis comparativo en Colombia, 2020–2024

Díaz-García D, Rodríguez-Álvarez V, Gutiérrez-Moreno J, Gómez-Serrano S, Pineda-Sánchez K, Tiga-Loza D.
Universidad de Santander.
Floridablanca
diegodiazgarcia34@gmail.com

Introducción. La enfermedad de Chagas plantea desafíos críticos en la transmisión materno-infantil. Identificar disparidades en los determinantes sociales de la salud es fundamental para orientar estrategias de eliminación de la transmisión vertical en Colombia. **Objetivos.** Comparar los determinantes sociodemográficos entre mujeres en edad fértil gestantes y no gestantes con diagnóstico de enfermedad de Chagas notificados en Colombia durante el periodo 2020–2024. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, transversal analítico, basado en datos secundarios del Sistema Nacional de Vigilancia en Salud Pública, Sivigila, entre 2020 y 2024. Se incluyeron mujeres en edad fértil, de 15 a 45 años, con reporte confirmado de enfermedad de Chagas. Las variables sociodemográficas se compararon según condición de gestación mediante pruebas de chi cuadrado de Pearson y Wilcoxon-Mann-Whitney. Se estimaron razones de prevalencia, RP, con intervalos de confianza del 95%, IC95%. **Resultados.** Se analizaron 981 mujeres con enfermedad de Chagas, de las cuales 286, 29,15%, eran gestantes. La mediana de edad en gestantes fue de 31 años, con rango intercuartílico de 11. Los departamentos con mayor reporte fueron Cesar, Casanare y Boyacá. Entre las gestantes, 138, 48,59%, cursaban el segundo trimestre. Se observó mayor proporción de gestantes en el grupo de 18 a 28 años, 40,35% frente a 25,14% en no gestantes, $p < 0,001$. El área urbana concentró mayor proporción de gestantes, 44,91% frente a 28,16%, $p < 0,001$. En contraste, la proporción de gestantes indígenas fue menor que en no gestantes, 19,65% frente a 51,58%, $p < 0,001$. También se identificaron diferencias significativas según nacionalidad, $p < 0,001$. No se evidenciaron diferencias significativas respecto al estrato socioeconómico ni al régimen de seguridad social, $p > 0,05$. **Conclusiones.** Existen asimetrías sociodemográficas en la notificación de Chagas en gestantes, con mayor prevalencia urbana y en población joven no indígena, lo que sugiere posibles brechas de acceso al tamizaje prenatal en áreas rurales y comunidades indígenas dispersas.

Micobacterias

P-064

Factores asociados al tratamiento no exitoso de la tuberculosis en adultos de la provincia de Santiago, república dominicana: cohorte del programa nacional de control de la tuberculosis, 2022–2025

Veras-De Los Santos M, Manosalva-Arciniegas L.
Dirección Provincial de Salud Santiago; Fundación Cardiovascular de Colombia.
Bucaramanga
lauraisabelmanosalva@gmail.com

Introducción. La tuberculosis sigue siendo un importante problema de salud pública en la República Dominicana. La provincia de Santiago constituye un área prioritaria para las actividades de vigilancia y control debido a su alta carga de enfermedad. **Objetivos.** Determinar los factores asociados al tratamiento no exitoso de la tuberculosis pulmonar en pacientes adultos atendidos por la Dirección Provincial de Salud de Santiago (DPS I–III), República Dominicana, entre 2022 y 2025. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva basado en registros del Programa Nacional de Control de la Tuberculosis. Se incluyeron adultos con tuberculosis pulmonar y desenlace final del tratamiento registrado. Se excluyeron casos de tuberculosis extrapulmonar y registros sin criterios diagnósticos documentados. Se realizó análisis descriptivo y bivariado, seguido de un modelo multivariado tipo regresión de Poisson. **Resultados.** De 1.208 registros evaluados, 637 pacientes cumplieron los criterios de inclusión. La mediana de edad fue de 46 años (RIC: 33–59) y el 67,0% fueron hombres. El tratamiento fue exitoso en 471 pacientes (73,9%) y no exitoso

en 166 (26,1%). En el análisis ajustado, el consumo de drogas ilícitas (RRa: 2,10; IC95%: 1,58–2,80), el estado civil soltero (RRa: 1,47; IC95%: 1,07–2,04), la ausencia de aseguramiento en salud (RRa: 1,44; IC95%: 1,09–1,91) y el antecedente de tratamiento previo para tuberculosis (RRa: 1,35; IC95%: 1,01–1,78) se asociaron con mayor riesgo de tratamiento no exitoso. Por el contrario, el tratamiento directamente observado (TDO) domiciliario (RRa: 0,59; IC95%: 0,43–0,79) y por videollamada (RRa: 0,56; IC95%: 0,33–0,90) mostraron un efecto protector. **Conclusiones.** Los principales factores asociados fueron el consumo de drogas ilícitas, la falta de aseguramiento en salud y el antecedente de tratamiento previo, mientras que las modalidades domiciliaria y virtual del TDO se asociaron con mejores resultado.

P-065

Determinantes de la pérdida en el seguimiento y perfil de discapacidad funcional en tuberculosis pulmonar, Palmira, Colombia, 2021–2025

Lozada-Ramos H, Daza-Arana J, Reyes-Jordan D, Vásquez-Rivera S, Lenis-Bejarano M, Sánchez-Perafan C.

Universidad Santiago de Cali; Hospital Raúl Orejuela Bueno.

Cali

heiler@outlook.com

Introducción. La tuberculosis pulmonar es un reto de salud pública donde la pérdida del seguimiento limita su control. Ante la escasa evidencia local sobre sus determinantes y secuelas. **Objetivos.** Este estudio buscó identificar los factores asociados al abandono del tratamiento y explorar la discapacidad funcional resultante en pacientes de un hospital público en Palmira, Colombia, durante el periodo 2021–2025. **Materiales y métodos.** Se desarrolló un estudio observacional retrospectivo con enfoque analítico de casos y controles. La muestra incluyó adultos diagnosticados entre enero de 2021 y septiembre de 2025. Se compararon sujetos con pérdida de seguimiento frente a quienes completaron el proceso. Adicionalmente, se evaluó la discapacidad funcional en una submuestra mediante el instrumento WHODAS 2,0 aplicado a través de entrevistas telefónicas. **Resultados.** De 192 pacientes analizados, el 18,5% presentó pérdida en el seguimiento. Este fenómeno se vinculó significativamente con la situación de calle (ORa: 8,5; IC95%: 1,7–21,9; p=0,008), consumo de sustancias psicoactivas (ORa: 14,3; IC95%: 2,9–23,4; p=0,001), redes de apoyo familiar limitadas (ORa: 10,6; IC95%: 2,8–9,1; p=0,000) y afectación laboral (ORa: 2,6; IC95%: 1,3–5,1; p=0,007); la religión actuó como factor protector. En la submuestra (n=113), la prevalencia de discapacidad fue del 23,0%, con diferencias notables en dominios cognitivos y sociales entre los grupos estudiados. **Conclusiones.** La adherencia al tratamiento antituberculoso está condicionada por determinantes psicosociales críticos. La presencia de discapacidad funcional persistente tras la enfermedad resalta la urgencia de implementar modelos de atención integral. Es fundamental combinar el soporte social con la evaluación funcional sistemática para mitigar las barreras de seguimiento y mejorar la calidad de vida de los afectados por esta patología en el contexto regional.

P-066

Factores asociados a mortalidad por tuberculosis según tipo clínico en Colombia: análisis de cohorte nacional con datos del SIVIGILA, 2024

Gómez-Serrano S.

Maestría en Investigación en Enfermedades Infecciosas, Universidad de Santander – UDES. Bucaramanga

sags2391@gmail.com

Introducción. La tuberculosis sigue siendo un problema prioritario de salud pública por su elevada carga de enfermedad y mortalidad. La Organización Mundial de la Salud la identifica como una de las principales causas de muerte por un agente infeccioso a nivel mundial, y advierte que la forma farmacorresistente representa un desafío crítico por su mayor complejidad terapéutica y peor pronóstico. **Objetivos.** Identificar los factores asociados a mortalidad por tuberculosis según tipo clínico en una cohorte nacional de casos notificados en Colombia, 2024. **Materiales y métodos.** Estudio observacional analítico de cohorte con información secundaria de casos notificados al SIVIGILA en Colombia durante 2024. Se incluyeron casos de tuberculosis pulmonar, extrapulmonar y farmacorresistente. La variable dependiente fue mortalidad y se evaluaron variables sociodemográficas y clínicas. Se realizó análisis descriptivo, bivariado y un modelo de regresión de Poisson con varianza robusta para estimar razones de prevalencia ajustadas e intervalos de confianza del 95%. **Resultados.** La mortalidad fue mayor en tuberculosis farmacorresistente, con 10,5%, seguida de tuberculosis pulmonar con 8,3% y extrapulmonar con 7,1%.

En el modelo ajustado, la tuberculosis farmacorresistente mostró mayor probabilidad de mortalidad frente a la pulmonar, con RP 1,53 (IC 95%: 1,22–1,92; p < 0,001), mientras que la extrapulmonar mostró menor probabilidad, con RP 0,74 (IC 95%: 0,63–0,87; p < 0,001). La mortalidad aumentó con la edad, especialmente en mayores de 60 años, con RP 4,16 (IC 95%: 3,56–4,86; p < 0,001), y también se asoció con hospitalización, con RP 8,50 (IC 95%: 7,12–10,14; p < 0,001). **Conclusiones.** La tuberculosis farmacorresistente se asoció con mayor mortalidad en comparación con la tuberculosis pulmonar y extrapulmonar. La edad avanzada y la hospitalización fueron factores fuertemente relacionados con el desenlace fatal, lo que resalta la importancia de fortalecer la detección oportuna y el manejo integral de los casos de mayor riesgo.

P-067

La tuberculosis que no se ve: caracterización clínica, radiológica y diagnóstica de una cohorte de pacientes con tuberculosis subclínica en Bogotá, Colombia

Medina-Lozano L, Motta-Valencia J, Álvarez-Moreno C, Nocua-Báez L, Támara-Ramírez J.

Universidad Nacional de Colombia; Clínicas Colsanitas; Hospital Universitario San Ignacio.

Bogotá

lemedinal@una.edu.co

Introducción. La tuberculosis subclínica es una forma de enfermedad activa sin síntomas evidentes que contribuye a la transmisión y al retraso diagnóstico. Su detección es compleja debido a la baja sospecha clínica y a las limitaciones de los métodos de tamización basados en síntomas, dificultando las estrategias de control y eliminación de la tuberculosis. **Objetivos.** Describir las características demográficas, clínicas y radiológicas de los pacientes con diagnóstico de tuberculosis subclínica, así como los factores de riesgo y métodos diagnósticos utilizados. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo descriptivo de pacientes atendidos en el programa de alto costo de las Clínicas Colsanitas de Bogotá entre 2023 y 2025. **Resultados.** Se identificaron 23 pacientes con tuberculosis subclínica, de los cuales el 52,2% fueron mujeres y el 43,5% tenía entre 55 y 65 años, con tabaquismo en el 39,1% de los casos. La manifestación clínica más frecuente fue la tos subaguda intermitente, presente en el 43,4% de los casos (60% húmeda), mientras que la disnea y el dolor torácico motivaron el estudio en el 17,4% de los casos. Los síntomas constitucionales clásicos aislados fueron poco frecuentes. Los hallazgos radiológicos predominantes fueron los nódulos pulmonares (43,5%) y las alteraciones intersticiales (39,1%). La prueba molecular constituyó el principal método diagnóstico (78,3%), principalmente en muestras de esputo (52,2%). No se identificó un factor de riesgo predominante y el 23,8% de los pacientes no presentaba comorbilidades asociadas. **Conclusiones.** La tuberculosis subclínica se presentó principalmente con síntomas mínimos e inespecíficos y hallazgos radiológicos no característicos, evidenciando la heterogeneidad clínica y epidemiológica de esta entidad. La baja frecuencia de factores de riesgo tradicionales y la utilidad de las pruebas moleculares resaltan la necesidad de mantener un alto índice de sospecha clínica para favorecer el diagnóstico temprano y reducir el retraso diagnóstico de esta forma de tuberculosis.

P-068

Tuberculosis en pacientes con cáncer: una serie retrospectiva de 13 años de un centro oncológico en Colombia

Álvarez-Rodríguez J, Cuervo-Maldonado S, Almenares-Campo C, Jaramillo-Calle R, Gómez-Rincón J.

Instituto Nacional de Cancerología; Universidad Nacional de Colombia.

Bogotá

jcalvarez@cancer.gov.co

Introducción. La tuberculosis es una de las causas más comunes de morbilidad y mortalidad en pacientes oncológicos; sin embargo, el diagnóstico de TB se debe considerar como diferencial en pacientes con sospecha de neoplasia. **Objetivos.** Describir las características clínicas, tratamiento y los resultados de la tuberculosis en una cohorte de pacientes atendidos en un hospital oncológico. **Materiales y métodos.** Mediante un estudio observacional retrospectivo en un instituto oncológico de referencia en Colombia. Se incluyeron todos los pacientes adultos y pediátricos con infecciones por el complejo *Mycobacterium tuberculosis* confirmadas entre 2011 y 2024. Se extrajeron datos clínicos, microbiológicos, histopatológicos y los resultados de las historias clínicas. **Re-**

sultados. Se identificaron 266 episodios de tuberculosis. La mediana de los pacientes fue de 61 años (RIQ 47-71), el 40,23% (107/266) eran mujeres. La neoplasia sólida fue la condición subyacente en el 54,5% (145/266) de los pacientes, seguida de la neoplasia hematológica en el 31,9% (85/266) de los casos y el diferencial de cáncer en 13,5% (36/266). La localización más frecuente fue la TB pulmonar 69,92% y las formas extrapulmonares en un 30,08% siendo las más frecuentes el compromiso pleural 26,25%, seguido del ganglionar 23,75% y miliar 16,25%. Se documentaron 9 casos de farmacoresistencia, de los cuales fueron TB-RR en 6 casos y TB-HR en 3 casos. La proporción de mortalidad fue del 31,2% (83/266). **Conclusiones.** La tuberculosis representa una enfermedad importante en los pacientes con diagnóstico oncológico. Las formas pulmonares son las más frecuentes, sin embargo, hay un elevado porcentaje de formas extrapulmonares. La infección se caracteriza por una alta mortalidad a pesar del tratamiento antituberculoso. Los médicos deben tener en cuenta el diagnóstico diferencial de tuberculosis en este grupo de pacientes.

P-069

Desarrollo de “EvitaTB”: una herramienta mHealth para el fortalecimiento de la adherencia al tratamiento de tuberculosis sensible en Colombia

Tiga-Loza D, Ribón-Gómez W, Zambrano-Pinilla Y, Parra C, Morales-Correa K, Adarme-Dávila J.
Universidad Industrial de Santander.
Bucaramanga
dicatiga@uis.edu.co

Introducción. La tuberculosis (TB) mantiene una alta letalidad global. El control epidemiológico enfrenta barreras críticas por resultados terapéuticos subóptimos y abandono debido a esquemas prolongados, efectos adversos y factores socioeconómicos. Las herramientas móviles (mHealth) son una estrategia innovadora para optimizar la supervisión, mejorar la curación y mitigar la multiresistencia. **Objetivos.** Desarrollar un prototipo de aplicación móvil diseñado para optimizar el monitoreo, la educación sanitaria y la adherencia terapéutica en pacientes con tuberculosis sensible. **Materiales y métodos.** Estudio iterativo de desarrollo tecnológico y salud digital estructurado en dos fases: 1) Definición de requerimientos, identificando requisitos clínicos, educativos y funcionales bajo los lineamientos del Programa Nacional de Prevención y Control de la Tuberculosis PNPCT y una revisión analítica de apps existentes; 2) Desarrollo del prototipo, mediante implementación ágil Scrum y el framework Flutter para despliegue multiplataforma, estructurando una arquitectura cliente-servidor con bases de datos seguras y encriptación alineada a la Ley 1581 de 2012. **Resultados.** El proceso de co-creación e ingeniería de software permitió obtener la versión preliminar de la aplicación EvitaTB. El aplicativo integra de forma funcional cuatro componentes esenciales para el paciente: Dashboard de tratamiento para la visualización de el avance en la toma de medicamentos; un sistema de Autochequeo de Síntomas para la identificación temprana de reacciones adversas y toxicidad y un Módulo Educativo con recomendaciones nutricionales, cuidados en casa y generalidades para el empoderamiento del usuario. **Conclusiones.** El desarrollo de EvitaTB demuestra que la articulación entre la práctica clínica y la ingeniería de software permite materializar soluciones mHealth pertinentes. Esta versión preliminar se consolida como una herramienta integral, en español y de acceso abierto, proyectada para robustecer el TDO virtual y optimizar el seguimiento clínico.

P-070

Concordancia entre hallazgos osteopatológicos y detección molecular de *Mycobacterium tuberculosis* en restos óseos humanos

Hernández-Sarmiento J, Álvarez-Zuluaga N, Realpe-Quintero T, Monsalve-Vargas T.
Universidad Pontificia Bolivariana; Universidad de Antioquia.
Medellín
josem.hernandez@upb.edu.co

Introducción. La detección molecular de *Mycobacterium tuberculosis* en restos óseos humanos contribuye a comprender la persistencia biológica de la tuberculosis y su impacto en poblaciones históricas, complementando la información obtenida mediante análisis osteológicos. **Objetivos.** Detectar ADN del complejo *Mycobacterium tuberculosis* en restos óseos de individuos fallecidos con antecedente documentado de tuberculosis pulmonar y evaluar su concordancia con hallazgos osteopatológicos sugestivos de la enfermedad. **Materiales y métodos.** Se analizaron siete individuos; seis esquelizados y uno momificado naturalmente. Se seleccionaron veinte muestras óseas con

lesiones macroscópicas sugestivas de tuberculosis para su análisis molecular. A estas muestras se les realizó PCR casera para detección de la secuencia de inserción IS6110 y GeneXpert MTB/RIF Ultra® que detecta tanto secuencias de inserción IS6110 e IS1081 como la región central del gen *rpoB*. **Resultados.** Todos los individuos presentaron alteraciones osteológicas compatibles con tuberculosis, incluyendo lesiones osteolíticas, adelgazamiento cortical, neoformación ósea reactiva y compromiso de costillas y vértebras. El ADN del complejo *M. tuberculosis* fue detectado en 8 de las 20 muestras analizadas (40%), correspondientes a 4 de los 7 individuos (57,1%). Los resultados negativos podrían atribuirse a degradación del ADN, baja carga bacilar o inhibidores de la PCR. El perfil sociodemográfico mostró predominio masculino (85,7%), antecedentes de reingreso al programa de tuberculosis (71,4%), empleo informal (71,4%) y coinfección por VIH (28,6%). **Conclusiones.** La detección molecular de ADN del complejo *M. tuberculosis* en restos óseos con lesiones compatibles fortalece la utilidad de integrar técnicas osteopatológicas y moleculares para el estudio retrospectivo de la tuberculosis en poblaciones humanas del pasado reciente. Este estudio demuestra que las lesiones óseas, si bien no son patognomónicas, adquieren valor diagnóstico al integrarse con evidencia molecular y registros clínicos.

P-071

Análisis sociodemográfico, epidemiológico y clínico de la tuberculosis extrapulmonar en pacientes de alta complejidad en Manizales, 2019-2025

Sánchez-Rodríguez D, Henao-Ospina J, Gallego-Díaz J.
Universidad de Manizales.
Pereira
jdhenao2@gmail.com

Introducción. La tuberculosis extrapulmonar (TBEP) representa un reto diagnóstico por su presentación heterogénea y la limitada información local hace que sea un problema de salud pública. **Objetivos.** Analizar las características sociodemográficas, epidemiológicas, clínicas y desenlaces de pacientes con TBEP atendidos en instituciones de alta complejidad de Manizales. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo retrospectivo de pacientes con diagnóstico confirmado de TBEP atendidos entre 2019 y 2025. Se revisaron historias clínicas mediante instrumento estructurado, incluyendo variables sociodemográficas, localización anatómica, métodos diagnósticos, comorbilidades, coinfección TB-VIH, requerimientos de atención crítica y mortalidad. Se realizó análisis descriptivo y exploración de asociaciones con muerte mediante pruebas de comparación para variables categóricas. **Resultados.** Se incluyeron 104 pacientes; 60 (57,7%) fueron hombres. La mediana de edad fue 41 años (RIC: 31,5-54); 84 (80,8%) procedían de zona urbana y 42 (40,5%) de Manizales. Predominaron afiliación subsidiada (49,0%) y estratos 1-3 (89,5%). La localización más frecuente fue pleural, seguida de ganglionar y formas abdominales/intestinales/peritoneales. La coinfección TB-VIH se documentó en 28 pacientes (26,9%). Se realizó baciloscopia en 90 (84,6%), cultivo en 85 (81,7%), prueba molecular en 81 (77,9%) e histopatología en 66 (63,5%); la positividad fue mayor en histopatología (84,8%) y prueba molecular (72,8%). Fueron hospitalizados 85 pacientes (81,7%), 19 (18,3%) ingresaron a UCI, 12 (11,5%) requirieron soporte hemodinámico, 11 (10,6%) soporte ventilatorio y 13 (12,5%) fallecieron. La muerte se asoció exploratoriamente con ingreso a UCI, soporte hemodinámico y soporte ventilatorio; la localización meníngea mostró tendencia a mayor mortalidad. **Conclusiones.** La TBEP en esta cohorte afectó principalmente a la población urbana, masculina y socioeconómicamente vulnerable, con alta carga de hospitalización, coinfección TB-VIH y mortalidad relevante, lo cual resalta la necesidad de estrategias diagnósticas tempranas y vigilancia clínica intensiva.

P-072

Secuenciación genes *hsp65*, ARNr 16S y *rpoB* mediante la tecnología Oxford Nanopore para la identificación de micobacterias no tuberculosas en el laboratorio de Micobacterias del instituto nacional de salud

Rocha-Chamorro A, Santander-Jiménez P, Llerena-Polo C.
Instituto Nacional de Salud.
Bogotá
cllerena@ins.gov.co

Introducción. El diagnóstico e identificación de Micobacterias no Tuberculosas (MNT) es un desafío tanto clínico como de laboratorio, debido a la falta de conocimiento de estas como patógenos y las limitaciones de los métodos disponibles, el diagnóstico de casos de Micobacteriosis ha aumen-

tado en los últimos años con la implementación de técnicas de cultivo con mayor sensibilidad. **Objetivos.** Identificar MNT a nivel de especie mediante la secuenciación simultánea de los genes *hsp65*, ARNr 16S y *rpoB* utilizando la tecnología Oxford Nanopore. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo durante el primer trimestre del 2026 de los aislamientos clínicos recibidos en el Laboratorio Nacional de Referencia provenientes de la red de laboratorios. Se realizó amplificación de los marcadores *hsp65*, ARNr 16S y *rpoB*, la secuenciación en plataforma GridION (celdas R10.4.1) y el análisis bioinformático por concordancia intergénica, enfocado a la identificación de especie para cada aislamiento de acuerdo con su asignación taxonómica. **Resultados.** Se incluyeron 101 aislamientos provenientes de muestras pulmonares (76,2%) y extrapulmonares (23,8%). En 96 (95,0%; IC95%:88,7% – 98,4%) se obtuvo un resultado de identificación definitivo o a nivel de complejo, las especies/complejos identificadas fueron: complejo *Mycobacterium abscessus* (n=32; 31,7%), complejo *M. fortuitum* (n=24; 23,8%), complejo *M. avium* intracellulare (n=14; 13,8%) *M. gordonae*/paragordonae (n=9; 8,9%) y *M. senegalense* (n=6; 5,9%), entre otras. Cinco aislamientos (5,0%) se clasificaron como *Mycobacterium* spp. por discordancia génica a nivel de especie. Como control de calidad se incluyeron cepas ATCC en las que se obtuvo un 100% de concordancia con porcentajes de identidad promedio de: 98,6% para ARNr 16S, 100% para *hsp65* y 99,8% para *rpoB*. **Conclusiones.** La secuenciación de amplicones mediante nanoporos ofrece una alta resolución taxonómica para la discriminación de MNT permitiendo al LNR realizar una adecuada vigilancia rutinaria que favorece las decisiones clínicas.

P-178

Frecuencia y factores relacionados a la mortalidad por tuberculosis pulmonar sensible en población privada de la libertad en Brasil, 2017- 2022

Pacheco-López R, González D, Sánchez-Gutiérrez L, Chavarro-Cabrera Z.
Universidad Icesi; Liga Antituberculosa Colombiana.
Cali
robinson.pacheco.73@gmail.com

Introducción. La tuberculosis en población privada de la libertad en Brasil representa un problema de salud pública de alta carga y mortalidad, en un contexto de vulnerabilidad estructural y evidencia limitada sobre los factores asociados a desenlaces fatales. **Objetivos.** Determinar la frecuencia y los factores asociados a la mortalidad por tuberculosis en población privada de la libertad en Brasil, 2017-2022. **Materiales y métodos.** Estudio de casos y controles anidado en una cohorte, con datos secundarios de registros nacionales. Se incluyeron 1.168 personas privadas de la libertad con tuberculosis pulmonar sensible: 232 casos de muerte por tuberculosis y 936 controles vivos. Se realizó análisis bivariado y regresión logística multivariada. **Resultados.** En el análisis multivariado, la edad (RMA 1,08; IC95%: 0,00-0,02), la tuberculosis mixta vs. pulmonar (RMA 16,20; IC95%: 3,11–84,41), la ausencia de baciloscopia al sexto mes (RMA 2,80; IC95%: 1,40–5,59) y la condición de ingreso (recidiva versus nuevo: RMA 0,19; IC95%:0,04-0,87 y reingreso postabandono versus nuevo: RMA 0,19; IC95%: 0,04-0,87) se asociaron a mortalidad. **Conclusiones.** La mortalidad por tuberculosis pulmonar sensible en población privada de la libertad en Brasil, está significativamente influenciada por la edad, el tipo de tuberculosis y fallas en el seguimiento programático, lo que evidencia la necesidad de fortalecer la detección temprana, continuidad del tratamiento y la implementación de estrategias de atención en esta población vulnerable.

P-179

Contribución de la vigilancia genómica en la confirmación de resistencia a rifampicina en aislamientos del complejo *Mycobacterium tuberculosis* recibidos en el laboratorio nacional de referencia de Micobacterias

Rocha-Chamorro A, Malagon-Orsorio P, Llerena-Polo C.
Instituto Nacional de Salud.
Bogotá
cllerena@ins.gov.co

Introducción. La tuberculosis sigue siendo un problema de salud pública a nivel mundial, la Organización Mundial de la Salud recomienda hacer diagnóstico mediante pruebas rápidas moleculares que simultáneamente permitan conocer el perfil de resistencia a rifampicina. **Objetivos.** Evaluar la concordancia entre las pruebas iniciales para detección de resistencia a rifampicina y la secuenciación de nueva generación dirigida (NGSt) en casos de tuberculosis recibidos en el Laboratorio Nacional de Referencia (LNR). **Materiales y mé-**

todos. Estudio descriptivo retrospectivo realizado entre enero de 2025 y abril de 2026, en los aislamientos con resistencia a rifampicina, la variable principal de estudio fue la concordancia entre lo reportado por la red de laboratorios por técnicas rápidas moleculares y NGSt en el LNR. **Resultados.** Se incluyeron 208 aislamientos de los cuales 190 tenían un reporte previo de resistencia a rifampicina, la NGSt confirmó la resistencia en 172 (90,5%; IC95%: 85,4%-94,3%), detectó un caso (0,5%) con mutación fuera del alcance de la prueba inicial e identificó 16 (8,4%; IC95%: 4,9%-13,3%) con falsa resistencia a rifampicina. **Conclusiones.** El 8,4% de casos identificados como falsa resistencia demuestran que la confirmación diagnóstica siempre debe llevar a la correcta aplicación por parte del médico del riesgo de resistencia de acuerdo con las recomendaciones de la OMS, y en lo posible a un trabajo articulado entre el laboratorio y el clínico que permita una mejor correlación de los resultados.

P-180

Relación neutrófilo-linfocito como predictor de mortalidad intrahospitalaria a 50 días en pacientes con tuberculosis pulmonar de la E.S.E hospital universitario del Caribe

Rivero-Herrera E, Schneider-Arrieta M, Angulo-Mercado J, Lugo-Racero M, Arenas-Suárez N, Coronado-Ríos S.
Facultad de Medicina, Universidad de Cartagena.
Cartagena
riveroherrera2007@gmail.com

Introducción. La tuberculosis (TBC) es una infección crónica causada por *mycobacterium complex*. El índice neutrófilo/linfocito (NLR) evalúa el equilibrio inmuno-inflamatorio del paciente. En TBC, un NLR elevado se relaciona con mayor gravedad y riesgo de mortalidad intrahospitalaria. **Objetivos.** Evaluar la capacidad predictiva del NLR y su impacto en supervivencia a 50 días, junto con variables demográficas y clínicas, en el pronóstico de mortalidad intrahospitalaria en pacientes con tuberculosis en la E.S.E. Hospital Universitario del Caribe (HUC). **Materiales y métodos.** Estudio observacional, analítico y retrospectivo realizado en pacientes hospitalizados con tuberculosis pulmonar en el HUC entre 2023-2024. Las variables se compararon mediante las pruebas t de Student o U de Mann-Whitney y Chi-cuadrado o test de Fisher, según correspondiera. La capacidad predictiva evaluada mediante curvas ROC (AUC). La supervivencia a 50 días se analizó con la prueba de Mantel-Cox y los factores de riesgo independientes se identificaron mediante un modelo de regresión de riesgos proporcionales de Cox. **Resultados.** El NLR al ingreso fue significativamente superior en el grupo de fallecidos (mediana 7,8 vs. 5,2; p=0,028). El análisis de Cox confirmó únicamente la edad (aHR: 1,05; p<0,001) y el sexo masculino (aHR: 9,80; p=0,041) se comportaron como predictores independientes de mortalidad. En el análisis ROC, el NLR demostró una capacidad predictiva (AUC: 0,631) superior a la de la proteína C reactiva (PCR) (AUC: 0,523) y el recuento total de leucocitos (RTL) (AUC: 0,460). La evaluación de supervivencia a 50 días evidenció una tendencia clínica relevante hacia una menor probabilidad de supervivencia en pacientes con NLR $\geq$ 5 (p=0,069). **Conclusiones.** Aunque el NLR superó predictivamente al RTL y la PCR, no fue un predictor independiente de mortalidad intrahospitalaria tras el ajuste demográfico. Sin embargo, los hallazgos resaltan su valor clínico como herramienta accesible, útil para complementar la evaluación inicial, orientar decisiones terapéuticas y fortalecer la evidencia sobre tuberculosis.

Micología y otros tópicos

P-073

Host genetic and immunological determinants of susceptibility to fungal infections: insights from Colombian patients with inborn errors of immunity and immune phenocopies

Rojas J, Arango C, Carmona-Ramírez M, Cano-Arias C, Ramírez-Sánchez I, Firacative C, Consuegra M, Flórez A, Moncada M, Markle J, Lizarazo J, Vázquez-Echeverri E, López J, González A, Arango-Bustamante K, Migaud M, Castañeda E, Castaño-Jaramillo L, Franco J, Bustamante J, Puel A, Arias A.
Universidad de Antioquia; Hospital Pablo Tobón Uribe; Universidad del Rosario; Vanderbilt University Medical Center; USA; Hospital Universitario Erasmo Meoz; University of Pamplona; Corporación Investigaciones Biológicas (CIB); Laboratory of Human Genetics of Infectious Diseases, Inborn Errors of Immunity Group, Francia; Instituto Nacional de Salud; Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia (HOMI); La-

*boratory of Human Genetics of Infectious Diseases, Basic and Applied
Microbiology Research Group, Francia.
Medellín
aagusto.arias@udea.edu.co*

Introduction. Fungal infections are more common in individuals with acquired or inherited immunodeficiencies and remain an important cause of morbidity and mortality worldwide. However, severe, recurrent, invasive, or unusual fungal infections may also occur in individuals without recognized risk factors. These observations suggest that susceptibility to fungal disease in otherwise healthy individuals may be explained by previously unrecognized inborn errors of immunity or immune phenocopies. **Objectives.** To describe the clinical, immunological, genetic, and functional mechanisms associated with susceptibility to severe, recurrent or invasive fungal infections in otherwise healthy Latin American patients. **Materials and methods.** We conducted a multicenter observational study integrating clinical, microbiological, immunological, genetic, and functional data from patients evaluated through referral centers in Colombia and international institutions. Patients presenting with severe, recurrent or invasive fungal infections, and no history of immunosuppression or HIV were included. All participants provided informed consent approved by the Ethics Committee of the University of Antioquia. Clinical histories, and treatment records were reviewed. Pedigrees were constructed, blood samples were collected, and immunological and functional assays were performed according to the clinical phenotype. Candidate genetic variants were investigated using whole-exome sequencing and in silico analyses of genomic DNA obtained from patients. **Results.** A total of 44 patients with fungal infections associated with underlying immune defects were identified, including 30 HIV-negative patients with cryptococcosis with presence of neutralizing autoantibodies against GM-CSF, nine patients with chronic granulomatous disease and fungal infections, two patients with CARD9 deficiency, one patient with STAT1 gain-of-function, and two patients with novel STAT3 variants. Clinical manifestations included cryptococcosis, invasive aspergillosis, recurrent infections caused by filamentous fungi, rhinophacial conidiobolomycosis, and recurrent mucosal and deep fungal infections. **Conclusions.** Susceptibility to fungal infections in otherwise healthy individuals may be explained by previously unrecognized inborn errors of immunity or novel immune phenocopies affecting antifungal host defense.

P-074

Perfil de expresión de genes asociados a la formación de biopelículas en aislamientos clínicos de *Candida* spp. de pacientes con candidiasis vulvovaginal recurrente

Gómez-Tamayo J, Consuegra-Asprilla J, Torres B, Rodríguez-Echeverri C, González Á.
Universidad de Antioquia.
Medellín
carolina.r.echeverri@gmail.com

Introducción. La virulencia de *Candida* spp. se ha asociado con el desarrollo de candidiasis vulvovaginal recurrente (CVVR). Entre estos factores de virulencia, las biopelículas representan un mecanismo de persistencia fúngica en los tejidos, lo que podría explicar la recurrencia de esta afección. **Objetivos.** Evaluar el perfil de expresión de genes relacionados con la formación de biopelículas en aislamientos de *Candida* spp. provenientes de pacientes con CVVR. **Materiales y métodos.** Se evaluaron un total de 40 aislamientos provenientes de pacientes con diagnóstico de CVVR. Estos aislamientos se dividieron en dos grupos: 26 aislamientos de pacientes con $\leq$ siete episodios de CVV y 11 aislamientos de pacientes con $\geq$ ocho episodios de CVV durante un período de un año. La expresión de los genes ALS1, ALS3, BCR1, HWP1, EFG1, TEC1, ROB1, UME6, NRG1, ACE2, PGA10 y ACT1 se evaluó tanto en células planctónicas como en su forma de biopelículas mediante qPCR. **Resultados.** Se observó un aumento significativo en la expresión de genes asociados a la fase de adhesión (ALS1 y PGA10) y a la fase de dispersión (UME6) en células planctónicas. En células de biopelícula, se observó una mayor expresión de los genes ROB1 y BCR1 y una menor expresión del gen ACE2. Curiosamente, los cambios en la expresión fueron más significativos en aislamientos de pacientes con más de ocho episodios de CVV al año. **Conclusiones.** Estos resultados sugieren que la expresión de genes relacionados con la formación de biopelículas es uno de los mecanismos de virulencia más importantes de *Candida* spp. y parece estar asociada al número de recurrencias de CVV.

P-075

Monitoreo terapéutico de antifúngicos triazólicos en Colombia: experiencia del centro nacional de referencia, 2019–2025

Zapata-Serna J, Berrio-Medina I, Arango-Rincón J, Zuluaga-Rodríguez A, Naranjo-Preciado T.

Grupo de Micología Médica y Experimental, Grupo de Investigación Clínica, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB); Grupo de Micología Médica y Experimental, Hospital General Medellín; Grupo de Micología Médica y Experimental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia; Grupo de Micología Médica y Exp, Escuela de Ciencias de la Salud, Universidad Pontificia Bolivariana.

Medellín

indiraberriom@hotmail.com

Introducción. Las infecciones fúngicas invasivas (IFI) se asocian con elevada morbimortalidad, especialmente en pacientes inmunosuprimidos, en quienes una exposición antifúngica inadecuada puede comprometer la respuesta terapéutica o aumentar la toxicidad. Voriconazol, posaconazol e itraconazol presentan alta variabilidad farmacocinética, estrecho margen terapéutico e interacciones medicamentosas. Aunque la utilidad del monitoreo terapéutico de medicamentos (TDM) está establecida, existe información limitada sobre concentraciones séricas de triazoles antifúngicos en población colombiana. **Objetivos.** Caracterizar las concentraciones séricas de voriconazol, posaconazol e itraconazol en pacientes colombianos y el logro de rangos terapéuticos antes y después de ajustes guiados por TDM. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo descriptivo de 719 determinaciones séricas recibidas entre 2019 y 2025 en la Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), único centro nacional que realiza monitoreo sérico de antifúngicos triazólicos. Las concentraciones fueron determinadas por cromatografía líquida de alta eficiencia con detector de arreglo de diodos (HPLC-DAD), usando metodologías validadas. Los resultados se interpretaron según rangos terapéuticos establecidos. El desenlace fue la proporción de determinaciones dentro del rango terapéutico. **Resultados.** Se analizaron 479 determinaciones de voriconazol, 164 de posaconazol y 76 de itraconazol. Algunos pacientes tuvieron más de una medición, permitiendo caracterizar la exposición inicial y posterior al ajuste guiado por TDM. En la primera determinación disponible, las concentraciones estuvieron dentro del rango terapéutico en 58,7%, 57,9% y 43,4%, respectivamente. Después del ajuste, se documentaron concentraciones terapéuticas en 68,9%, 43,8% y 60,0%, respectivamente. **Conclusiones.** Una proporción importante de determinaciones séricas de triazoles antifúngicos en Colombia estuvo fuera del rango terapéutico, predominantemente por concentraciones subterapéuticas, evidenciando variabilidad relevante de exposición con esquemas estándar. Aunque la ausencia de información clínica impide asociar estos hallazgos con eficacia, toxicidad o desenlaces, esta evaluación nacional respalda la necesidad de implementar sistemáticamente el TDM para optimización farmacocinética individualizada.

P-076

Transición ecológica hacia *Candida parapsilosis* y aumento de resistencia a fluconazol en candidemias de la red GERMEN, 2016–2025

Gálvis-Ayala J, Luna-López M, Berrio I, Montañó-Céspedes A, Vélez J, Realpe T, Robledo-Restrepo C, Robledo-Restrepo J.

Grupo Germen - LabMédico; Hospital General de Medellín.

Medellín

investigaciones@labmedico.com

Introducción. Las candidemias son infecciones invasivas de alto impacto clínico, cuya epidemiología puede modificarse por presión antifúngica, dispositivos invasivos y transmisión hospitalaria. **Objetivos.** Evaluar cambios en la distribución de especies de *Candida* spp. en fungemias de la Red GERMEN entre 2016 y 2025 y su relación con resistencia a fluconazol o desplazamiento de MIC. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo de vigilancia microbiológica, basado en aislamientos sanguíneos de *Candida* spp. reportados por instituciones hospitalarias y laboratorios de Medellín y municipios vecinos. Se analizaron frecuencia anual de especies, resistencia a fluconazol, MIC50, MIC90 y media geométrica. Las tendencias se estimaron con regresión logística binomial, OR anual e IC95%. Las proporciones de resistencia se resumieron con IC95% de Wilson. Se calculó un índice ecológico de resistencia a fluconazol así: la frecuencia relativa de cada especie multiplicada por su% de resistencia. **Resultados.** Se analizaron 2.216 aislamientos. En el acumulado, *Candida albicans* fue la especie más frecuente (37,2%), seguida de *Candida parapsilosis* (25,1%), *Candida tropicalis* (17,2%) y *Candida glabrata* (16,9%). Sin embargo, el patrón anual mostró transición ecológica: *C. parapsilosis* aumentó

de 17,6% en 2016 a 34,7% en 2025 y superó a *C. albicans*, que disminuyó de 36,8% a 27,3%. La proporción de *C. parapsilosis* aumentó significativamente (OR anual=1,09; IC95%: 1,05–1,14; $p < 0,001$) y la razón *C. parapsilosis*/*C. albicans* pasó de 0,48 a 1,27. La resistencia a fluconazol aumentó en *C. parapsilosis* (23,8% a 34,4%; OR=1,16; IC95%: 1,06–1,26; $p=0,001$) y *C. tropicalis* (0,0% a 32,3%; OR=1,30; IC95%: 1,13–1,49; $p < 0,001$). En *C. tropicalis*, la MIC90 de fluconazol aumentó de 1 a 32 µg/mL. El índice ecológico de resistencia aumentó de 6,1% a 17,5% ($p=0,012$). **Conclusiones.** La Red GERMEN evidenció transición de fungemias por *C. albicans* hacia *C. parapsilosis*, acompañada de mayor carga de resistencia a fluconazol, hallazgo relevante para vigilancia de resistencia, PROA y control de infecciones.

P-077

Especie no-albicans y origen hematológico: las dos caras de la resistencia a fluconazol en 813 aislamientos de *Candida* de una red hospitalaria colombiana, 2019–2024

Cañadas-Aragón C, Oñate-Gutiérrez J.
Clínica Sebastián de Belalcázar.
Santiago de Cali
investigacioncsb@colsanitas.com

Introducción. La resistencia a fluconazol en *Candida* condiciona el tratamiento empírico de la candidemia. Conocer qué características del aislamiento se asocian a mayor resistencia permite orientar la terapia mientras se dispone del antifungograma. **Objetivos.** Determinar la asociación entre la especie y el origen de la muestra con la resistencia a fluconazol en aislamientos clínicos de *Candida* en una red hospitalaria colombiana, y describir el perfil de resistencia. **Materiales y métodos.** Estudio analítico, retrospectivo y multicéntrico en siete sedes clínicas de Colombia (enero 2019–noviembre 2024). Se incluyó un único aislamiento por paciente (el primero) para evitar duplicados. Se determinó la concentración mínima inhibitoria de fluconazol, voriconazol y anfotericina B según los puntos de corte del Clinical and Laboratory Standards Institute. La asociación de la especie y del origen (hemocultivo frente a otras muestras) con la resistencia se evaluó mediante regresión logística multivariable, con odds ratios ajustados (aOR) e intervalos de confianza del 95% (IC95%) por remuestreo bootstrap. **Resultados.** Se incluyeron 813 pacientes únicos: *Candida albicans* 57,4%, *C. tropicalis* 17,2%, *C. parapsilosis* 12,7% y *C. glabrata* 7,1%. La resistencia global a fluconazol fue del 6,8%. Dos características se asociaron de forma independiente con la resistencia: *C. parapsilosis* (aOR 5,25; IC95% 2,65–10,23; $p < 0,001$) y *C. tropicalis* (aOR 2,59; IC95% 1,24–5,00; $p=0,007$) frente a *C. albicans*, y el origen en hemocultivo (aOR 1,88; IC95% 1,00–3,41; $p=0,039$). La resistencia en *C. parapsilosis* de hemocultivo alcanzó el 28,6% (IC95% 15,3–47,1). Entre los aislamientos resistentes a fluconazol, el 80% conservó la sensibilidad a voriconazol y el 97% a anfotericina B. **Conclusiones.** La especie no-albicans y el origen hematológico se asocian de forma independiente con la resistencia a fluconazol; *C. parapsilosis* de hemocultivo concentra el mayor riesgo, lo que cuestiona el fluconazol empírico en candidemia y respalda al voriconazol como alternativa.

P-078

Mortalidad intrahospitalaria en candidiasis invasiva en Colombia: factores asociados en una cohorte multicéntrica de 441 pacientes

Oñate-Gutiérrez J, Cañadas-Aragón C, Vergara-Samur H.
Clínica Colsanitas; Clínica Sebastián de Belalcázar: Unidad de Investigación, Grupo One Health en enfermedades infecciosas, Keralty, Fundación Universitaria Sanitas.
Santiago de Cali
investigacioncsb@colsanitas.com

Introducción. La candidiasis invasiva (CI) continúa asociándose con elevada mortalidad hospitalaria, especialmente en pacientes críticos, inmunocomprometidos y expuestos a dispositivos invasivos. En Colombia, la evidencia multicéntrica reciente sobre mortalidad y factores pronósticos en CI es limitada, lo que dificulta la actualización de estrategias diagnósticas, terapéuticas y de stewardship antifúngico. **Objetivos.** Determinar los factores independientes asociados con mortalidad intrahospitalaria en adultos hospitalizados con CI en la red Keralty, Colombia, entre 2019 y 2023. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva multicéntrica en cinco clínicas durante cinco años. Se incluyeron adultos ≥ 18 años con CI confirmada por cultivo o biología molecular que recibieron tratamiento antifúngico. Se excluyeron pacientes en cuidados paliativos, infecciones fúngicas polimicrobianas e historias clínicas con información incompleta mayor al 20%. Se analizaron variables sociodemográficas, comorbilidades, dispositivos invasivos, tratamiento antifúngico y desenlaces.

Se realizó análisis bivariado y regresión logística multivariable; se reportaron odds ratios ajustados (aOR) con intervalos de confianza del 95%. **Resultados.** Se incluyeron 441 pacientes, con edad media de 61,9 años. La mortalidad intrahospitalaria fue 29,8% y la mortalidad a 30 días 27,7%. *Candida albicans* (60,5%) fue la especie predominante, seguida de *C. tropicalis* (15,6%), *C. parapsilosis* (10%) y *C. auris* (2%). El 70,4% ingresó a UCI y el 81,3% tenía catéter venoso central. En el modelo multivariable, el ingreso a UCI (aOR 4,68; IC95% 2,46–10,14), el uso de corticosteroides (aOR 2,48; IC95% 1,60–4,07) y la candidemia documentada (aOR 1,97; IC95% 1,22–3,26) se asociaron independientemente con mortalidad intrahospitalaria. La mortalidad en pacientes con UCI fue 40,0% vs. 5,5% sin UCI; y con corticosteroides 47,1% vs. 16,2% sin ellos. **Conclusiones.** En esta cohorte multicéntrica colombiana, la CI presentó una mortalidad intrahospitalaria cercana al 30%. El ingreso a UCI, los corticosteroides y la candidemia identificaron pacientes de mayor riesgo. Estos hallazgos respaldan protocolos de diagnóstico temprano, retiro oportuno de dispositivos, optimización antifúngica y vigilancia activa de *C. auris*.

P-079

Infección concurrente histoplasma/tuberculosis en personas infectadas por el VIH: análisis de una cohorte multicéntrica de 293 pacientes con histoplasmosis en Colombia

Barrera-Escobar S, Villegas-Marín M, Serna L, Escalante S, Jaramillo-Heredia A, Calvache-Castro H, Villa-Franco P, Valderrama-Beltrán S, Gualtero-Trujillo S, Negrete-Spath C, Arboleda-Guerra S, Hoyos-Pulgarín J, Trompa-Romero I.
Pontificia Universidad Javeriana; Fundación Antioqueña de Infectología; Hospital Pablo Tobón Uribe; Universidad Pontificia Bolivariana; Universidad Tecnológica de Pereira; Hospital Universitario San Ignacio; Hospital Alma Mater de Antioquia.
Bogotá
sbe_439@hotmail.com

Introducción. La infección concurrente por *Histoplasma* spp. y *Mycobacterium tuberculosis* en personas que viven con VIH representa un reto clínico y diagnóstico en regiones endémicas, debido al solapamiento de manifestaciones constitucionales, alteraciones hematológicas y hallazgos radiológicos. **Objetivos.** El objetivo de este estudio fue describir la frecuencia, características clínicas, imagenológicas, de laboratorio y desenlaces de la tuberculosis concomitante en pacientes hospitalizados con VIH e histoplasmosis en Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional, retrospectivo y multicéntrico basado en revisión de historias clínicas electrónicas en cinco hospitales de alta complejidad de Colombia, entre el 1 de enero de 2014 y el 31 de diciembre de 2024. Se incluyeron adultos con infección por VIH confirmada y diagnóstico de histoplasmosis. La histoplasmosis se definió según criterios EORTC/MSGERC revisados, mediante cultivo, histopatología/citología compatible o detección de antígeno urinario de *Histoplasma*. La tuberculosis concomitante se definió como tuberculosis pulmonar y/o extrapulmonar diagnosticada durante la misma hospitalización, con confirmación microbiológica y/o molecular. Se compararon pacientes con y sin tuberculosis concomitante y se construyó un modelo de regresión logística multivariable. **Resultados.** Se incluyeron 293 pacientes con VIH e histoplasmosis; 76 presentaron tuberculosis concomitante, para una frecuencia de 25,9%. La mediana de edad fue 35 años, 79,2% fueron hombres y la mediana de CD4 fue 25 células/µL. La mortalidad intrahospitalaria global fue 22,9%. La frecuencia de tuberculosis varió por ciudad: 24,2% en Medellín, 30% en Pereira y 16,7% en Bogotá. En el análisis univariado, linfadenopatías, cefalea, adenopatías radiológicas, leucopenia, ferritina >500 ng/mL y CD4 >200 células/µL se asociaron con tuberculosis concomitante. Tras el ajuste multivariable, ferritina >500 ng/mL y CD4 >200 células/µL conservaron asociación estadísticamente significativa. **Conclusiones.** La tuberculosis concomitante fue frecuente en pacientes colombianos hospitalizados con VIH e histoplasmosis. La ausencia de predictores clínicos, imagenológicos o de laboratorio suficientemente discriminativos respalda una búsqueda diagnóstica sistemática de ambas infecciones en pacientes con VIH avanza.

P-080

Pkc1 as a potential therapeutic target against infections caused by *Neocosmospora* spp.

Medina-Rodríguez S, Sáenz V, Le-Pape P, Celis-Ramírez A.
Universidad de los Andes; Universidad Nacional de Colombia; Nantes Université.
Bogotá
sn.medina@uniandes.edu.co

Introduction. *Neocosmospora* is a trans-kingdom fungus associated with invasive infections of high mortality and intrinsic resistance to multiple antifungal agents, particularly azoles, which limits the available therapeutic options. In this context, the cell wall integrity pathway, regulated by Pkc1, represents a potential target for exploring new antifungal strategies against this pathogen.

Objectives. The aim of this study was to evaluate the effect of the Pkc1 inhibitor NPC15437 on clinical isolates of *Neocosmospora* spp., integrating a *Galleria mellonella* infection model and the molecular analysis of cell wall-related genes.

Materials and methods. Four clinical isolates were evaluated: *N. tonkinensis* and *N. solani*, associated with fungemia, and *N. keratoplastica* and *N. falciformis*, associated with keratitis. Sixth-instar *G. mellonella* larvae were infected with fungal suspensions and treated with NPC15437, amphotericin B, or voriconazole. Larval survival was analyzed using the log-rank (Mantel-Cox) test. In addition, the expression of cell wall-related genes in *N. keratoplastica* and *N. solani* following exposure to NPC15437 and amphotericin B was evaluated by RT-qPCR.

Results. NPC15437 significantly increased the survival of larvae infected with *N. keratoplastica*, *N. falciformis*, and *N. tonkinensis* at 4 mg/kg ($p < 0.05$), whereas *N. solani* showed no significant differences compared with the control. At the molecular level, NPC15437 induced changes in the expression of cell wall-associated genes; in particular, the increase of fks in *N. keratoplastica* suggests a possible compensatory remodeling response. In contrast, amphotericin B reduced the expression of the evaluated genes, which could be associated with an altered cellular state and a reduced transcriptional response capacity against antifungal damage. **Conclusions.** These results suggest that Pkc1 inhibition by NPC15437 modulates cell wall-associated processes and improves survival in the *Neocosmospora* spp. infection model, supporting its evaluation as a potential therapeutic strategy against invasive infections caused by these fungi.

P-081

Resistencia antifúngica en aislamientos clínicos colombianos de *Candida parapsilosis* y *Nakaseomyces glabratus*: qué nos aporta la secuenciación de genoma completo

Gamba J, Alvarado M, Triana J, Prada D, Escandón P.
Instituto Nacional de Salud.
Bogotá
pescandon@ins.gov.co

Introducción. Las infecciones invasivas causadas por *Candida* spp. se asocian con una alta mortalidad y una creciente resistencia a los antifúngicos. En Colombia, *C. parapsilosis* y *N. glabratus* (*Candida glabrata*) se encuentran entre los agentes más frecuentes de candidemia en pacientes hospitalizados.

Objetivos. Describir la caracterización genómica de aislamientos clínicos de *C. parapsilosis* y *N. glabratus* resistentes a los antifúngicos, recuperados a través del programa nacional de vigilancia de laboratorio coordinado por el Instituto Nacional de Salud de Colombia. **Materiales y métodos.** Se analizaron dieciséis aislamientos obtenidos de muestras invasivas entre 2021 y 2024. La identificación de especies se confirmó mediante MALDI-TOF, las pruebas de susceptibilidad a antifúngicos se realizaron según las directrices del CLSI y la secuenciación del genoma completo se llevó a cabo utilizando la tecnología Illumina. Las relaciones filogenéticas se infirieron mediante el flujo de trabajo MycoSNP-nf y las variantes asociadas a la resistencia se identificaron mediante análisis genómico comparativo. **Resultados.** Se detectó resistencia a múltiples fármacos (FLC, AND y AMB) en ambas especies. Los aislados de *N. glabratus* mostraron una alta diversidad genética, con mutaciones identificadas en los genes PDR1, CDR1, ERG y FKS, incluyendo variantes nuevas. En contraste, los aislamientos de *C. parapsilosis* exhibieron una baja diversidad genética, consistente con la circulación clonal, y presentaban mutaciones en genes asociados con la resistencia a azoles y equinocandinas. Cabe destacar que se observó resistencia fenotípica en aislados que carecían de mutaciones puntuales, lo que sugiere mecanismos de resistencia alternativos. **Conclusiones.** Estos hallazgos resaltan el valor de la secuenciación del genoma completo para la vigilancia de la resistencia a los antifúngicos y la toma de decisiones en materia de salud pública.

P-082

In vitro interaction between vaginal epithelial cells and *Candida* spp. clinical isolates from women with vulvovaginal candidiasis

Consuegra-Asprilla J, Pedretti N, Roselletti E, González Á, Pericolini E.
Universidad de Antioquia; University of Modena and Reggio Emilia;
University of Exeter.
Medellín
jeiserconsuegra@gmail.com

Introduction. *Candida* spp. is a common human commensal and the leading fungal pathogen responsible for mucosal and systemic infections. However, it remains unclear whether recurrent vulvovaginal candidiasis (RVVC) is caused by strains with enhanced pathogenic potential or whether less virulent strains are replaced by more virulent ones over time. **Objectives.** To analyze the interaction in vitro between A-431 vaginal epithelial cells and clinical isolates of *Candida* spp. obtained from patients with vulvovaginal candidiasis (VVC), RVVC, and from healthy colonized woman. **Materials and methods.** A total of 33 clinical isolates obtained from patients with VVC, RVVC, and healthy colonized women were evaluated. Moreover, clinical isolates from RVVC were divided according to the number of episodes per year: Group 1 (3–7 episodes) and Group 2 (≥ 8 episodes). Clinical isolates included *C. albicans* and *Clavispora lusitanae*. A-431 cells were used to evaluate: i) epithelial cell damage using the Cytotoxicity Detection Kit (LDH); ii) epithelial exfoliation capacity, and iii) fungal shedding. **Results.** No significant differences were observed between isolates obtained from patients with VVC and RVVC. However, compared with the strain isolated from a healthy colonized woman, VVC/RVVC isolates induced greater epithelial cell damage, increased fungal proliferation, and enhanced shedding of both fungal and epithelial cells. Interestingly, *C. lusitanae* isolates recovered from RVVC patients exhibited a lower capacity to induce epithelial cell damage than *C. albicans* isolates obtained from patients with severe RVVC (≥ 8 episodes/year). **Conclusions.** These findings suggest that isolates associated with VVC and RVVC may intrinsically possess a greater pathogenic potential, possibly mediated by differential activation of epithelial cell responses when compared with colonizing strains.

P-083

Factores asociados al desarrollo de fungemias en pacientes hospitalizados en centros de alta complejidad: estudio multicéntrico de casos y controles en Medellín, 2024–2025

Luna-López M, Gálvis-Ayala J, Robledo C, Berrio I, Robledo J, González A.
Laboratorio Médico de Referencia; Hospital General de Medellín; Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada, Universidad de Antioquia.
Medellín
mariacrislu37@gmail.com

Introducción. Las fungemias representan una amenaza hospitalaria creciente por su asociación con dispositivos invasivos, inmunosupresión, resistencia antifúngica y alta complejidad terapéutica. En Colombia, la candidemia supera el promedio latinoamericano, mientras que en Medellín la vigilancia estructurada aún es limitada. Esta restricción, sumada al bajo número de aislamientos por especie, dificulta estimar patrones locales robustos y desarrollar modelos de riesgo. **Objetivos.** Identificar factores asociados al desarrollo de fungemias en pacientes adultos hospitalizados en centros de alta complejidad de Medellín durante 2024–2025, incorporando un enfoque de generación de datos sintéticos para fortalecer el análisis en eventos de baja frecuencia. **Materiales y métodos.** Estudio multicéntrico de casos y controles en instituciones de alta complejidad de Medellín. El análisis microbiológico empleó WHONET y la susceptibilidad antifúngica se interpretó según criterios CLSI 2026 y distribución de CIM. Se implementó síntesis de datos mediante el modelo STEAM, orientada a preservar la estructura de las variables clínicas y microbiológicas, ampliar escenarios analíticos, explorar la estabilidad de asociaciones y mitigar limitaciones del tamaño muestral. La información clínica se recolectó mediante un instrumento previamente validado y se controlaron sesgos mediante criterios estrictos de selección y análisis estadístico de variables clínicas, microbiológicas y terapéuticas. **Resultados.** La distribución de especies fue liderada por *C. albicans* ($n=28$), seguida de *C. parapsilosis* ($n=21$), *C. glabrata* ($n=12$) y *C. tropicalis* ($n=9$). Se identificó resistencia crítica a fluconazol en *C. parapsilosis* (11/20) y desplazamiento hacia CIM más altas para voriconazol (8/19=SDD). Las equinocandinas mantuvieron alta actividad in vitro. Para AmB, las CIM50 oscilaron entre 0,25 y 0,5 mcg/mL. **Conclusiones.** Los hallazgos preliminares evidencian señales locales relevantes de resistencia antifúngica, especialmente en *C. parapsilosis*, y confirman la necesidad de fortalecer la vigilancia de fungemias. La incorporación de datos sintéticos mediante STEAM constituye una estrategia prometedora para estudiar eventos de baja frecuencia, mejorar la estabilidad analítica y avanzar hacia modelos predictivos aplicables en hospitales.

P-084

Péptidos antifúngicos generados por inteligencia artificial: evaluación in vitro contra *Malassezia* spp

Lemaitre-G. P, Ojeda S, Leidy C, Muñoz-Camargo C, Manrique-Moreno M, Celis-Ramírez A.
Universidad de los Andes; Universidad de Antioquia.
Bogotá
p.lemaitre@uniandes.edu.co

Introducción. La resistencia antifúngica y el limitado arsenal terapéutico disponible frente a infecciones por *Malassezia* spp. representan un desafío clínico creciente. En este contexto, los péptidos antimicrobianos (PAMs) generados mediante inteligencia artificial surgen como alternativas prometedoras a los antifúngicos convencionales. **Objetivos.** Validar in vitro la actividad antifúngica y los efectos morfológicos de péptidos antimicrobianos candidatos, generados mediante un modelo de aprendizaje profundo, contra células planctónicas y sésiles de *Malassezia* spp. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio experimental in vitro en la Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia. Los modelos AMPs-Net/ESCAPE predijeron fragmentos peptídicos con potencial antifúngico a partir de genomas de *Staphylococcus aureus* NCTC 8325, generando péptidos PIAS, y de *Malassezia furfur* CBS 1878 y *M. furfur* 4DS, generando péptidos PIAM. Ambos grupos fueron sometidos a filtrado físico-químico. Los péptidos se evaluaron frente a *M. furfur* CBS 1878, *M. sympodialis* CBS 7222 y *M. pachydermatis* CBS 1879. La concentración mínima inhibitoria (CMI) se determinó por microdilución en caldo (0,39–200 µg/mL), la actividad sobre biofilms mediante ensayo XTT (SMIC₅₀ y SMIC₉₀), y los efectos morfológicos por FE-SEM. Los datos se analizaron mediante Kruskal-Wallis y correlación de Spearman. **Resultados.** PIAM29-7 y PIAM23-4 mostraron la mayor potencia frente a *M. furfur*, con CMI de 12,5 µg/mL; PIAM21-4 presentó actividad moderada (50–100 µg/mL) y PIAM11-4 no mostró actividad, con diferencias significativas ($p = 0,0357$). Los péptidos PIAS11-35, PIAS20-35 y PIAS20-39 presentaron CMI entre 50–100 µg/mL, sin diferencias significativas ($p = 0,5714$). **Conclusiones.** Los PAMs generados por inteligencia artificial exhibieron actividad inhibitoria in vitro contra *M. furfur*, destacándose los PIAM por mayor potencia. La actividad de péptidos derivados del propio genoma de *M. furfur* respalda la selección in silico y sugiere un mecanismo asociado con la composición lipídica de la membrana fúngica. Proyecto financiado por MinCiencias, código 101846.

P-085

Epidemiología clínica y microbiológica de las infecciones por *Candida* en un hospital de alta complejidad del Tolima, Colombia (2014–2024)

Ramírez-Trujillo R, González Á.
Universidad de Antioquia.
Medellín
rafael.ramirez@udea.edu.co

Introducción. Las infecciones por *Candida* representan un reto creciente en hospitales de alta complejidad por su diversidad clínica, cambios en la distribución de especies y variabilidad en la susceptibilidad antifúngica; sin embargo, la información local en Tolima es limitada. **Objetivos.** Evaluar la epidemiología clínica y microbiológica, la distribución de especies, los factores asociados y los perfiles de susceptibilidad antifúngica de infecciones por *Candida* en un hospital de alta complejidad de Ibagué, Tolima, durante 2014–2024. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo descriptivo-analítico. Se integraron registros clínico-administrativos y la base microbiológica institucional WHONET. Se incluyeron pacientes con diagnóstico clínico de candidiasis y/o aislamiento de *Candida* spp. La identificación se realizó mediante cultivo y sistemas automatizados, y la susceptibilidad se interpretó con criterios CLSI/EUCAST. Se usaron frecuencias, proporciones y medianas (rango intercuartílico), análisis de correspondencias múltiples y regresión logística multivariable penalizada de Firth para candidemia. **Resultados.** Se identificaron 987 episodios compatibles con candidiasis en 243.013 hospitalizaciones (0,41%; 4,06/1.000 hospitalizaciones) y 776 aislamientos fúngicos, de los cuales 314 fueron *Candida* spp. (40,46%). Predominaron las formas mucocutáneas: candidiasis vulvovaginal (50,66%) y orofaríngea (24,32%); la candidemia representó 2,03%. Entre los aislamientos, *Candida albicans* predominó (58,92%), seguida de *C. parapsilosis* (16,56%), *C. tropicalis* (12,10%) y *Nakaseomyces glabratus* (6,37%); se detectó *Candida auris* en un aislamiento. La candidemia se asoció con disfunción respiratoria (OR 4,76; IC95% 1,23–16,39), dispositivos invasivos (OR 5,54; IC95% 1,99–15,64), cirugía (OR 7,11; IC95% 1,20–30,87)

y tumores (OR 19,88; IC95% 3,13–97,51). Las equinocandinas mostraron alta actividad, mientras que los azoles presentaron mayor variabilidad. **Conclusiones.** La candidiasis mostró una carga institucional sostenida y heterogénea, con diversidad relevante de especies no-albicans, apoyando la identificación a nivel de especie, la vigilancia continua y la terapia guiada por susceptibilidad.

P-086

Caracterización epidemiológica, clínica, microbiológica y de prevención y control de los brotes hospitalarios por *Candida auris* en Cali, Colombia, 2022–2025

Muñoz-Lombo J, Oñate-Gutiérrez J, Mosquera-Hernández J, Zuluaga-Aricapa M, Díaz-Rivadeneira L, Díaz-Rivadeneira C, Escobar-Morales G.
Hospital Universitario del Valle; Asociación Colombiana de Infectología ACIN Suroccidente; Clínica Imbanaco; Secretaría Distrital de Salud Pública de Santiago de Cali.
Cali
juan.mosquera4@outlook.com

Introducción. *Candida auris* es un patógeno fúngico emergente asociado con transmisión hospitalaria, persistencia ambiental, infecciones invasivas y resistencia antifúngica. **Objetivos.** Caracterizar epidemiológica, clínica y microbiológicamente los brotes hospitalarios por *C. auris* ocurridos en Santiago de Cali entre 2022 y 2025, incluidos sus desenlaces y medidas de prevención y control. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo, retrospectivo y territorial. Se analizaron brotes notificados o investigados por la autoridad sanitaria distrital. Se describieron servicios afectados, personas infectadas y colonizadas, exposición, duración, mortalidad, letalidad y medidas de contención. Se aplicaron pruebas exactas, Kruskal-Wallis, Mann-Whitney y ajustes por comparaciones múltiples. **Resultados.** Se identificaron 23 brotes: siete en 2022, dos en 2023, siete en 2024 y siete en 2025. Nueve fueron eventos de un solo caso y 16 involucraron alguna UCI. Se registraron 48 personas infectadas y 51 colonizadas. La tasa de ataque mediana fue 5,6% y la duración mediana, 40,5 días. La distribución por servicios y la composición entre infectados y colonizados variaron entre años. Se documentaron 18 fallecimientos, 12 atribuibles o derivados, con letalidad global de 25,0%. Ninguna característica individual se asoció significativamente con mortalidad. Los brotes prolongados presentaron mayor número de fallecidos y mayor frecuencia de al menos una muerte. Las medidas de contención fueron más frecuentes en los brotes de menor duración, pero ninguna asociación permaneció significativa tras el ajuste. **Conclusiones.** *C. auris* produjo brotes persistentes y heterogéneos, concentrados principalmente en UCI y hospitalización de adultos, con elevada carga de infección, colonización y mortalidad. Los hallazgos respaldan fortalecer la detección temprana, la vigilancia microbiológica, la respuesta coordinada y la documentación estandarizada.

P-087

Infección invasiva por *Aspergillus* spp: una revisión sistemática de 157 casos en países de las Américas

Montoya-Castillo M, Alarcón-Cardona S, De Los Ríos-Figueroa J, Novoa-Montoya A, Higuaita-Gutiérrez L.
Universidad Pontificia Bolivariana; Universidad de Antioquia; Universidad Cooperativa de Colombia.
Medellín
marimontoya13@gmail.com

Introducción. La aspergilosis invasiva constituye una de las micosis oportunistas más importantes a nivel mundial, especialmente en pacientes con inmunosupresión, trasplantes, neoplasias hematológicas o enfermedades crónicas. En los países de las Américas, la información disponible sobre las características de los casos reportados permanece fragmentada en la literatura. **Objetivos.** Describir las características clínicas, diagnósticas y terapéuticas de los pacientes con aspergilosis invasiva reportados en series y reportes de casos publicados en los países de las Américas. **Materiales y métodos.** Revisión sistemática de la literatura en 4 bases de datos y los idiomas inglés, español y portugués. Se aplicaron criterios de inclusión y exclusión, se evaluó la calidad metodológica y se analizó la información con estadística descriptiva. **Resultados.** Se incluyeron 157 pacientes, de todas las edades y distribuidos en 8 países de la región. El 85,3% reportó enfermedad de base y las más comunes fueron diabetes 15,9%, neoplasias hematológicas 14,0% y enfermedades autoinmunes 12,1%. El 52,2% de los pacientes recibía algún tipo de tratamiento inmunosupresor. El principal sistema afectado fue el respiratorio 25,5%, seguido de infecciones multisistémicas

cas 17,8% y del SNC 12,1%. En cuanto al diagnóstico se destaca que se identificaron 8 especies diferentes y la más común fue *A. fumigatus* 40,3%. En el 28% de los casos se hizo uso de biomarcadores, siendo el galactomanano el más usado. El tratamiento farmacológico predominante fue una combinación de polienos más triazoles, el 63,1% requirió tratamiento quirúrgico. El 42,7% de los pacientes murió. **Conclusiones.** La aspergilosis en países de América presenta alta mortalidad, especialmente en inmunosuprimidos. *A. fumigatus* predominó entre ocho especies identificadas. El compromiso respiratorio y en SNC fue frecuente, el uso de biomarcadores sigue siendo limitado y las múltiples combinaciones terapéuticas reflejan la complejidad clínica de los casos.

P-088

Tendencias de susceptibilidad antifúngica y distribución de especies de *Candida* spp. aisladas de hemocultivos en instituciones de segundo y tercer nivel de Antioquia, Colombia, 2021–2025

Herrera C, Jiménez-Henao L, Roa-López M, Berrio-Medina I.
Secretaría de Salud de Medellín; Laboratorio Departamental de Salud
Pública de Antioquia; Hospital General de Medellín.
Medellín
lauralorenajimenez@gmail.com

Introducción. La candidemia es una infección del torrente sanguíneo frecuente en el ámbito hospitalario y está asociada a una alta morbilidad. El reciente incremento de especies de *Candida* no-albicans y la emergencia de resistencia a los antifúngicos, especialmente a los azoles, representan un desafío crítico para el tratamiento oportuno y efectivo de los pacientes. **Objetivos.** Describir las características demográficas y clínicas de los pacientes con aislamientos de *Candida* spp. en hemocultivos y evaluar las tendencias temporales de susceptibilidad antifúngica en instituciones hospitalarias de segundo y tercer nivel de Antioquia entre 2021 y 2025. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo y retrospectivo (2021–2025) en hospitales de segundo y tercer nivel de Antioquia. Se analizaron aislamientos de *Candida* spp. de hemocultivos con identificación y susceptibilidad antifúngica. Se evaluaron variables demográficas, hospitalarias, microbiológicas y tendencias temporales de resistencia. **Resultados.** Se incluyeron 1.192 aislamientos de *Candida* spp.; el 54,4% correspondió a hombres y el 61,7% procedió de unidades de cuidado intensivo. Las especies más frecuentes fueron *Candida albicans* (34,7%), *Candida parapsilosis* (26,7%), *Candida glabrata* (16,9%) y *Candida tropicalis* (15,4%). La mayor resistencia global a fluconazol ocurrió en *Candida parapsilosis* (35,3%), siendo la única con una tendencia al incremento estadísticamente significativa ($p=0,029$), seguida de *Candida tropicalis* (15,1%) y *Candida albicans* (2,7%). La resistencia a caspofungina y micafungina fue inferior al 1% en todas las especies analizadas. **Conclusiones.** Se evidenció un cambio en la epidemiología de la candidemia en Antioquia, caracterizado por el incremento de *Candida parapsilosis* y una tendencia creciente de resistencia a fluconazol en esta especie. Las equinocandinas conservaron una elevada actividad frente a las principales especies de *Candida*, respaldando su papel como tratamiento empírico inicial de la candidemia.

P-089

Distribución de especies y resistencia antifúngica de *Candida* en líquidos estériles de adultos: vigilancia microbiológica multicéntrica en Manizales, Colombia del 2019 al 2025

Vallejo-Portilla A, Moncaleano-Castaño J, Aguirre-García J, Salazar-Ospina J, Aguirre-García L, Hurtado-Mayor J, Hernández-Botero J.
GRAM; Universidad de Manizales; Universidad de Caldas; Universidad Nacional de Colombia.
Manizales
avallejop2002@gmail.com

Introducción. La candidiasis invasiva es la principal micosis oportunista hospitalaria. Su distribución de especies y patrones de resistencia antifúngica varían entre regiones e instituciones, por lo que es esencial la vigilancia microbiológica local para orientar la terapia empírica, detectar amenazas emergentes y guiar el control de infecciones. **Objetivos.** Caracterizar la distribución de especies y sensibilidad antifúngica de los aislamientos de las especies más prevalentes de *Candida* obtenidos de líquidos estériles en adultos. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo, retrospectivo, de base microbiológica. Se incluyeron aislamientos de *Candida* de líquidos estériles (sangre, líquido peritoneal, cefalorraquídeo, pleural y articular) en adultos registrados en WHONET provenientes de 15 instituciones. La sensibilidad se determinó

por microdilución y se interpretó con CLSI-M27M44S; se calcularon proporciones con IC del 95%, CIM50 y CIM90. **Resultados.** Se incluyeron 517 aislamientos de 373 pacientes (edad promedio 56,5 años, DE 19,9; 60,3% hombres). El 79,7% correspondieron a hemocultivos y el 63,2% procedieron de la unidad de cuidados intensivos (UCI). Las especies no-albicans representaron el 53% en líquidos estériles y el 56,6% en sangre, frente al 44,1% en los demás sitios. *C. parapsilosis* fue la segunda especie invasiva (114; 22,1%), tras *C. albicans* (243; 47%). En aislamientos con CIM disponible (2019–2024), *C. parapsilosis* mostró 25,5% de resistencia a fluconazol ($N=55$; CIM90 16 $\mu\text{g/mL}$) y 18,2% intermedio a voriconazol, conservando sensibilidad a equinocandinas. **Conclusiones.** Los aislamientos de *Candida* en líquidos estériles procedieron principalmente de hemocultivos y de UCI. Aunque *C. albicans* fue la especie más frecuente, las especies no-albicans representaron más de la mitad de los aislamientos. Entre ellas, *C. parapsilosis* fue la segunda especie en frecuencia y mostró una proporción clínicamente relevante de resistencia a fluconazol y menor susceptibilidad a voriconazol. Estos hallazgos evidencian un patrón local relevante y justifican el fortalecimiento de la vigilancia micológica.

P-090

Incidencia y factores asociados al desarrollo de aspergilosis pulmonar asociada a influenza en pacientes adultos críticamente enfermos: cohorte retrospectiva institucional, fundación clínica Shaio, 2021–2026

Silva-Monsalve E, Morales-Guerra S, Osorio-Lombana J, Martínez-Ríos D, Mercado-Díaz M, Buitrago-Bernal R, Robayo-Amórtégui H, Carbajal-Cañizales K, Josa-Montero D, Garzón-Ruiz J, Quintero-Altare A.
Fundación Clínica Shaio; Universidad de La Sabana.
Cajicá
edwin.silva@shaio.org

Introducción. La aspergilosis pulmonar asociada a influenza (IAPA) es una complicación grave en pacientes críticos con incidencia descrita del 10–28% y mortalidad hasta del 50% en series europeas. La evidencia primaria en América Latina es escasa. Describimos la incidencia, características clínicas y factores asociados al desarrollo de IAPA en una cohorte institucional colombiana. **Objetivos.** Describir la incidencia, características clínicas y factores asociados al desarrollo de IAPA en pacientes ingresados a la unidad de cuidado intensivo con infección por influenza. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva de pacientes adultos con influenza confirmada por panel FilmArray respiratorio que requirieron ingreso a UCI en la Fundación Clínica Shaio entre enero de 2021 y abril de 2026. La clasificación de IAPA se realizó con criterios ECMM/ISHAM 2020. Se estimó la incidencia acumulada considerando riesgos competitivos (función de incidencia acumulada). El análisis de factores asociados se realizó mediante regresión logística binaria con dos variables preespecificadas: corticosteroides previos e inmunosupresión. **Resultados.** Se incluyeron 110 pacientes a la fecha del corte preliminar. La mediana de edad fue 57 años (RIC 41–72); 61 (55,5%) hombres. El 83,6% presentó influenza A y el 16,4% influenza B. La ventilación mecánica invasiva fue requerida en el 56,4% y el requerimiento de ECMO fue 55,4%. Se identificó IAPA en 50 pacientes (45,5%; 49 probables, 1 posible). La mortalidad hospitalaria global fue del 35,5%; 42,0% en pacientes con IAPA frente a 30,0% en pacientes sin IAPA. **Conclusiones.** Los datos preliminares sugieren una incidencia de IAPA superior a la reportada en series previas, con una mortalidad diferencial relevante entre pacientes con y sin IAPA. Estos hallazgos generan hipótesis sobre el perfil de riesgo institucional y refuerzan la necesidad de estrategias de búsqueda activa en UCI. En nuestro conocimiento esta es la serie más grande de casos de aspergilosis asociada a influenza recolectada en América Latina.

P-091

Desenlaces clínicos y clasificación clínico-microbiológica de pacientes hospitalizados con *Candida auris* en un hospital militar de alta complejidad, Colombia

Vergara-Samur H, Molano-Muñoz O, Castaño-Rodríguez I, Daniel-Torres C, Prada-Urueña I, Barrera-Corredor S, Sarmiento-Martínez J, Rodríguez-Piragauta S, Gómez-Quintero C, Faccini-Martínez Á.
Hospital Militar Central; Universidad Militar Nueva Granada.
Bogotá
est.oscar.molano@unimilitar.edu.co

Introducción. *Candida auris* representa un desafío para hospitales de alta complejidad por su multirresistencia, persistencia ambiental y transmisión nosocomial. En entornos militares, donde confluyen pacientes críticos, quirúr-

gicos, traumáticos y referidos, diferenciar candidemia, infección localizada y colonización es clave para estimar su carga clínica y orientar la vigilancia institucional. **Objetivos.** Describir los patrones clínico-microbiológicos, temporales y los desenlaces hospitalarios de pacientes con *Candida auris* en un hospital militar de alta complejidad en Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo de pacientes hospitalizados con aislamiento microbiológico de *Candida auris* entre enero de 2019 y mayo de 2026. Se revisaron historias clínicas y registros microbiológicos. Los casos se clasificaron como infección invasiva/candidemia, infección localizada o colonización, según sitio de aislamiento y uso de antifúngicos. Se describieron variables demográficas, diagnóstico sindrómico, sitio de aislamiento, ingreso a UCI, estancia hospitalaria, mortalidad intrahospitalaria y tendencia temporal mediante estadística descriptiva. **Resultados.** Se incluyeron 66 pacientes; la mediana de edad fue 56 años (RIC 35–67) y 50 fueron hombres (75,8%). La clasificación clínico-microbiológica correspondió a infección invasiva/candidemia en 23 casos (34,8%), infección localizada/no invasiva en 15 (22,7%) y colonización en 28 (42,4%). El 87,9% requirió UCI; la mediana de estancia hospitalaria fue 42 días (RIC 24–79) y la estancia en UCI 20 días (RIC 8–40). La mortalidad intrahospitalaria fue 24,2%, mayor en candidemia que en colonización (43,5% vs. 14,3%). Los casos se concentraron en 2020–2021 (n=28) y aumentaron nuevamente entre enero y mayo de 2026 (n=11). **Conclusiones.** En pacientes hospitalizados con *Candida auris*, los desenlaces se caracterizaron por alta utilización de UCI, estancias prolongadas y mortalidad intrahospitalaria relevante, especialmente en candidemia. La coexistencia de colonización, infección localizada e infección invasiva resalta la necesidad de vigilancia activa, clasificación clínico-microbiológica sistemática y estrategias de control adaptadas a hospitales militares de alta complejidad.

P-092

Criptococosis más allá del VIH: un estudio epidemiológico retrospectivo en un hospital de cuarto nivel en Bogotá, Colombia

Gil Ó, Cendales A, Morales-Pertuz C, Firacative C.
Universidad del Rosario; Hospital Universitario Mayor Méderi.
Bogotá
cfiracative@gmail.com

Introducción. Aunque el principal factor de riesgo de la criptococosis, una micosis global, causada por *Cryptococcus neoformans* y *Cryptococcus gattii*, es el VIH/SIDA, cada vez hay más casos en pacientes con otros factores de riesgo o incluso aparentemente saludables. **Objetivos.** Analizar las características epidemiológicas de la criptococosis en pacientes con y sin VIH tratados en un hospital de Bogotá, Colombia, entre 2019 y 2025. **Materiales y métodos.** En este estudio observacional analítico transversal, se realizó un análisis descriptivo de la población de estudio para determinar las diferencias clínicas entre pacientes con criptococosis con y sin VIH. **Resultados.** De 57 pacientes diagnosticados con criptococosis, durante 7 años, se han analizado 41 (25 VIH+ vs. 16 VIH-). La meningitis fue la presentación clínica predominante, independientemente del estado inmunológico de los pacientes, con una proporción hombre/mujer mayor en aquellos VIH+ (4,9:1) comparados con VIH- (1,8:1). Además, los pacientes VIH+ fueron más jóvenes significativamente (media 39 años) que aquellos VIH- (media 62 años). Una mayor proporción de VIH+ fueron hospitalizados en UCI (43,8%), comparado con VIH- (36%), aunque la terapia, principalmente anfotericina B más flucitosina y fluconazol, no difirió entre grupos. La mortalidad general fue del 12,2%, asociada con un diagnóstico tardío y una edad mayor, más que con el estado de VIH. El agente etiológico se identificó en 25 casos, siendo *C. neoformans* más común que *C. gattii*. Notablemente, de los pacientes VIH-, el 60% no tenía ningún factor de riesgo aparente, considerándose inmunocompetentes. **Conclusiones.** La epidemiología global de la criptococosis está cambiando y, más allá del VIH, esta micosis es cada vez más frecuente en otros pacientes, en quienes se diagnostica errónea o tardíamente, lo que representa una grave amenaza para la vida. En Colombia, entre los pacientes sin VIH, existe una proporción significativa de individuos aparentemente sanos, lo que hace esencial la detección temprana de esta infección oportunista.

P-093

Características clínicas y factores asociados a mortalidad en pacientes con infección por *Candida auris*: revisión sistemática de reportes y series de casos

Montoya-Castillo M, Méndez-Hernández M, Madrigal-Álvarez I, Rodríguez-Banda M, Linero-Herera M, Naranjo-Restrepo M.
Universidad Pontificia Bolivariana; Universidad Pontificia Bolivariana; Cor-

poración Universitaria Remington; Fundación Universitaria San Martín.
Medellín
marimontoya13@gmail.com

Introducción. *Candida auris* es una levadura emergente con alta capacidad de transmisión, persistencia ambiental y resistencia antifúngica. Hasta 2025 se habían notificado más de 84.000 casos de colonización o infección en 82 países, y las infecciones invasivas se han asociado con mortalidades de hasta 72%. A pesar de su creciente impacto global, la evidencia sobre las características clínicas y los factores asociados a mortalidad sigue siendo limitada. **Objetivos.** Describir las características clínicas e identificar factores asociados a mortalidad en pacientes con infección por *Candida auris* reportados en la literatura mundial. **Materiales y métodos.** Revisión sistemática realizada según la guía PRISMA. Se efectuó búsqueda en PubMed, Embase, LILACS y Google Scholar. Se incluyeron reportes y series de casos de pacientes adultos con infección por *Candida auris* y desenlace clínico documentado. Se realizó análisis descriptivo y regresión logística binomial para identificar factores asociados a mortalidad. **Resultados.** Se incluyeron 142 artículos con 201 pacientes. La mediana de edad fue 59 años (RIC 40–69) y el 65,2% fueron hombres. Las comorbilidades estuvieron presentes en 71,6%, predominando inmunosupresión (24,4%), hipertensión arterial (22,4%) y diabetes mellitus (20,4%). El 68,7% requirió ingreso a UCI y el 80,6% había recibido antibióticos recientemente. La candidemia fue la localización más frecuente y la mortalidad global fue 41,8%. En el análisis bivariado, las comorbilidades, el trasplante de órgano sólido, el uso reciente de antibióticos y el sitio de infección se asociaron con mortalidad. En el modelo ajustado, la candidemia o infección hematogena se relacionó con una mayor probabilidad de muerte frente a la infección respiratoria (ORa 3,69; IC95% 1,21–11,27; p=0,02). **Conclusiones.** Las infecciones por *Candida auris* presentan elevada mortalidad y afectan principalmente a pacientes con múltiples comorbilidades y exposición reciente a antibióticos. La candidemia constituye un predictor importante de mortalidad, resaltando la importancia del diagnóstico oportuno y de las estrategias de prevención y control de infecciones.

P-094

Agentes de cambio: estrategia educativa para el fortalecimiento de los conocimientos sobre tuberculosis en población privada de la libertad

Ortiz-Estévez D, Herreño-Mantilla R, Marín-Solar M, Lindarte-Salcedo D, Serrano-Camacho Y, Velandia-Martínez J, Téllez-Quintero A, Ruiz-Reyes J.
Universidad Industrial de Santander.
Piedecuesta
royerstein563@gmail.com

Introducción. La educación impartida por pares en personas privadas de la libertad incrementa la detección de casos de tuberculosis y los conocimientos sobre esta enfermedad. Debido al contexto penitenciario, la enfermedad aumenta su incidencia hasta 30 veces, haciendo clave la capacitación constante. **Objetivos.** Implementar una estrategia educativa de enfermería para el fortalecimiento de los conocimientos sobre transmisión, prevención y tratamiento de la tuberculosis en personas privadas de la libertad. **Materiales y métodos.** Estudio cuasiexperimental de tipo antes-después, ejecutado entre el 15/04/26 al 12/05/26 en Cárcel y Penitenciaría de Media Seguridad en Bucaramanga. Orientado en el modelo de promoción de la salud de Nola J. Pender reconociendo a los individuos como eje central del proceso. La población de estudio estuvo constituida por los líderes promotores de la salud de la misma comunidad de personas privadas de la libertad en los cuales se identificó el diagnóstico NANDA: Conocimientos inadecuados en salud. La intervención consistió en una jornada de motivación y cuatro sesiones educativas interactivas. El desenlace principal fue la modificación del NOC: Conocimientos: manejo de la infección, medidos al inicio y al final de cada sesión mediante una encuesta operacionalizada. **Resultados.** Se evaluaron 13 participantes que completaron el seguimiento. El nivel de conocimientos mejoró de 21/30 (conocimientos moderados) a 26/30 (conocimiento sustancial) en el NOC operacionalizado. Aumentaron las puntuaciones en indicadores clave: importancia de la adherencia al tratamiento, tratamiento de la infección diagnosticada, efectos secundarios de la medicación, factores que afectan la respuesta inmune y cuándo obtener ayuda profesional. **Conclusiones.** La educación mediante sesiones interactivas construidas con el modelo de Nola Pender, dirigidas a promotores de salud en el ámbito carcelario demostró ser una herramienta eficaz para fortalecer conocimientos sobre el proceso de la tuberculosis, su tratamiento y medidas de autocuidado. Facilitando además una identificación temprana de casos y favoreciendo el alcance de la información a toda la población.

P-181

Factores de virulencia de especies del género *Malassezia* relacionadas a fungemia: de comensal a patógeno

Torres-Moreno M, Gómez-Rivera M, Celis-Ramírez A.
Universidad Antonio Nariño; Universidad de los Andes.
Bogotá
matorres03@uan.edu.co

Introducción. *Malassezia* es un género de levaduras lipofílicas y lipodependientes que hacen parte de la microbiota cutánea. Sin embargo, algunas especies pueden causar infecciones en el torrente sanguíneo de neonatos de bajo peso al nacer y adultos inmunocomprometidos. A pesar de su relevancia clínica, los mecanismos de patogenidad que llevan a este microorganismo de comensal a patógeno sistémico aún no son claros. **Objetivos.** El objetivo de este estudio fue comparar los perfiles de virulencia en aislamientos de fungemia, lesiones de piel y piel sana de *M. furfur*, *M. pachydermatis* y *M. sympodialis*. **Materiales y métodos.** Para ello, se evaluó la formación de biopelículas mediante sal de tetrazolio XTT, resistencia al estrés oxidativo con menadiona, termotolerancia a 37°C, la actividad hemolítica en agar Sabouraud suplementado con Tween 80 al 0,1% y eritrocitos de cordero al 5%, y la actividad fosfolipasa en agar yema de huevo suplementado con Tween 80 al 2%. **Resultados.** Los aislamientos de *M. furfur* mostraron una menor capacidad de formación de biopelículas en comparación con *M. pachydermatis* y *M. sympodialis*. No obstante, los aislamientos provenientes de fungemia presentaron, en general, una mayor producción de biopelículas respecto a los de piel sana o entidades clínicas dermatológicas. Asimismo, un aislamiento de *M. furfur* proviene de un paciente con fungemia que mostró la mayor termotolerancia y resistencia al estrés oxidativo. Además, se evidenció que la respuesta al estrés oxidativo podría depender de la termotolerancia. La actividad fosfolipasa fue mayor en los aislamientos de fungemia de las tres especies. Por su parte, la actividad hemolítica alta solo se evidenció en *M. furfur* y se observó principalmente en los aislamientos de fungemia. **Conclusiones.** Estos resultados evidencian la importancia de los factores de virulencia evaluados en el establecimiento de infecciones sistémicas y sugieren una relación entre dichos factores y la epidemiología de la fungemia asociada a las tres especies evaluadas.

P-182

Características clínicas, inmunológicas y desenlaces de pacientes con criptococosis sin infección por VIH: experiencia de un centro de referencia

Robles-Torres R, Moreno-Ramírez C, Cruz-Vargas S, Ortega-Quintero, Cortés-Luna J.
Universidad Nacional de Colombia.
Bogotá
rrrobles@unal.edu.co

Introducción. La criptococosis, es una micosis que afecta con mayor frecuencia a personas con infección por VIH. Sin embargo, puede presentarse en pacientes con otras formas de inmunosupresión e incluso en pacientes inmunocompetentes. **Objetivos.** Describir las características clínicas, microbiológicas, inmunológicas, terapéuticas y los desenlaces de pacientes con criptococosis sin infección por VIH atendidos en un centro de referencia en Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó una serie de casos retrospectiva de pacientes con criptococosis sin coinfección por VIH atendidos entre enero de 2017 y mayo de 2026 en un hospital universitario de referencia. Los casos se definieron mediante el aislamiento de *Cryptococcus* spp. en suero o líquido cefalorraquídeo (LCR), así como por hallazgos histopatológicos o técnicas moleculares. En todos los pacientes la coinfección con VIH fue descartada mediante pruebas rápidas de ELISA. Se recolectaron datos demográficos, comorbilidades, manifestaciones clínicas, parámetros de laboratorio, tratamiento antifúngico, complicaciones y desenlaces. La información se obtuvo mediante revisión de historias clínicas y se analizó mediante estadística descriptiva. **Resultados.** Se incluyeron 36 pacientes. La mediana de edad fue de 66 años (RIQ: 51–72) y predominó el sexo masculino (58,3%). La cefalea fue la manifestación clínica más frecuente (44%), seguida de fiebre (17%) y disnea (11%). El compromiso del sistema nervioso central se observó en el 50% de los casos. Las comorbilidades más frecuentes fueron artritis reumatoide (n=5), linfopenia CD4 no asociada a VIH (n=4), lupus eritematoso sistémico (n=3), trasplante renal (n=3). El antígeno criptocócico en LCR fue el método diagnóstico más utilizado (47%), seguido de biopsia tisular (25%), tinta china (19%). La combinación de anfotericina B (Única dosis alta), fluconazol y flucitosina fue el esquema más empleado (44%). Se registró un fallecimiento, en ausencia de tratamiento an-

tifúngico. **Conclusiones.** La criptococosis en pacientes sin VIH ocurre predominantemente en individuos con alteraciones inmunológicas subyacentes. Su reconocimiento es fundamental para optimizar el diagnóstico y el tratamiento.

P-183

Reemergencia de tos ferina en Colombia: análisis retrospectivo de infección confirmada por PCR en un hospital pediátrico de Cartagena

Bula-Prado K, Otalora-Hawasly M, Arrieta-Puello P, Jiménez-Arriola J, Arias A, Martínez K, Ramírez-Barrios L, Sarkar-Roa N, Casadiego-Payares S.
Universidad del Sinú; Hospital Erasmo Meoz; Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja/UCI Doña Pilar; Universidad del Magdalena.
Cartagena
scasadiago89@gmail.com

Introducción. Tos ferina persiste como causa de morbilidad hospitalaria. En Colombia, los brotes recientes han expuesto vacíos en la caracterización clínica regional, particularmente respecto al valor del ciclo umbral (CT) de PCR como marcador de severidad y el impacto de la codetección viral. **Objetivos.** Describir el comportamiento clínico-epidemiológico de niños hospitalizados con tos ferina confirmada por PCR durante el brote 2025–2026 en Cartagena, Colombia. **Materiales y métodos.** Se trata de un estudio observacional analítico retrospectivo de pacientes pediátricos con PCR multiplex positiva para *Bordetella pertussis*, hospitalizados en el Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja entre enero de 2025 y febrero de 2026. Se realizaron comparaciones bivariadas mediante U de Mann-Whitney, χ^2 cuadrado y prueba exacta de Fisher además de correlación Spearman. El análisis se realizó con SPSS 26. **Resultados.** Se incluyeron 78 individuos, la mediana de edad fue 18 meses (RIC 5–96); 59% masculino. El 48,7% presentó alguna comorbilidad; la enfermedad pulmonar crónica fue la más frecuente (23,1%). La codetección viral ocurrió en 74,4%, predominando rinovirus/enterovirus (39,7%). Los casos graves mostraron mayor leucocitosis al ingreso (15.420 vs. 11.600; $p=0,017$), mayor estancia hospitalaria (5 vs. 3 días; $p<0,001$), mayor frecuencia de enfermedad pulmonar crónica (35,3% vs. 11,4%; $p=0,027$) y codetección con metapneumovirus ($p=0,03$) y parainfluenza ($p=0,01$). El CT de *Bordetella pertussis* se correlacionó negativamente con el recuento leucocitario ($r=-0,244$; $p=0,03$) y positivamente con los días de hospitalización ($r=0,382$; $p=0,001$). **Conclusiones.** En este estudio, la gravedad de la infección se relaciona con leucocitosis, enfermedad pulmonar crónica y codetección con metapneumovirus y parainfluenza. La alta frecuencia de codetección viral y la mediana de edad superior sugieren un perfil epidemiológico regional diferenciado. El CT de *Bordetella pertussis*, aunque no discrimina severidad de forma directa, mostró correlación con la respuesta inflamatoria y la duración de la hospitalización, lo que sugiere un potencial pronóstico que requiere validación en estudios prospectivos.

Otros tópicos

P-095

Análisis preliminar metatranscriptómico revela variabilidad en el perfil bacteriano y genes de resistencia antimicrobiana en murciélagos del Caribe colombiano

Echeverri-De La Hoz D, Martínez-Bravo C, Gastelbondo-Pastrana B, López Y, Alemán-Santos M, Hoyos-López R, Mattar S.
Universidad de Santander; Universidad de Córdoba.
Valledupar
dan.echeverri@mail.udes.edu.co

Introducción. Los murciélagos actúan como reservorios de varios microorganismos, y juegan un rol crucial en la interfaz de la salud humana, animal y ambiental. A pesar de su importancia ecológica, el papel de estos mamíferos como reservorio de bacterias con resistencia antimicrobiana en entornos naturales sigue siendo poco explorado. **Objetivos.** Caracterizar el bacterioma y el resistoma funcional en murciélagos silvestres del Caribe colombiano. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo con 21 ensamblajes metatranscriptómicos obtenidos a partir de hisopados (rectal y oral) de frugívoros, insectívoros, nectarívoros, piscívoros y hematófagos, capturados en 2023 en Córdoba, Sucre, Bolívar y Magdalena. Los ensamblajes fueron procesados mediante DIAMOND-MEGAN, los cuales fueron analizados con datos del GenBank. **Resultados.** Se encontró una composición bacteriana, de Bacteroidales, Enterobacterales y Mycoplasmatales. La expresión de genes de resistencia a antibióticos (ARGs) mostró un patrón de expresión variable. Se evidenció una

transcripción de genes asociados a resistencia a daptomicina y modificaciones del lípido A vinculadas a polimixinas. Se detectó una baja expresión de genes asociados a betalactámicos en la mayoría de las muestras analizadas. En el análisis individual de *G. soricina* (nectarívoro) y *M. molossus* (insectívoro) se evidenció una coexpresión de ARGs a la bacitracina, aminoglucósidos y fluoroquinolonas. **Conclusiones.** En el marco de la vigilancia epidemiológica bajo el enfoque de One Health, los resultados indican que el hospedero y sus hábitos dietarios podrían modelar la estructura y las estrategias de defensa del microbioma presente en murciélagos del Caribe colombiano. La aplicación del estudio tiene un impacto ambiental sobre el origen e interacciones complejas de la resistencia. Financiación. MINCIENCIAS 91722.

P-096

Detección molecular y caracterización filogenética de *Rickettsia* spp. en garrapatas de Córdoba y Cesar, Colombia

Galeano K, García N, López Y, Guzmán C, Mattar S.
Universidad de Córdoba.
Montería
kettygaleanoa@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. Las bacterias del género *Rickettsia* son microorganismos intracelulares obligados transmitidos principalmente por artrópodos hematófagos, incluyendo garrapatas, y comprenden especies de importancia médica y veterinaria a nivel mundial. **Objetivos.** Detectar y caracterizar molecularmente especies de *Rickettsia* presentes en garrapatas recolectadas en los departamentos de Córdoba y Cesar, Colombia. **Materiales y métodos.** Se recolectaron garrapatas de bovinos, equinos, caninos y reptiles en diferentes localidades de Córdoba y Cesar. El ADN fue extraído de pools de garrapatas y analizado mediante qPCR dirigida (*gltA*). Las muestras fueron analizadas por PCR convencional (*gltA*, *ompA* y *ompB*). Los amplicones fueron secuenciados con el método de Sanger. Las secuencias fueron comparadas con GenBank mediante BLASTn y analizadas filogenéticamente con Máxima Verosimilitud. **Resultados.** Se recolectaron 766 garrapatas: *Rhipicephalus microplus* (669/766; 87,33%), *Dermacentor nitens* (42/766; 5,48%), *Rhipicephalus sanguineus* (32/766; 4,18%) y *Amblyomma dissimile* (23/766; 3,00%). De 62 pools, 6 fueron *Rickettsia* spp. con qPCR. Los pools positivos correspondieron a *A. dissimile* de *Boa constrictor* y a *R. microplus* de bovinos. Se obtuvieron seis secuencias parciales del gen *ompA*, el análisis filogenético mostró que las secuencias se agruparon dentro del grupo de las fiebres manchadas, estrechamente relacionadas con *Candidatus Rickettsia colombiense*. Los análisis de identidad nucleotídica mediante BLASTn revelaron porcentajes de identidad entre 94,7% y 100% con secuencias previamente reportadas en Colombia y Brasil. Cinco secuencias fueron identificadas como *Candidatus Rickettsia colombiense*, mientras que 1 secuencia fue clasificada como *Rickettsia* sp. Los resultados demuestran la circulación endémica de genotipos relacionados con *Candidatus Rickettsia colombiense*, en garrapatas de reptiles y bovinos. **Conclusiones.** Se confirma la circulación de *Rickettsia* spp. del grupo de las fiebres manchadas en garrapatas de Córdoba y Cesar. La detección de secuencias estrechamente relacionadas con *Candidatus Rickettsia colombiense*, en *Amblyomma dissimile* y *Rhipicephalus microplus* amplía el conocimiento sobre la distribución geográfica y los hospedadores asociados de este microorganismo en el Caribe.

P-097

Cambio climático y Sus efectos sobre enfermedades infecciosas en Colombia: resultados preliminares de una revisión de alcance

Viviescas-Parra D, Sanabria-Gálvis D, Morantes-Salazar M, Rodríguez-Villamizar L.
Universidad Industrial de Santander.
Girón
dannaisabellaviviescasparra@gmail.com

Introducción. El cambio climático constituye un gran desafío para la salud pública debido a sus efectos sobre los determinantes de la salud. En Colombia, existe un creciente interés por comprender su impacto sobre las enfermedades. **Objetivos.** Sintetizar la evidencia disponible sobre la relación entre cambio climático y enfermedades infecciosas en Colombia, identificando tendencias de investigación y vacíos de conocimiento. **Materiales y métodos.** Se realizó una revisión de alcance siguiendo los lineamientos PRISMA-ScR. Se efectuó una búsqueda sistemática en PubMed, Scopus, LILACS, Web of Science, ProQuest y SciELO de estudios publicados entre 2010 y 2025 en español, inglés o portugués. Se incluyeron estudios epidemiológicos descriptivos y analíticos. La selección de artículos se realizó mediante revisión indepen-

diente por pares utilizando Rayyan. Los estudios incluidos fueron analizados mediante síntesis descriptiva y narrativa. **Resultados.** La búsqueda identificó 9.059 registros, 4.249 fueron evaluados tras eliminar duplicados. Finalmente, se incluyeron 75 estudios, de los cuales 33 (44%) abordaron enfermedades infecciosas. Los eventos más estudiados fueron las enfermedades transmitidas por vectores, principalmente dengue (n=12), malaria (n=4), zika (n=3), leishmaniasis (n=3), chikunguña (n=1), Chagas (n=1) y estudios combinados de varias enfermedades (n=4). También se identificaron investigaciones sobre infecciones respiratorias, varicela y COVID-19. La exposición más frecuentemente evaluada fue la variación de temperatura (n=20), seguida de precipitaciones (n=4) y variables climáticas combinadas (n=7). La evidencia muestra que las condiciones meteorológicas, especialmente la temperatura, influyen en la transmisibilidad de vectores, la incidencia de casos y los patrones epidémicos de varias enfermedades infecciosas. **Conclusiones.** La investigación sobre cambio climático y enfermedades infecciosas en Colombia es aún incipiente y se concentra en enfermedades transmitidas por vectores. Persisten vacíos de conocimiento en otros eventos transmisibles y en regiones vulnerables como la Amazonia y la Orinoquía, lo que resalta la necesidad de fortalecer la investigación para orientar estrategias de adaptación en salud.

P-098

Evaluación in vitro del extracto etanólico y del aceite esencial de *Matricaria chamomilla* L. Como alternativa terapéutica frente a *Staphylococcus aureus* y *Staphylococcus epidermidis* implicadas en el acné

Villada-Ramos J, Lora-Suárez F, Loango-Chamorro N, Gallego-Chica A.
Universidad del Quindío.
Armenia
johanvilladaramos@gmail.com

Introducción. El acné vulgar se agrava cuando la obstrucción de las unidades pilosebáceas favorece la colonización por *Staphylococcus aureus* y *Staphylococcus epidermidis*, presentes en alrededor del 27% y del 25–50% de la población. Estas bacterias liberan lipasas y proteasas que generan inflamación cutánea y muestran creciente resistencia a los antibióticos, lo que motiva la búsqueda de alternativas fitoterapéuticas. **Objetivos.** Evaluar la actividad antibacteriana in vitro del extracto etanólico y aceite esencial de *Matricaria chamomilla* frente a cepas de *Staphylococcus aureus* y *Staphylococcus epidermidis*. **Materiales y métodos.** El aceite esencial (AE) se obtuvo por destilación y el extracto etanólico (EE) por maceración. Se caracterizaron sus metabolitos mediante ensayos colorimétricos y se evaluó la actividad antioxidante (DPPH). La actividad antibacteriana se determinó por microdilución en placa (300–6000 µg/ml) durante 7 horas utilizando las cepas *S. aureus* ATCC 25923 y *S. epidermidis* ATCC 14990. **Resultados.** El EE presentó mayoritariamente fenoles 18,783 mg/g ES; los demás metabolitos oscilaron entre 0,0103 y 0,353 mg/g ES (polisacáridos 0,231, flavonoides 0,150, taninos 0,353 y alcaloides 0,0103). La actividad antioxidante fue 31,823%. En el ensayo antimicrobiano, el EE inhibió a *S. aureus* y *S. epidermidis* sólo a 6 000 µg/ml; las curvas de crecimiento de *S. aureus* se asemejaron al control antibiótico entre la segunda y cuarta hora, y las de *S. epidermidis* a partir de la tercera hora. El AE no afectó a *S. aureus* y sólo inhibió a *S. epidermidis* a 6000 µg/ml. En concentraciones ≤3000 µg/ml no se observó inhibición. **Conclusiones.** El extracto etanólico mostró actividad bactericida a 6000 µg/ml, mientras que el aceite esencial fue efectivo únicamente contra *S. epidermidis* a esa dosis. La abundancia de compuestos fenólicos podría explicar la actividad observada. Estos extractos pueden considerarse coadyuvantes tópicos contra el acné; se requieren ensayos clínicos para confirmar su eficacia y seguridad.

P-099

Conocimientos, actitudes y prácticas sobre cambio climático y enfermedades transmitidas por vectores en estudiantes del área de la salud de dos universidades de Medellín, 2025

Grajales-Gómez E, García-Jaramillo M, Lerma-Zambrano P, Bernal-Sepúlveda M, Gómez-Gallego D.
Universidad de Antioquia; Universidad Cooperativa de Colombia.
Medellín
emmanuel.grajalesg@udea.edu.co

Introducción. El cambio climático favorece la propagación de enfermedades transmitidas por vectores (ETV) mediante cambios en la temperatura, humedad y precipitación, incrementando el riesgo de transmisión y brotes epidémicos. Los futuros profesionales de la salud tendrán un papel fundamental en la vigilancia y prevención de estas enfermedades; sin embargo, existe

limitada evidencia sobre sus conocimientos, actitudes y prácticas (CAP). **Objetivos.** Evaluar los conocimientos, actitudes y prácticas sobre cambio climático y ETV, así como los factores asociados, en estudiantes del área de la salud de dos universidades de Medellín. **Materiales y métodos.** Estudio observacional transversal realizado en 323 estudiantes de Medicina, Microbiología y Enfermería de dos universidades de Medellín en 2025. Se aplicó un cuestionario CAP estructurado sobre cambio climático y ETV. Los puntajes fueron estandarizados en una escala 0-100. Se realizaron análisis descriptivos, pruebas no paramétricas y regresión lineal múltiple. **Resultados.** Se observaron altos niveles de conocimientos (mediana 87,9; RIC: 75,7 – 93,9), y actitudes (mediana: 83,3; RIC: 72,2 – 91,7), pero bajos niveles de prácticas preventivas (mediana: 44,4; RIC: 33,3–58,3). El 79,6% reconoció que el cambio climático incrementa las ETV y 87% asoció las lluvias intensas con la formación de criaderos de vectores; 74,9% apoyó acciones de mitigación y solo el 20,1% manifestó sentirse preparado para hablar de cambio climático y salud. Solo el 40,2% aplicaba medidas para evitar criaderos de mosquitos y el 56,7% nunca había participado en campañas preventivas. Las prácticas y actitudes se asociaron significativamente con la percepción de la calidad de la educación recibida sobre ETV y cambio climático. **Conclusiones.** Este estudio evidencia una brecha entre el saber y el hacer. La calidad de la formación recibida influyó significativamente en las conductas preventivas, resaltando la necesidad de fortalecer la educación en salud ambiental en los programas de formación del área de la salud.

P-100

Acción dual de los péptidos quiméricos sat1-cuv y act8-sat1 frente a *Escherichia coli* productora de toxina Shiga: inhibición del crecimiento bacteriano sin inducción de la expresión del gen *stx2*

Quiguanás-Guarín E, Téllez-Ramírez G, Toro-Segovia L, Galeano-Giraldo M, Correa-Santander M.
Alexander Von Humboldt.
Armenia
edwinstiven2794@cue.edu.co

Introducción. La *Escherichia coli* productora de toxina Shiga (STEC) es un patógeno relevante en salud pública asociado al síndrome hemolítico urémico. Las toxinas Shiga, particularmente Stx2, constituyen los principales factores de virulencia involucrados en la patogénesis de esta enfermedad. El uso de antibióticos como terapia está desaconsejado ya que pueden inducir la expresión de toxinas. Por lo tanto, es necesario desarrollar alternativas terapéuticas seguras y eficaces como los péptidos antimicrobianos. **Objetivos.** Evaluar la actividad antibacteriana y el efecto sobre la expresión del gen *stx2* de dos péptidos quiméricos frente a una cepa de STEC. **Materiales y métodos.** Mediante estrategias de diseño racional basadas en la quimerización de dominios funcionales de péptidos antimicrobianos previamente descritos, se diseñaron los péptidos Satanin1_Nterminal_Curvicina_Cterminal y Act8_Nterminal_Satanin1_Cterminal. La actividad antibacteriana fue determinada mediante ensayos de microdilución en caldo para establecer la concentración mínima inhibitoria (CMI) y la concentración mínima bactericida (CMB). La expresión del gen *stx2* fue evaluada mediante RT-qPCR y cuantificada mediante expresión relativa normalizada utilizando el método $2^{-\Delta\Delta CT}$. **Resultados.** Ambos péptidos presentaron actividad antibacteriana frente a STEC, con valores de CMI y CMB de 6,25 µg/mL. Como control positivo de inducción de la expresión génica se utilizó mitomicina C (0,5 µg/mL), la cual incrementó aproximadamente 400 veces la expresión relativa normalizada de *stx2* después de 3 horas de exposición. En contraste, ninguno de los péptidos indujo la expresión de *stx2* a concentraciones de 6,25 y 12 µg/mL, manteniendo niveles de expresión comparables a la expresión basal observada en el control no tratado. **Conclusiones.** Los péptidos quiméricos evaluados demostraron actividad antibacteriana frente a STEC sin inducir la expresión del gen *stx2*, lo que resalta su potencial como candidatos para el desarrollo de estrategias terapéuticas alternativas dirigidas al control de infecciones causadas por STEC. Financiación por Dirección de Investigaciones de la Universidad Alexander von Humboldt.

P-101

Inteligencia epidémica en tiempo REAL: análisis del comportamiento y maduración de la comunidad EIOS Colombia, 2023-2025

Madero-Reales J, Montaño-Fuertes C.
Instituto Nacional de Salud.
Bogotá
javier.madero.reales@gmail.com

Introducción. Desde el 2023 la herramienta de Inteligencia Epidémica de Fuentes Abiertas (EIOS por sus siglas en inglés) se ha integrado en los Sistemas de Alerta Temprana (SAT) tanto a nivel nacional como subnacional, fortaleciendo la detección de señales de posibles situaciones de riesgo en salud pública. **Objetivos.** Establecer la evolución de las actividades de gestión de señales epidemiológicas tras la implementación e integración de la herramienta EIOS en los SAT a nivel nacional y subnacional en Colombia, durante el periodo 2023-2025. **Materiales y métodos.** Búsqueda retrospectiva del registro de actividades de gestión de señales realizadas por la “Comunidad EIOS Colombia” desde el inicio del despliegue a nivel subnacional con cálculo de frecuencias relativas y porcentaje de incremento por actividad. **Resultados.** Entre mayo de 2023 a junio de 2025, la “Comunidad EIOS Colombia” registró alrededor de 102,000 actividades de gestión de señales. Al comparar el periodo 2023-2024 frente a 2024-2025, se observó incremento en las actividades clave destacando un aumento del 421% en la “fijación de artículos en tableros” (de 53 a 276), del 336% en el “examen detallado de artículos” (de 74 a 323) y del 109% en la “creación de nuevos tableros” (de 69 a 144). La actividad de “lectura de previsualizaciones de artículos” (alcanzando 46,200 en el último año) y un incremento del 172% en la “exportación de artículos seleccionados” (2,350 registros). **Conclusiones.** Consolidación del uso de EIOS para captación de señales evidenciando una sólida apropiación por parte de los SAT, lo que ha permitido modernizar la inteligencia epidémica a nivel nacional.

P-102

Propiedades antibacterianas de extractos de hoja de *Heliotropium indicum* L: una aproximación etnofarmacológica

Rangel-Hernández W, Coronado-Ríos S.
Universidad de Cartagena.
Cartagena
williamrangel1122@gmail.com

Introducción. *Heliotropium indicum* L. es una planta tradicionalmente utilizada como tratamiento de afecciones cutáneas infecciosas. Reportes de estudios indican que sus extractos presentan actividad frente a bacterias asociadas a infecciones de la piel. Considerando el aumento de la resistencia microbiana esta especie adquiere relevancia por su potencial terapéutico. **Objetivos.** Evaluar la actividad antibacteriana de extractos acuosos y etanólicos de hojas de *Heliotropium indicum* L. frente a bacterias asociadas a infecciones cutáneas. **Materiales y métodos.** Este estudio se basó en una encuesta etnobotánica donde comunidades rurales del departamento de Bolívar reportaron el uso de emplastos hidroetanólicos de *H. indicum* para tratar infecciones de piel; posteriormente, se realizó la producción y caracterización de extractos acuosos y etanólicos de la planta con los cuales se realizó un ensayo in vitro de microdilución en caldo para probar su actividad antibacteriana frente a cepas ATCC de *Staphylococcus aureus*, USA300, *Staphylococcus epidermidis* y *Escherichia coli*. **Resultados.** La encuesta etnobotánica mostró un buen índice de fidelidad de uso de *H. indicum* y que la parte más usada son las hojas. En los extractos se encontraron compuestos fenólicos principalmente alcaloides como heliotrina y intermedina. Los extractos etanólicos mostraron una actividad antibacteriana moderada frente a la mayoría de bacterias alcanzando porcentajes de inhibición de crecimiento superior a 70% en *S. epidermidis*, alrededor de 54% en *S. aureus*, 48% USA300 y una actividad muy baja frente a *E. coli* 9%. Por su parte, los extractos acuosos presentaron una actividad menor, con inhibiciones aproximadas de 40%, 42%, 45% y 18%, respectivamente. **Conclusiones.** El extracto etanólico de las hojas mostró actividad antibacteriana frente a las bacterias estudiadas, excepto *E. coli*. Este efecto podría relacionarse con compuestos fenólicos como la quercetina y el ácido gálico, reconocidos por su actividad antibacteriana, lo que respaldaría su uso tradicional en comunidades rurales.

P-184

Caracterización bioquímica micro FT-IR de tres especies de importancia hídrica

Ramírez-Giraldo J, Gómez-Marín J, Arenas A.
Universidad del Quindío.
Armenia
juanf.ramirezg@uqvirtual.edu.co

Introducción. La diseminación ambiental y la persistencia hídrica de protozoarios constituyen una emergencia crítica de salud pública global. A pesar del inminente peligro epidémico, la literatura demuestra una total ausencia de bases de datos espectrales multiespecie capaces de diferenciar taxones hí-

dricos. Las metodologías convencionales evidencian deficiencias crónicas en sensibilidad y viabilidad operativa frente a matrices complejas, demandando soluciones de fenotipado libre de marcadores. **Objetivos.** Establecer una caracterización estructural de alta sensibilidad centrada de manera exclusiva en la discriminación analítica y asignación espectral de *Cryptosporidium parvum*, *Giardia lamblia* y *Toxoplasma gondii*. **Materiales y métodos.** Materiales y Métodos: Se implementó una plataforma de microespectroscopía de infrarrojo por transformada de Fourier (micro FT-IR) mediante la técnica de drop-casting sobre sustratos ópticos de CaF₂. La adquisición se configuró promediando 240 scans por espectro con resolución de 4 cm⁻¹. Los interferogramas se depuraron algorítmicamente en Herschel-Raman V8.2, empleando normalización vectorial (SNV/L2), segunda derivada de Savitzky-Golay, Análisis de Componentes Principales (PCA) y Agrupamiento Jerárquico (HCA). **Resultados.** El análisis espectroscópico identificó bandas comunes (proteínas/lípidos) y señales diferenciadoras exclusivas para cada patógeno (*C. parvum*: 1234.00, 868,00 cm⁻¹; *G. lamblia*: 1574.00, 1868,00 cm⁻¹; *T. gondii*: 1414.00, 918.00, 996,00 cm⁻¹). Basado en estas huellas moleculares, el modelado multivariado mediante Análisis de Componentes Principales (PCA) y el agrupamiento por distancias euclidianas permitieron separar y diferenciar con total claridad a los tres protozoos. **Conclusiones.** La evaluación espectroscópica logró discriminar inequívocamente a los tres protozoos mediante PCA y agrupamiento euclidiano. Aunque comparten perfiles bioquímicos basales, la detección de biomarcadores únicos demuestra la viabilidad de este enfoque como un método rápido y altamente específico para la identificación de patógenos de impacto en salud pública.

P-185

Detección in silico de genes de resistencia antimicrobiana y viruloma en genomas de *Fusobacterium nucleatum*

Solano-Araque A, Galindo-Lara D, Rodríguez-Betancur L, Castro-Chiquiza B, Delgadillo-Salgado N, Lafaurie G, Castillo-Perdomo D.
Unidad de Investigación Básica Oral (UIBO), Vicerrectoría de Investigaciones, Facultad de Odontología, Universidad El Bosque.
Bogotá
castillodiana@unbosque.edu.co

Introducción. *F. nucleatum* es un bacilo Gram negativo presente normalmente en cavidad oral, tracto gastrointestinal y urogenital, en condiciones de disbiosis puede considerarse un patobionte en periodontitis y sistémicamente, se asocia con oncogénesis colorrectal. Análisis genómicos de *F. nucleatum* son herramientas útiles que podrían dilucidar los mecanismos de resistencia y virulencia. **Objetivos.** Identificar genes asociados al resistoma y viruloma en *F. nucleatum* mediante análisis in silico, de aislamientos clínicos y cepas de referencia disponibles en bases de datos genómicas. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo in silico de 40 genomas completos y ensamblados de *F. nucleatum* disponibles en la base de datos NCBI. Los genomas en formato FASTA se depuraron para eliminar redundancias. Se evaluó la presencia de genes asociados a resistencia antimicrobiana (RAM) (*bla*TEM, *ampC*, *cfxA*, *cfxA2*, *cfxA6*, *cepA*, *cfiA*, *ermB*, *tetM*, *nimE/nimA*, *nimA*EF1, *IsaC* y *lnuC*) y de genes de virulencia (*fap2*, *fadA*, *radD*, *fomA*, *ompA* y *traT*). La detección génica se realizó mediante BLASTn y los resultados se organizaron en una matriz binaria de presencia/ausencia y se realizó un análisis estadístico descriptivo. **Resultados.** El análisis del resistoma evidenció baja frecuencia de genes de RAM. Se identificaron *IsaC*, *lnuC*, *tetM* y *ermB* en el 2,5% de los genomas, mientras que no se detectaron genes asociados con RAM a β-lactámicos, ni nitroimidazoles. En contraste, el análisis del viruloma mostró alta conservación de genes relacionados con adhesión, captación de hierro y metabolismo. Los genes *FadA*, *HmuV*, *Fur*, *BacA*, *murJ*, *gctB* y *C7Y58* estuvieron presentes en el 100% de los genomas evaluados. Adicionalmente, se detectaron *NorM* (77,5%), *HmuT* (75,0%), *fomA* (52,5%), *Fap2* (30,0%) y *RadD* (17,5%). **Conclusiones.** *F. nucleatum* presenta baja frecuencias de genes asociados a RAM y mantiene un repertorio conservado de factores de virulencia asociados con colonización y persistencia, particularmente, la presencia de *Fap2* resalta su potencial participación en procesos de oncogénesis y progresión tumoral.

P-186

Agentes potencialmente patógenos aislados de la paloma doméstica (*Columba livia*) en un municipio del valle del Cauca, Colombia

Acero-Plazas V, Romero-Rojas K, Lora-Suárez F, Palacios-García Y, Arenas N, Libreros-Zapata Á, Algarra-Ramírez I, Hernández-Pulido D. Fundación Universitaria San Martín (FUSM); Asociación Colombiana de Infectología ACIN; Asociación Nacional de Médicos

Veterinarios de Colombia (AMEVEC); Laboratorio de Parasitología (PROTOZLAB); Grupo de Investigación en Ciencias Básicas y Educación (GICBE); Universidad del Quindío; Facultad de Medicina, Universidad de Cartagena; Secretaría de Agricultura y Medio Ambiente (SAMA), Alcaldía de Buga; Fundación Universitaria Agraria de Colombia (UNIAGRARIA). Bogotá
sepulvic@hotmail.com

Introducción. *Columba livia* es considerada fauna sinantrópica que se encuentra en ecosistemas urbanos formando colonias de un gran número de individuos que pueden causar problemas en las edificaciones y ecosistemas. **Objetivos.** Determinar los agentes potencialmente patógenos de la paloma doméstica en un municipio del Valle del Cauca, Colombia. **Materiales y métodos.** De una muestra de 15 especímenes de tres puntos críticos de un municipio del Valle del Cauca se tomaron muestras de intestino en solución salina estéril y formol salino. Para el aislamiento de microorganismos como bacterias, hongos y levaduras se realizó siembra directa agar sangre e incubación durante 48 horas. Posteriormente se realizaron nuevas siembras en agar nutritivo, agar sangre y agar PDA para levaduras. Posteriormente, según las características macroscópicas, microscópicas y bioquímicas primarias, se realizó una comparación y se unificaron algunas cepas que cumplían las mismas características. Para iniciar la identificación del género, se implementaron baterías bioquímicas como TSI, LIA, SIM, UREA, CITRATO SIMMONS, VP-RM. Para la identificación de parásitos de las muestras en formol-salino se procedió con el método de Ritchie y tinción con lugol parasitológico. Se contó con aval del comité de bioética de la Fundación Universitaria San Martín (FUSM). **Resultados.** En promedio se identificaron los siguientes agentes de los tres puntos de muestreo: *Pseudomonas* sp.(40%), *Klebsiella* sp. (33%), *Enterobacter* sp. (33%), *Neisseria* sp. (27%), *Salmonella* sp. (20%) y *E. coli* (20%), principalmente. También se aislaron *Candida* sp / *C. krusei* (27%), *Aspergillus* sp. (20%) y *Rhodotorula* sp. (13%). Solo se aisló en una muestra el parásito *Uncinaria* sp. **Conclusiones.** Cuando se encuentran sobrepoblaciones de palomas se pueden constituir como reservorios de diversos agentes con potencial patógeno, que diseminan a través de las heces. Estos hallazgos deben motivar a la implementación de estrategias de prevención y control con la articulación de las autoridades sanitarias y el sector privado bajo el enfoque de "Una Salud".

PROA

P-103

Heterogeneidad antimicrobiana y resistencia a carbapenémicos en *Klebsiella pneumoniae* y *Pseudomonas aeruginosa*: serie de tiempo 2018-2024

Osorio-Lombana J, Silva-Monsalve E, Cerinza-Fuentes R, Pedraza-Amaya Y, Hernández-Atehortúa P, Ortiz-Aroca J.
Fundación Clínica Shaia.
Bogotá
juanosorior@gmail.com

Introducción. Estudios hospitalarios han propuesto el índice de heterogeneidad antimicrobiana (IHA) como una medida de diversidad del consumo de antibióticos en una institución. Una mayor diversidad de uso ha sido relacionada con menor frecuencia de microorganismos resistentes, por lo que su evaluación puede contribuir a proveer información para los programas de optimización de antimicrobianos. **Objetivos.** Evaluar la tendencia temporal de la resistencia a carbapenémicos en *Klebsiella pneumoniae* y *Pseudomonas aeruginosa* y su asociación con el índice de heterogeneidad antimicrobiana. **Materiales y métodos.** Estudio ecológico longitudinal de series temporales en una institución de alta complejidad en Bogotá. Se analizaron datos mensuales entre enero de 2018 hasta diciembre de 2024, agregados trimestralmente. Se consideraron aislamientos de *K. pneumoniae* y *P. aeruginosa* con reporte de susceptibilidad a carbapenémicos. El desenlace fue la proporción de resistencia trimestral ponderada. Las variables explicativas fueron el IHA de cuatro grupos y su versión modificada. Se exploraron tendencias lineales, correlaciones de Pearson y rezagos de hasta cuatro trimestres. **Resultados.** Se analizaron 28 trimestres, con 2754 aislamientos de *K. pneumoniae* y 1135 de *P. aeruginosa*. La resistencia trimestral promedio fue 26,7% (DE 9,7) y 20,9% (DE 11,5), respectivamente. *K. pneumoniae* presentó un comportamiento no lineal con un descenso en el periodo 2020-2021, con aumento en 2023 y persistencia de valores elevados en 2024, sin tendencia lineal significativa (0,73 puntos porcentuales/año; p=0,43). *P. aeruginosa* presentó un descenso sostenido

(-2,99 puntos porcentuales/año; $p=0,003$). El IHA se asoció de forma inversa a la resistencia en *P. aeruginosa* (cuatro grupos: $r=-0,44$; $p=0,018$; modificado: $r=-0,40$; $p=0,035$), sin asociación clara en *K. pneumoniae*. **Conclusiones.** El IHA se relacionó con menor resistencia a carbapenémicos en *P. aeruginosa*. En *K. pneumoniae* no, lo que sugiere la influencia de otros determinantes epidemiológicos y microbiológicos, además del consumo.

P-104

Impacto de un programa de optimización de antimicrobianos sobre el consumo de antibióticos de amplio espectro y los costos en un hospital de alta complejidad en Colombia: estudio cuasiexperimental antes-después

Acosta C, Valencia Y, Casas J, Ortiz A, Arias A.
Infectoped; Hospital Universitario Erasmo Meoz.
Cúcuta
epidemiologoinfectonorte@gmail.com

Introducción. Los programas de optimización de antimicrobianos son estrategias esenciales para mejorar la prescripción antibiótica, reducir el uso innecesario de antimicrobianos de amplio espectro y favorecer la sostenibilidad institucional, especialmente en entornos con recursos limitados. **Objetivos.** Evaluar el impacto de un programa de optimización de antimicrobianos sobre el consumo de antibióticos de amplio espectro y los costos antibióticos en un hospital de alta complejidad en Cúcuta, Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio cuasiexperimental no controlado antes-después realizado en un hospital terciario. Se comparó un periodo preintervención de enero a noviembre de 2023 con un periodo posintervención de diciembre de 2023 a diciembre de 2024. La intervención incluyó auditoría prospectiva con retroalimentación, rondas multidisciplinarias PROA, optimización de guías institucionales, educación a prescriptores y desescalamiento guiado por microbiología. El consumo antimicrobiano se midió en dosis diarias definidas por 100 días-paciente y los costos se calcularon usando precios estandarizados de diciembre de 2024. **Resultados.** Durante 2024 se realizaron 391 evaluaciones relacionadas con PROA, con una adherencia promedio a las recomendaciones de 91,0%. Los costos antibióticos disminuyeron en UCI de COP 131.915.602 a COP 40.907.489, equivalente a una reducción de 69,0%. En hospitalización, los costos disminuyeron de COP 172.205.945 a COP 124.701.147, correspondiente a una reducción de 27,6%. La reducción estuvo principalmente relacionada con menor uso de meropenem, linezolid, vancomicina y piperacilina/tazobactam. También se observó disminución del consumo antimicrobiano, especialmente de agentes antipseudomónicos. **Conclusiones.** La implementación de un programa estructurado de optimización de antimicrobianos se asoció con reducción del consumo de antibióticos de amplio espectro y disminución significativa de costos, particularmente en UCI. Estos hallazgos respaldan el impacto clínico y económico de los programas PROA en hospitales colombianos.

P-105

Impacto de una ronda interdisciplinaria de optimización de antimicrobianos en una unidad de cuidados intensivos pediátricos y neonatales: experiencia de un hospital de alta complejidad en Colombia

Gutiérrez-Ortegón D, Jiménez-Orjuela G.
Fundación Santa Fe de Bogotá.
Bogotá
daniel.gutierrez@fsfb.org.co

Introducción. Los programas de optimización del uso de antimicrobianos (PROA) buscan contribuir a la contención de la resistencia bacteriana. A pesar de su importancia, la evidencia sobre su implementación e impacto en unidades de cuidados intensivos pediátricos y neonatales (UCIP-UCIN), especialmente en países de ingresos medios y bajos, continúa siendo limitada. Estas unidades concentran pacientes altamente vulnerables, con elevada exposición a antimicrobianos y mayor riesgo de infecciones asociadas a la atención en salud. **Objetivos.** Evaluar el impacto de una ronda interdisciplinaria semanal de PROA sobre el consumo de antimicrobianos en una UCIP-UCIN. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo basado en la experiencia de implementación de una ronda PROA entre 2023 y 2025 en una UCIP-UCIN de un hospital de alta complejidad. La estrategia estuvo liderada por un equipo multidisciplinario conformado por infectología pediátrica, enfermería, epidemiología, microbiología y farmacia. El modelo se fundamentó en rondas clínicas con retroalimentación presencial, revisión y seguimiento sistemático de los antimicrobianos prescritos. Durante cada ronda se discutieron y documentaron las principales oportunidades de optimización terapéutica. **Re-**

sultados. Se realizaron 373 intervenciones en 509 eventos clínicos evaluados durante el periodo de estudio. La adherencia a las recomendaciones fue del 95%; predominando aquellas orientadas a la optimización de la duración del tratamiento y la suspensión de antimicrobianos. Entre 2023 y 2025 se observó una reducción en los DoT, siendo más pronunciado para vancomicina (-39%), ceftriaxona (-31%), cefepime (-29%) y meropenem (-26%). **Conclusiones.** La implementación de una ronda interdisciplinaria semanal basada en la retroalimentación presencial fue una estrategia segura y efectiva para optimizar el uso de antimicrobianos en unidades de cuidados intensivos pediátricos y neonatales. La alta aceptación de las recomendaciones y la reducción sostenida en el consumo de antimicrobianos respaldan la incorporación de este modelo en instituciones de alta complejidad.

P-106

Medición del índice de espectro antimicrobiano (IEA) en la vigilancia y control del uso de antibióticos en una unidad neonatal. Medellín – Colombia

Londoño-Montes J, Díaz-Díaz A, Mesa-Monsalve J, Arias-Urbano J.
Universidad CES; Hospital General de Medellín.
Sabaneta
londonom.juliana@uces.edu.co

Introducción. Los programas de uso racional de antibióticos (PROA) han demostrado tener un impacto positivo en el control de antimicrobianos. El indicador Días de Terapia (DDT) evalúa el consumo de antibióticos, pero sólo contempla el número de antibióticos por un periodo determinado, sin tener en cuenta el espectro. Recientemente se han descrito puntajes que valoran cada antibiótico según su espectro (a mayor espectro, mayor puntaje). Existen pocos datos del uso de estos puntajes en pediatría. **Objetivos.** Describir el uso del IEA como métrica adicional a los DDT en la vigilancia del consumo de antibióticos en la unidad neonatal de un hospital de alta complejidad. **Materiales y métodos.** Estudio unicéntrico, observacional, retrospectivo. El PROA institucional monitoriza el consumo de los antibióticos midiendo los DDT. Desde febrero de 2022 se inició la medición del IEA con asignación de puntajes a cada antibiótico según lo descrito previamente. Se analizaron dos indicadores: IEA/DDT e IEA/días antibiótico paciente (DAP). Se compararon ambos indicadores con el DDT para determinar correlación positiva o negativa con el DDT. **Resultados.** Entre febrero/2022 y diciembre/2025, el consumo de antibióticos cambió de 234 a 217 DDT/1000 días paciente ($p=ns$). El IEA disminuyó de 56 [40-69] a 41 [28-52] ($p=0,01$). Los antibióticos más usados fueron amikacina (puntaje 6; 45,5%), ampicilina (puntaje 2; 33%), oxacilina (puntaje 1; 12%). El IEA/DAP cambió de 6,1 [5,6-6,8] a 5,8 [4,6-6,5] ($p=0,02$), el IEA/DDT se mantuvo entre 3,8 [4,4-4,3] y 4 [3,8-4,2] ($p=ns$). El DDT se correlacionó débilmente de forma positiva con el IEA/DAP ($r=0,19$; $p < 0,01$). **Conclusiones.** Este estudio indica que la relación de IEA con DAP parece ser mejor que evaluar solo el DDT. Esta relación puede ayudar a medir de forma más completa el uso de antibióticos y buscar estrategias dirigidas a disminuir no solo el consumo sino también el espectro antimicrobiano.

P-187

Ahorros en PROA y PCI secundarios a la implementación de Rapid Enterprise Analytical Link (REAL) en un hospital de Colombia

Pallares-Gutiérrez C, Villegas-Botero M, García-Cano L, Escobar-Arcos J.
Universidad El Bosque; Clínica Imbanaco.
Cali
icako@hotmail.com

Introducción. Transformar los datos del laboratorio de microbiología en decisiones clínicas inmediatas y de impacto es prioritario. La entrega de alertas tempranas sobre patógenos críticos y perfiles de resistencia antimicrobiana reduce el tiempo de respuesta diagnóstica, facilitando tratamientos dirigidos y acciones en control de infecciones rápidos que ahorran costos y mejoran los desenlaces clínicos. Sin embargo, la escasez de personal en el laboratorio de microbiología, manualidad y falta de articulación de la información hacen difícil contar con datos para la toma de decisiones rápidas. **Objetivos.** Evaluar el ahorro en uso de antimicrobianos e insumos para aislamientos en un hospital secundario a la implementación del software REAL. **Materiales y métodos.** Se realizaron adecuaciones en el hardware y software institucional para la instalación del Software REAL de Biomerieux® en el laboratorio de microbiología, determinando parámetros (boxes), rutas de reporte y procedimientos operativos estándar de toma de decisiones con resultados críticos de cultivos en pacientes con sospecha de infección. Usando estadística no paramétrica

se evaluaron diferencias entre los tiempos de cambio de conductas antimicrobianas y de aislamientos según cultivos comparándolos con antes de la implementación de REAL, ahorros en batas, mascarillas, guantes y derechos de habitación por ajuste de aislamientos. Valores de $p < 0,05$ fueron considerados estadísticamente significativos. **Resultados.** Se evaluaron 157 reportes. La frecuencia fue 5 por día (3-9). 21,5% de los reportes microbiológicos informaron resistencias antimicrobianas. Se observaron ahorros en aislamientos en 32 reportes por 2274 USD (batas, guantes, mascarillas quirúrgicas y tarifas diferenciales por aislamiento) y disminución en tiempos de aislamiento -13 horas (+/- 4 horas). Se ajustaron 30% de las conductas antimicrobianas, generando ahorro total de 2500 USD y disminución de -16 horas (+/- 9 horas) en el cambio de conductas. **Conclusiones.** Sistemas de software clínico avanzado para optimización microbiológica y gestión de alertas como REAL mejoran tiempos de respuesta del PROA y PCI ahorrando dinero.

P-188

Implementación de programas de optimización antimicrobiana en instituciones hospitalarias de alto consumo antibiótico en Cali, Colombia, 2023-2025

Muñoz-Lombo J, Oñate-Gutiérrez J, Mosquera-Hernández J, Zuluaga-Aricapa M, Díaz-Rivadeneira L, Díaz-Rivadeneira C, Escobar-Morales G. Hospital Universitario del Valle; Asociación Colombiana de Infectología ACIN Suoccidente; Clínica Imbanaco; Secretaría Distrital de Salud Pública de Santiago de Cali.
Cali
juan.mosquera4@outlook.com

Introducción. La resistencia antimicrobiana exige fortalecer los Programas de Optimización del Uso de Antimicrobianos (PROA), especialmente en países de ingresos medios. Integrar la vigilancia del consumo con la auto-evaluación institucional facilita identificar brechas y priorizar intervenciones. **Objetivos.** Determinar el nivel de implementación del PROA en instituciones con alto consumo de antibióticos de Santiago de Cali, Colombia, durante 2023-2025. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo y longitudinal con fuentes secundarias. Se analizaron registros del evento 354 de Vigilancia de UCI y hospitalización, expresados en DDD/100 camas-día, y autoevaluaciones PROA según la Resolución 2471 de 2022. El alto consumo se definió como un valor superior al percentil 75. Se describió la implementación y se exploraron asociaciones mediante razones de prevalencia e intervalos de confianza del 95%. **Resultados.** En 2025 se identificaron 42 IPS notificadoras; 54,8% reportaron UCI y hospitalización y 45,2% únicamente hospitalización. Predominaron las instituciones privadas en UCI (87,5%) y hospitalización (78,0%). En UCI, meropenem y linezolid presentaron mayor proporción por encima del P75 (30,4% cada uno). En hospitalización destacaron gentamicina, ampicilina/sulbactam y ciprofloxacina (26,2% cada uno). La implementación osciló entre 73%-97% en UCI y 67%-95% en hospitalización, con fortalezas en preimplementación y brechas en educación, ejecución, auditoría y seguimiento. En hospitalización, la ausencia de preautorización con seguimiento se asoció con alto consumo de gentamicina (RP: 10,67; IC95%: 1,46-77,80). El incumplimiento del análisis institucional de resistencia (RP: 3,75; IC95%: 1,28-10,97) y de la evaluación mediante DDD/DOT (RP: 3,35; IC95%: 1,13-9,88) se relacionó con alto consumo de ceftriaxona. En UCI no hubo asociaciones concluyentes. **Conclusiones.** Integrar indicadores de consumo y evaluación PROA permitió identificar patrones de alto consumo y brechas programáticas, orientando intervenciones diferenciadas sin establecer relaciones causales.

Resistencia bacteriana

P-107

Cambios en la composición microbiológica y resistencia centinela en bacteriemias de la red GERMEN, 2016-2025

Gálvis-Ayala J, Robledo-Restrepo C, Robledo-Restrepo J, Realpe T, Luna-López M, Montaña-Céspedes A, Vélez J.
Grupo Germen - LabMédico.
Medellín
investigaciones@labmedico.com

Introducción. La vigilancia microbiológica de bacteriemias suele resumirse mediante antibiogramas acumulados, pero este enfoque puede ocultar cambios simultáneos en la distribución de microorganismos, la carga de re-

sistencia y señales indirectas de calidad de hemocultivos. **Objetivos.** Evaluar tendencias de composición microbiológica, resistencia centinela y frecuencia de microorganismos potencialmente asociados a contaminación en aislamientos de sangre de la Red GERMEN, Medellín y municipios vecinos, 2016-2025. **Materiales y métodos.** Estudio ecológico de serie temporal con aislamientos de sangre reportados a la Red GERMEN. Se estimaron proporciones anuales de microorganismos y resistencia mediante modelos binomiales. La carga resistente se expresó como resistentes por 1.000 aislamientos de sangre y se analizó con modelos de Poisson con offset del total anual. Para mitigar el sesgo por expansión de la red, se realizó análisis de sensibilidad en siete instituciones con participación continua. **Resultados.** Se analizaron 72.014 aislamientos en la red completa y 27.444 en el núcleo estable. En la red completa aumentó la proporción de Enterobacterales de 43,7% a 48,8% (OR anual 1,024; IC95% 1,018-1,029), hallazgo consistente en las siete instituciones (43,2% a 49,6%; OR 1,025; IC95% 1,016-1,034). Los estafilococos coagulasa negativos disminuyeron de 19,5% a 14,4% en la red completa y de 18,8% a 14,6% en el núcleo estable. La resistencia a meropenem en Enterobacterales seleccionados aumentó de 3,0% a 4,3% (OR 1,047; IC95% 1,022-1,072), con incremento de carga de 10,1 a 16,2 por 1.000 aislamientos; en el núcleo estable aumentó de 2,5% a 3,8% (OR 1,062; IC95% 1,019-1,105). También aumentó la resistencia de *Klebsiella pneumoniae* a meropenem/ertapenem y de *Staphylococcus aureus* a oxacilina. **Conclusiones.** La Red GERMEN muestra un cambio robusto en la composición microbiológica, con mayor peso de Enterobacterales y aumento de fenotipos críticos de resistencia, no explicado únicamente por la expansión institucional.

P-108

Beyond resistance: mortality predictors in carbapenemase-producing Enterobacteriaceae bacteraemia among oncology patients

Hoyos-Pulgarín J, Moreno-Gómez G, Fajardo-Torrez K, Paez-Valencia M, Díaz J.
Oncólogos del Occidente.
Pereira
juanhope9@hotmail.com

Introduction. Carbapenemase-producing Enterobacteriaceae (CPE) bacteraemia in oncology patients represents a severe complication, with high mortality and considerable therapeutic challenges. **Objectives.** To identify factors associated with mortality in a cohort of oncology patients with CPE bacteraemia. **Materials and methods.** A univariate analysis will be performed for categorical variables, calculating absolute and relative frequencies. A bivariate analysis will be conducted to identify crude associations between each independent variable and mortality. Crude risk ratios (RR) with 95% confidence intervals will be estimated to quantify the strength of association. A multivariate analysis will be undertaken to determine factors associated with mortality. **Results.** 162 cases of CPE bacteraemia were analysed, mean age of 58.3 years; 58.6% female. The most frequently isolated microorganisms were *Klebsiella pneumoniae* (80.9%) and *E. coli* (6.8%). Co-production of carbapenemases was identified in 15.4% of isolates, with KPC/NDM being the most common combination. Overall mortality was 37%, rising to 47% in cases with enzymatic co-production. Variables associated with mortality in the bivariate analysis included qSOFA ≥ 2 , Pitt bacteraemia score ≥ 4 , admission to intensive care, vasopressor requirement, invasive mechanical ventilation, profound neutropenia, hypoalbuminaemia, intra-abdominal source, and prior invasive procedures. Adequate adjustment of definitive antimicrobial therapy was identified as a protective factor against mortality. In the multivariate analysis, admission to intensive care was associated with a 4.3-fold increased risk of death, referral from another hospital with a 2.2-fold risk, undergoing invasive procedures with a 4-fold risk, profound neutropenia with a 3.37-fold risk, and an intra-abdominal source of bacteraemia with a 3.13-fold increased risk of death. **Conclusions.** The high mortality in this population, is largely determined by the clinical presentation at the time of bacteraemia and by factors such as neutropenia and an intra-abdominal source of infection, both of which are major determinants of increased mortality.

P-109

Redes de co-resistencia y predicción inter-clase en bacteriemias por *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* en adultos de Manizales

Salazar-Ospina J, Aguirre-García L, Mendoza-Zuluaga J, Loaiza-Betancurt S, Hernández-Botero J, Cárdenas-Gálvis J, Gómez-Montes J.
Universidad de Caldas - Gram.
Manizales
juan9508182@gmail.com

Introducción. Las bacteriemias por enterobacterias son causa frecuente de morbilidad y mortalidad hospitalaria, en Manizales *E. coli* y *K. pneumoniae* son los dos gérmenes de mayor frecuencia; el estudio de su co-resistencia es fundamental en la vigilancia epidemiológica para identificar los fenotipos circulares en patógenos de prioridad crítica. **Objetivos.** Describir los patrones de co-resistencia en *E. coli* y *K. pneumoniae* y estimar probabilidades condicionales inter-clase con valor clínico. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, analítico y transversal de una base microbiológica consolidada de instituciones de Manizales, 2019-2025. Se analizaron aislamientos de hemocultivos, evaluando un aislamiento por paciente, se realizó interpretación según CLSI mediante Python en Google-Colab. Se calcularon correlaciones de Kendall, redes de co-resistencia con $Tau \geq 0,20$ y probabilidades condicionales de resistencia antimicrobiana. **Resultados.** Se obtuvieron 2450 aislamientos de *E. coli* y 1869 de *K. pneumoniae*. *E. coli* mostró una co-resistencia centrada en ceftriaxona, aztreonam y cefepime, compatible con β -lactamasas de espectro extendido (BLEE); ciprofloxacino resistente aumentó la probabilidad de resistencia a ceftriaxona en un 55,9%, RR 7,5 (IC95% 6,1–9,4). *K. pneumoniae* presentó una co-resistencia multiclasa, que incluyó cefalosporinas, aztreonam, carbapenémicos, piperacilina/tazobactam, fluoroquinolonas y aminoglicósidos. En esta especie, ciprofloxacino resistente predijo meropenem resistente en 64,7%, RR 7,0 (IC95% 5,8–8,4). **Conclusiones.** *E. coli* conserva patrón compatible con BLEE y resistencia a quinolonas, mientras que *K. pneumoniae* muestra una co-resistencia multiclasa compatible con circulación hospitalaria de complejos multidrogo-resistentes. El estudio de la co-resistencia permite identificar resistencias inter-clase para su vigilancia y determinar los fenotipos susceptibles de priorización para secuenciación genómica. Proyecto financiado por Vicerrectoría de investigación-Universidad de Caldas, código PRY 378.

P-110

Primer reporte de β -lactamasas y evolución de *Helicobacter pylori* de pacientes con alto y bajo riesgo de cáncer gástrico en Nariño, Colombia

Guzmán-Bastidas K, Casas-Cruz H, Hidalgo-Troya A, Pazos-Moncayo A.
Universidad de Nariño.
Pasto
keving346@gmail.com

Introducción. *Helicobacter pylori* es un factor clave en el desarrollo de cáncer gástrico, riesgo modulado por el ancestro genético humano, la dieta y el ambiente. Aunque la amoxicilina es fundamental para su erradicación, la resistencia va en aumento. Las β -lactamasas (*blaTEM* y *blaSHV*) representan una amenaza emergente por su potencial de transferencia horizontal. **Objetivos.** Este estudio evaluó la presencia, evolución y diseminación de estos genes en poblaciones colombianas con riesgos contrastantes de cáncer gástrico. **Materiales y métodos.** Se analizaron 67 aislamientos de *H. pylori* de municipios de alto riesgo (Túquerres, Pasto, La Florida) y bajo riesgo (Tumaco, Barbacoas). Se realizó un tamizaje in silico mediante PCR en genomas completos para detectar *blaTEM* y *blaSHV*. El modelado y acoplamiento molecular de las proteínas se efectuó con AlphaFold y SwissDock. La evolución se analizó mediante MLST y reconstrucción filogenética (Neighbor-Joining, modelo T92+G+I) visualizada en iTOL. **Resultados.** Se reporta por primera vez en Colombia la presencia de genes de β -lactamasas en *H. pylori*. Se detectaron *blaTEM* y *blaSHV* en el 18,75% (9/48) de los aislamientos andinos (alto riesgo), mientras que no se hallaron en la región del Pacífico (bajo riesgo). Estos genes se asociaron con una alta resistencia predicha a la amoxicilina y se agruparon dentro de un linaje diferenciado denominado hspColombia_Andes, sugiriendo un origen evolutivo localizado. **Conclusiones.** El hallazgo demuestra la restricción geográfica de las β -lactamasas en poblaciones andinas de alto riesgo. Su presencia dentro de un linaje filogenético definido enciende las alarmas sobre la rápida expansión de la resistencia a terapias de primera línea y subraya la necesidad de implementar vigilancia molecular y diagnósticos genómicos en el país.

P-111

Análisis de discordancias genotipo-fenotipo de carbapenemasas en el panel neumonía y su vigilancia mediante plataforma FIREWORKS

Josa-Montero D, Pescador A, Trujillo P, López S, Rodríguez S, Silva E, Torres I.
Clínica Shaio.
Bogotá
diego.josa@shaio.org

Introducción. Las pruebas moleculares sindrómicas permiten una identificación rápida de patógenos y genes de resistencia en muestras respiratorias. Sin embargo, su discordancia con la expresión fenotípica plantea retos epide-

miológicos y terapéuticos que exigen una estricta auditoría clínica desde el laboratorio de microbiología. **Objetivos.** Caracterizar la discordancia genotipo-fenotipo en la detección de carbapenemasas en secreciones respiratorias inferiores, comparando PCR multiplex (Panel Neumonía), cultivo y pruebas fenotípicas. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo de vigilancia microbiológica (2024-2025) gestionado con plataforma BIOFIRE® FIREWORKS™. Se evaluaron 104 muestras respiratorias inferiores mediante PCR multiplex (BioFire® Pneumonia Panel bioMérieux), cultivo convencional, agar CARBA (bioMérieux) e inmunocromatografía Carba-5 (NG-Test®). Las discrepancias se clasificaron según viabilidad celular en cultivo, la detección molecular del gen y la dinámica polimicrobiana. **Resultados.** Se incluyeron 94 secreciones orotraqueales, 6 esputos y 4 lavados broncoalveolares. Detección molecular evidenció: *blaKPC* 86,5%, *blaNDM* 37,5%, *blaVIM* 5,8% y *blaOXA-48-like* 4,8%. Coproducción *blaKPC* + *blaNDM*: 31,7% (33/104). El agar CARBA reportó crecimiento en el 53,8% (56/104) y el LFA fue positivo en el 99,0% (103/104). La concordancia genotipo-fenotipo absoluta del 54,8% (57/104). La discordancia global (45,2%) presentó tres patrones principales: cultivo negativo con detección molecular por bacterias no cultivables o ADN libre (19,2%); cultivo positivo con resistencia por microbiota acompañante o posible heteroresistencia (11,5%); y cultivo sensible con genes no expresados (10,6%). La concordancia PCR-LFA fue casi perfecta ($kappa$ de 0,982, sensibilidad 98,8%, especificidad 99,3%). **Conclusiones.** La discordancia genotipo-fenotipo fue significativa, atribuible a fenómenos biológicos in vivo y no a fallas de la plataforma. Esto respalda el valor epidemiológico de la PCR sindrómica como complemento del cultivo para fortalecer la vigilancia y los Programas de Optimización de Antimicrobianos (PROA). El uso de BIOFIRE® FIREWORKS™ es fundamental para monitorizar estas discrepancias en tiempo real y optimizar la gestión de datos microbiológicos.

P-112

Más allá de la resistencia: endocarditis por *Staphylococcus aureus* sensible y resistente a meticilina en una institución de alta complejidad de Cali, 2017-2022

Castro-Restrepo D, Arias-Correal J, Rey-Henao L, Rosso F.
Fundación Valle del Lili; Universidad Icesi.
Cali
david_castro_1999@outlook.com

Introducción. La endocarditis infecciosa por *Staphylococcus aureus* es una entidad de alta complejidad clínica. Las diferencias locales entre aislamientos sensibles y resistentes a meticilina pueden orientar la estratificación de riesgo y el manejo hospitalario. **Objetivos.** Comparar características clínicas, microbiológicas, terapéuticas, complicaciones y desenlaces de endocarditis por *Staphylococcus aureus* sensible a meticilina (SAMS) y resistente a meticilina (SARM). **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo en una institución de alta complejidad de Cali, Valle del Cauca, Colombia, entre 2017 y 2022. Se analizaron 52 casos: 24 por SAMS y 28 por SARM. **Resultados.** La edad media fue $50,6 \pm 21,0$ años. Las comorbilidades más frecuentes fueron hipertensión arterial (69,2%), sobrepeso/obesidad (53,8%), enfermedad renal (40,4%) e inmunosupresión (30,8%). Predominaron fiebre (86,5%), astenia/adinamia (75,0%) y shock séptico al ingreso (46,2%). Se realizó ecocardiograma en todos los pacientes; 67,3% tuvieron endocarditis nativa, 71,2% curso agudo, 98,1% vegetaciones y 57,7% valvulopatía estructural. La valvulopatía previa fue más frecuente en SAMS (33,3% vs. 7,1%; $p=0,031$). SARM mostró mayor estancia hospitalaria y más eventos embólicos globales en términos numéricos, sin significación estadística. La duración antibiótica fue mayor en SARM ($41,2 \pm 14,3$ vs. $31,0 \pm 17,4$ días; $p=0,012$). Las arritmias ocurrieron solo en SAMS (16,7% vs. 0%; $p=0,039$). La cirugía fue similar entre grupos (33,3% vs. 32,1%). El requerimiento de UCI fue alto (80,8%). El estado vital al alta difirió entre grupos ($p=0,042$), con mayor mortalidad en SAMS (37,5% vs. 10,7%). **Conclusiones.** Esta cohorte mostró enfermedad grave, alto uso de UCI y mortalidad relevante. La resistencia a meticilina se asoció principalmente con mayor duración antibiótica, mientras SAMS concentró valvulopatía previa, arritmias y mayor mortalidad no ajustada.

P-113

Factores de riesgo para el desarrollo de infección en pacientes colonizados con carbapenemasas a su ingreso en un hospital de referencia, estudio de cohorte

Benavides I, Pimiento M, Serrato C, Fonseca L, Sánchez L, Nocua-Báez L, Pérez L, Parra M, Cortés J.
Hospital Universitario Nacional; Universidad Nacional de Colombia.
Bogotá
jorge.cortes@hun.edu.co

Introducción. La colonización rectal por microorganismos productores de carbapenemasas se ha asociado con desenlaces adversos, incluyendo un mayor riesgo de infección y mortalidad. **Objetivos.** Determinar factores de riesgo relacionados con la progresión de colonización a infección en pacientes adultos admitidos a un hospital de referencia. **Materiales y métodos.** En una cohorte de pacientes hospitalizados en un hospital de referencia (Hospital Universitario Nacional) con identificación de carbapenemasas a través de la tamización rectal con PCR multiplex (BD Max, Becton Dickinson, EEUU), se establecieron factores de riesgo relacionados con el desarrollo de infecciones asociadas a la atención en salud. Se incluyeron variables clínicas y demográficas, así como algunas variables de la estancia en el Hospital. Se realizaron modelos de regresión logística multivariable para determinar el impacto de la codetección sobre el diagnóstico de IAAS. **Resultados.** Entre octubre de 2023 y agosto de 2024 se seleccionaron 286 pacientes adultos con detección de alguna carbapenemasa a su admisión. La tasa de infecciones fue de 17,8% en esta cohorte. Se identificaron como factores de riesgo la nutrición parenteral en los últimos 3 meses (OR 15, 1,5-365), ingresar al servicio de UCI (OR 4,8, 2-11,8), remisión de UCI (OR 2,9, 1,2-6,6), enfermedad cerebro-vascular (OR 3,2, 1,1-10), uso de antimicrobianos en el sitio de remisión (OR 2,5, 1,2-5,4), puntaje de Charlson (OR 1,2, 1,0 - 1,4). **Conclusiones.** La colonización al ingreso identifica un grupo de muy alto riesgo de infecciones con factores de riesgo que pueden ser modificados de forma limitada y requieren un mayor esfuerzo de control de infecciones y de uso apropiado de antimicrobianos.

P-114

Tamización multifocal rápida de portadores de bacilos Gram negativos productores de carbapenemasas por RT-PCR carba-r en pacientes de unidades de cuidados intensivos

Josa-Montero D, Rodríguez S, Pescador A, Martínez D, Trujillo P, López S, Silva E, Osorio J, Mejorano J, Torres I, Leal R, Benavides M, Montaña D.
Clínica Shaio.
Bogotá
diego.josa@shaio.org

Introducción. La creciente incidencia de infecciones por bacilos Gram negativos (BGN) productores de carbapenemasas exige estrategias de vigilancia activa para prevenir su diseminación. La detección temprana de pacientes colonizados es crucial para el control de infecciones. Actualmente, los ensayos comerciales evalúan solo la colonización rectal, sin incluir otras muestras como secreción orotraqueal (SOT) y la orina. **Objetivos.** Evaluar el rendimiento diagnóstico de RT-PCR Carba-R en la detección de carbapenemasas en pools de muestras (rectales, SOT y orina) en pacientes en Unidades de Cuidado Intensivo (UCI). **Materiales y métodos.** Estudio prospectivo, de pruebas diagnósticas. Se incluyeron 50 pacientes de UCI. Por cada paciente, se recolectaron hisopados rectales, SOT y orina, procesados como pools de muestras mediante RT-PCR Xpert® Carba-R (Cepheid®). Los métodos convencionales de referencia fueron cultivo en agar cromogénico (CHROMID® CARBA-bioMérieux) para orina y SOT, y nefelometría láser (Carbapenemase HB&L-Alifax®) para muestras rectales. Los positivos se confirmaron mediante inmunocromatografía CARBA-5 (NG-Test®). **Resultados.** Se evaluaron 50 pools de muestras. De estas, 36 pacientes estaban colonizados por BGN productores de carbapenemasas y 14 no colonizados. La colonización se distribuyó en: 14 rectal, 11 SOT, 6 orina, 3 rectal/SOT y 2 SOT/orina. Xpert® Carba-R mostró un excelente desempeño diagnóstico con sensibilidad del 97,2%, especificidad 100%, VPP 100%, VPN 93,7% y exactitud global del 98%. La concordancia con los métodos convencionales fue alta ($\kappa = 0,95$; IC 95%: 0,86-1,0). **Conclusiones.** El protocolo multifocal usando pools de muestras mediante RT-PCR Xpert® Carba-R ofrece un excelente rendimiento y alta concordancia con métodos convencionales, optimizando la vigilancia activa de BGN productores de carbapenemasas. Este es el primer estudio a nivel mundial en evaluar una estrategia de muestreo de múltiples sitios utilizando pools de muestras. Esta estrategia multifocal ayudaría a fortalecer la vigilancia activa, facilitando intervenciones rápidas de aislamiento y reduciendo la progresión de colonización a infección.

P-115

Resistencia antimicrobiana en la interfaz humano-animal-ambiente en hatos lecheros de Antioquia: un enfoque de una salud

Ocampo-De Los Ríos A, Vanegas-Múnera J, Caravalló-Guzmán A, Rodríguez-Tamayo E, Cienfuegos-Gallet A, Torres-Lindarte G, Jiménez-Quiceno N.

Línea de Epidemiología Molecular bacteriana, Grupo MICROBA, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia; Escuela de Ciencias de la Salud, Universidad Pontificia Bolivariana; Instituto Colombiano de Medicina Tropical -ICMT, Universidad CES.

Medellín
ana.ocampo@udea.edu.co

Introducción. La resistencia antimicrobiana (RAM) es un desafío global que requiere un abordaje integral desde el enfoque de Una Salud, articulando los ámbitos humano, animal y ambiental. **Objetivos.** Evaluar la diseminación de *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*) y *Escherichia coli* (*E. coli*) resistentes a los antimicrobianos en la interfaz humano-animal-ambiente en dos hatos lecheros de Antioquia. **Materiales y métodos.** Estudio transversal realizado en San Pedro de los Milagros y La Ceja. Se recolectaron 161 muestras: 14 de humanos (trabajadores y convivientes), 128 de bovinos (leche, ubre y recto) y 19 ambientales (agua y pezoneras). La identificación se realizó por Vitek-2 y la caracterización molecular incluyó detección de genes de resistencia, virulencia, *spa* typing, ERIC-PCR y secuenciación de genoma completo (WGS). **Resultados.** Se identificó la presencia de ambos patógenos en las tres dimensiones evaluadas. En humanos, 7/14 aislados fueron positivos para *S. aureus* (incluyendo un SARM (SCCmec-IV-t148/ST72 de un ordeñador) y uno para *E. coli* BLEE+ (de un conviviente). En bovinos, 27 (21%) muestras fueron positivas para *S. aureus* (ubre/leche) y 16 (6,2%) para *E. coli* BLEE+. En el ambiente, se halló *S. aureus* en 2/10 pezoneras y *E. coli* BLEE+ en 5/9 muestras de agua. La tipificación molecular reveló genotipos relacionados en aislados de diferentes fuentes. En *S. aureus*, el Complejo Clonal 1 (CC1) fue predominante; el tipo t2207 (ST1) representó el 47% de los aislados de la Ceja (humanos y bovinos), mientras que el t267 (ST2187) agrupó el 21% en San Pedro. Los complejos CC5 (t010/t002) y CC45 (t065/t050) se detectaron en humanos, animales y ambiente (pezoneras/agua) en San Pedro. En *E. coli* BLEE+, se evidenció relación genética entre diferentes aislados bovinos y entre aislados bovinos, humanos y ambientales pertenecientes a los ST345 y ST155. **Conclusiones.** La circulación de cepas genéticamente relacionadas en la interfaz humano-animal-ambiente evidencia la necesidad de vigilancia epidemiológica integrada bajo el modelo de Una Salud.

P-116

Factores asociados a desenlaces clínicos en infecciones por bacilos GRAM negativos productores de metalobetalactamasas en una cohorte de pacientes en Medellín

Montoya-Castillo M, Zapata-Muriel C, Montoya-Roldán D, Herrera-Ibáñez C, Cardeño-Sánchez J.
Universidad Pontificia Bolivariana; Universidad de Antioquia; Hospital Alma Máter de Antioquia.
Medellín
marimontoya13@gmail.com

Introducción. La resistencia antimicrobiana es un grave problema de salud pública a nivel mundial, siendo la producción de metalobetalactamasas (MBL) un mecanismo de especial preocupación en bacilos Gram negativos (BGN). En Colombia hay pocos estudios que evalúen las características, tratamiento y desenlaces de pacientes con estas infecciones. **Objetivos.** Identificar los factores asociados a mortalidad intrahospitalaria, falla clínica y lesión renal aguda (LRA) en pacientes con infecciones por BGN productores de MBL. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte retrospectiva en un hospital de alta complejidad de Medellín (2021-2025). Se incluyeron adultos con infección por BGN productores de MBL confirmada mediante inmunocromatografía. Se realizaron análisis bivariado y multivariado para cada desenlace. **Resultados.** Se analizaron 85 pacientes, edad media de 58,2 años; el 54,1% fueron hombres. Los microorganismos más frecuentes fueron *Klebsiella pneumoniae* (34,1%) y *Pseudomonas aeruginosa* (32,9%). Los principales tipos de infección fueron osteoarticular (35,3%) y bacteriemia (27,1%). La coproducción de carbapenemasas se observó en 45,9%, predominando KPC+NDM. La mortalidad intrahospitalaria fue del 18,8%, la falla clínica al día 14 del 24,7% y la LRA del 15,3%. En el análisis multivariado, tanto el índice de Charlson como el SOFA se asociaron significativamente a mortalidad y falla clínica, mientras que la ausencia de control del foco triplicó el riesgo de falla clínica (RRa 3,07; IC95% 1,23-7,69; $p < 0,05$). El uso de polimixinas incrementó el riesgo LRA frente a CZA + aztreonam más un tercer antibiótico (RR 7,36; IC95% 1,74-31,14; $p < 0,05$). Esta última combinación mostró menor mortalidad (14,8% vs 23,1%) frente al esquema doble, aunque sin alcanzar significancia estadística. **Conclusiones.** Hay una alta tasa de coproducción de carbapenemasas en nuestro medio. La gravedad

basal del paciente y la falta de control del foco son los principales predictores de falla terapéutica. El uso de polimixinas en los esquemas exige vigilancia estrecha por su elevada nefrotoxicidad.

P-117

Global genomic approach of *Acinetobacter baumannii* complex clinical isolates: virulence factors and carbapenem resistance

Triviño E, Medina V, García A, Arias-Sánchez A, Reyes L, Donado-Godoy P.

Colombian Corporation for Agricultural Research; School of Medicine, Unisabana Center for Translational Science; Universidad de La Sabana; Hospital Universitario Erasmo Meoz.

Cúcuta

felipe_arias4@hotmail.com

Introduction. In Latin America, there are different sequence types (STs), some ST1 and ST2 are geographically. However, in Colombia there is limited knowledge about the epidemiology of *A. baumannii*. **Objectives.** This study aimed to collect information on the epidemiology of *A. baumannii* in hospital environments over a period of two years, placing special emphasis on analyzing, through the use of next generation sequencing (NGS). **Materials and methods.** We conducted a prospective observational study between January 2020 and August 2021, included 17 high-complexity hospitals and one reference clinical laboratory in seven cities in Colombia. Isolates were obtained from hospitalized patients. **Results.** 89 isolates were retained 65 isolates as *A. baumannii*, 19 as *A. nosocomialis*, and five as *A. pittii*. Isolates were distributed across Bogotá (n=40), Medellín (n=15), Barranquilla (n=13), Cali (n=11), Cúcuta (n=7), and Manizales (n=3) For the global comparative dataset, 912 raw read sets were retrieved from the ENA, of which 789 met quality thresholds. Globally, Global Clone 2 (GC2, ST2) was the predominant lineage, accounting for 66.2% of all genomes (n=581/878), with the highest representation in isolates from the USA (n=407) and Poland (n=85). In contrast, no GC2 isolates were identified among the 89 Colombian genomes, and no single sequence type predominated across the full Colombian collection. Among carbapenem-resistant isolates, ST79 was the most frequent clone (39.4%, n=13/33), followed by ST78 (n=6) and ST71 (n=4); notably, ST79 was detected exclusively among CR isolates, with no representation in the carbapenem-susceptible group. Carbapenem-susceptible Colombian isolates showed greater clonal diversity, with no dominant ST identified. **Conclusions.** 1.The population structure is strikingly divergent from the global picture, with complete absence of Global Clone 2 from a nationally distributed collection and dominance of ST79 2.OXA-23 remains the central driver of carbapenem resistance in Colombia, 3. *bla*OXA-90 emerges as a geographically restricted.

P-118

Emergencia y expansión de *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos ST307 en Colombia, 2024-2025

García-Vega A, Camacho L, Camacho-Moreno G, Arias A, Triviño-García E, Medina-Cruz V, Catama-González J, Robledo J, Gálvis J, Sussman O, Neira-Fuentes L, Donado-Godoy P.

Global Health Research Unit on Genomic Surveillance of Antimicrobial Resistance (GHRU); Fundación Hospital Pediátrico de la Misericordia; Universidad Nacional de Colombia; Hospital Universitario Erasmo Meoz; Infectoped Igr; Laboratorio Clínico, Compensar; Prestación Salud; Grupo Germen — Laboratorio Médico de Referencia, Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia (HOMI); Clínica Nueva; Grupo de Investigación en Laboratorio Clínico y Banco de Sangre, Higuera Escalante.

Bogotá

agarcia@agrosavia.co

Introducción. La prevalencia de *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos (CRKP) en infecciones hospitalarias y en UCI, es un problema mayor para el manejo de los pacientes. Se ha reportado un aumento gradual de aislamientos multidrogoresistentes (MDR) y con coproducciones de carbapenemasas, sobre todo en el clon internacional ST307 reportado en Colombia. **Objetivos.** Caracterizar desde el punto de vista epidemiológico y genómico aislamientos resistentes y susceptibles a carbapenémicos de *K. pneumoniae* recuperados de pacientes con bacteremias en instituciones hospitalarias del país. **Materiales y métodos.** Se realizó la recolección de 164 aislamientos de *Klebsiella pneumoniae*, en 8 instituciones. Para cada aislamiento se recolectaron metadatos clínicos y demográficos de los pacientes, se evaluaron los perfi-

les de susceptibilidad a antibióticos y se realizó extracción de ADN, secuenciación de genoma completo (Illumina MiSeq) y análisis bioinformáticos genómicos de resistencia y virulencia. **Resultados.** De los aislamientos recibidos, 136 de los aislamientos cumplieron con los criterios de calidad para la información clínica, de susceptibilidad y secuenciación. De ellos 71 fueron CRKP y 64 susceptibles a carbapenémicos (CSKP). El 84% de CRKP fueron MDR, susceptibles únicamente a amikacina y tigeciclina y el 19% de CSKP fueron MDR tipo BLEE. La frecuencia del clon ST307 fue 45%. El 84% de estos CRKP fueron extremo-drogoresistentes, aislados de pacientes de UCI de la tercera edad y portadores de la coproducción de *bla*KPC3-NDM1 (65%), en estos aislamientos no se detectó ningún marcador de virulencia. **Conclusiones.** Lo anterior consolida al ST307 como un clon exitoso que continúa desafiando el manejo clínico de la resistencia a carbapenémicos, por su restringida ventana de tratamiento, que puede incrementar la probabilidad de mortalidad en pacientes de la tercera edad. Es un llamado para mejorar el diagnóstico rápido de las carbapenemasas, e institucionalizar estrategias derivadas de la epidemiológica genómica.

P-119

Detección de *Escherichia coli* resistente a antimicrobianos en 4 plantas de potabilización (PTAP) y sus fuentes naturales (sistema de abastecimiento: ríos y quebradas) de un municipio de Antioquia

Moreno-Alzate M, Ocampo-De Los Ríos A, Jiménez-Quiceno N, Álvarez-Grajales A, Carmona-Cardona D, Yepes-López W, Toro-Duque S, Rodríguez-Tamayo E.

Línea de Epidemiología Molecular, Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia; Empresas Públicas de La Ceja E.S.P.; Catalan Institute for Water Research (ICRA-CERCA) Girona, Spain.

Medellín

milmoal99@gmail.com

Introducción. La resistencia antimicrobiana (RAM) es una amenaza de salud pública en donde los sistemas acuáticos pueden actuar como reservorios y rutas de diseminación. Bajo el enfoque one-Health, se ha planteado el análisis de *Escherichia coli* resistente en fuentes agua para entender la dispersión de la RAM. **Objetivos.** Determinar la presencia de *Escherichia coli* resistente a antimicrobianos en fuentes naturales y en plantas de potabilización (PTAP) de un municipio de Antioquia. **Materiales y métodos.** En octubre del 2025 se realizó un estudio observacional donde se recolectaron muestras de agua en 22 puntos de 4 PTAP y sus fuentes naturales. Se analizó la calidad fisicoquímica del agua. Así como, la calidad microbiológica, sembrando muestras en m-Coli-Blue24. Se seleccionaron 3 aislado de *E. coli* por punto de muestro y se les realizó: confirmación de especie (gen *uidA*), análisis de susceptibilidad por Kirby-Bauer, caracterización molecular de *bla*SHV, *bla*TEM, *bla*CTX-M e integrón tipo 1 (*int1*) y determinación de la relación genética por ERIC-PCR. **Resultados.** La evaluación de calidad microbiológica y fisicoquímica del agua indico que las muestras cumplieron con los límites permitidos. Además, las PTAP lograron una remoción del 100% de la carga bacteriana. *E. coli* fue detectada en puntos de los sistemas de abastecimiento y afluentes de las PTAP y a partir de allí 43 aislados fueron seleccionados. El análisis de susceptibilidad mostró que el 32% de los aislados eran multidrogoresistentes. La caracterización molecular mostró la presencia del gen *bla*TEM (44,2%) y gen *int1* (51,2%). El análisis de ERIC, mostró una amplia diversidad genética. La presencia de bacterias resistentes fue más evidente en fuentes con mayor actividad antropogénica. **Conclusiones.** El análisis de *Escherichia coli* permitió determinar cómo algunas fuentes de agua con alta influencia de actividades humanas podrían ser fuentes de RAM. Esta metodología podría implementarse para la vigilancia de la RAM y toma de medidas de control.

P-120

Identificación y evaluación de fármacos con potencial inhibidor de las β -lactamasas KPC-2 y OXA-27: una estrategia frente a la resistencia antimicrobiana en *Klebsiella pneumoniae* y *Acinetobacter baumannii*

García-Ariza L, Quiguanás-Guarín E, Gallego-Vera A, Giraldo-García A, Padilla-Sanabria L, Castaño-Osorio J.

Universidad del Quindío.

Armenia

llgarcia@uniquindio.edu.co

Introducción. La resistencia antimicrobiana constituye un importante desafío para la salud pública mundial, lo que impulsa la búsqueda de estrategias prometedoras, como el reposicionamiento de fármacos, para restaurar la

eficacia de los antibióticos existentes. **Objetivos.** Identificar y evaluar fármacos con potencial inhibidor de las β -lactamasas KPC-2 y OXA-27 en *Klebsiella pneumoniae* y *Acinetobacter baumannii*. **Materiales y métodos.** In silico: se realizó tamizaje virtual en TACC con las estructuras en PDB de las β -lactamasas y 9.800 compuestos/fármacos de la base de datos ZINC-in-trials. Los compuestos se seleccionaron por sus propiedades farmacocinéticas/toxicológicas, utilizando ProTox-3.0. In vitro: los candidatos y Meropenem fueron evaluados sobre *Klebsiella pneumoniae* ATCC BAA-1705 y *Acinetobacter baumannii* NCTC 13304 por microdilución en placa y resazurina (200 - 25 μ g/ml). Posteriormente, las bacterias fueron tratadas con mezcla de antibiótico (50 - 6,25 μ g/ml) - compuesto (200 μ g/ml) durante 18h (37°C), y el porcentaje de crecimiento fue determinado. Los ensayos se realizaron por triplicado, y el análisis estadístico se realizó en GraphPad Prism 6 ($p < 0,05$). **Resultados.** Se identificaron 6 candidatos y 4 de ellos (A38, C01, C80 y D27) fueron evaluados sobre las bacterias, sin evidencia de efecto tóxico. Para *Klebsiella pneumoniae*, se encontró crecimiento bacteriano solo a 6,25 μ g/ml del antibiótico (en presencia y ausencia de los compuestos). Para *Acinetobacter baumannii*, Meropenem inhibió el crecimiento bacteriano únicamente a 50 μ g/ml; no obstante, en combinación con el compuesto D27, la inhibición total de crecimiento se presentó a 25 y 12,5 μ g/ml, con diferencias estadísticamente significativas respecto al control, señalando que la presencia del fármaco restauró la acción del antibiótico, disminuyendo 4 veces la MIC de Meropenem. **Conclusiones.** El compuesto D27 (fármaco antihipertensivo) potenció in vitro la actividad de Meropenem sobre *Acinetobacter baumannii* NCTC 13304. Este proyecto (No 1212) fue financiado por la Universidad del Quindío, convocatoria 014 de 2022.

P-121

Bacterioma y resistoma de mosquitos del Caribe colombiano como instrumentos útiles para la vigilancia One Health

Hoyos-López R, Echeverry-De La Hoz D, Alemán-Santos M, Martínez-Bravo C, Mattar S.
Universidad de Córdoba; Universidad de Santander.
Montería
richardhoyos@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. En ecosistemas tropicales, los mosquitos conectan ambientes acuáticos, asentamientos humanos, animales domésticos y fauna silvestre, aportando señales para vigilancia en salud pública y One Health. Los ensamblajes metagenómicos generados para arbovirus también pueden contener información sobre bacterioma, endosimbiontes y resistencia antimicrobiana. **Objetivos.** Evaluar perfiles de bacterioma/endosimbiontes y resistoma desde la perspectiva One Health. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo bioinformático con ensamblajes MEGAHIT de RNA metagenómico de mosquitos colectados en 2023 en Córdoba, Sucre, Bolívar y Magdalena. Se curaron 26 ensamblajes y se priorizaron 17, correspondientes a ocho especies y siete municipios. Los ORFs fueron predichos con Prodigal. El resistoma se evaluó mediante DIAMOND blastp contra CARD, clasificando hits como estrictos, moderados o laxos. El bacterioma/endosimbiontes se exploró con una base dirigida derivada de UniProt, incluyendo *Wolbachia*, *Rickettsia*, *Cardinium*, *Asaia* y otros taxones asociados a mosquitos. Los perfiles se normalizaron como ORFs por 10.000 ORFs predichos. Las principales señales endosimbióticas se evaluaron mediante filogenias de máxima verosimilitud con marcadores DnaK y AtpB/AtpD. **Resultados.** Se detectaron ORFs asociados a endosimbiontes en múltiples especies. La señal tipo *Wolbachia* fue mayor en *Aedes albopictus* de Puerto Libertador, mientras que señales tipo *Rickettsia* y *Cardinium* fueron prevalentes en *Culex nigripalpus*, *Coquillettidia nigricans* y *Culex pannocossa*. Las filogenias confirmaron afinidad con *Wolbachia* y *Rickettsia*, pero sin asignación especie. No se detectaron hits estrictos de resistencia antimicrobiana por CARD; los candidatos moderados y laxos fueron interpretados como señales exploratorias. **Conclusiones.** El uso de ensamblajes metagenómicos de mosquitos permite integrar vigilancia de endosimbiontes y resistoma desde una perspectiva de salud pública y One Health, identificando señales microbianas útiles para priorizar estudios ambientales, vectoriales y antimicrobianos en el Caribe colombiano.

P-122

Primer reporte en Colombia del clado PA7 (reclasificado como *Pseudomonas paraeruginosa*) y circulación de clones de *P. aeruginosa* resistentes a carbapenémicos

Medina-Cruz V, Gálvis-Ayala J, Robledo J, García-Vega A, Okeke I, Aanensen D, Donado-Godoy P.
Grupo Germen - Labmedico, Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (Agrosavia); College of Medicine, Nigeria; University of

Ibadan, Nigeria; Centre for Genomic Pathogen Surveillance, Pandemics Science Institute; University of Oxford; Global Health Research Unit on Genomic Surveillance of Antimicrobial Resistance (GHRU).
Bogotá
medinacruzv@gmail.com

Introducción. *Pseudomonas aeruginosa* es un patógeno humano oportunista que afecta principalmente a pacientes inmunosuprimidos, con fibrosis quística y enfermedad pulmonar obstructiva crónica. Actualmente, *P. aeruginosa* resistente a carbapenémicos se encuentra en nivel de prioridad alto para la OMS. En Colombia, es el tercer microorganismo frecuentemente relacionado con brotes de infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS). **Objetivos.** Describir el perfil de susceptibilidad antimicrobiana y la estructura genómica de aislamientos clínicos de *Pseudomonas aeruginosa*. **Materiales y métodos.** Estudio prospectivo, realizado en 26 hospitales de ocho ciudades de Colombia entre febrero de 2020 y diciembre de 2021. Se obtuvieron 383 aislamientos de pacientes hospitalizados y ambulatorios. La identificación y pruebas de susceptibilidad se determinaron mediante el sistema semiautomatizado Vitek 2 Compact y los resultados se interpretaron según las guías del CLSI. La secuenciación de genoma completo se realizó utilizando la plataforma Illumina HiSeq-X10 en el Wellcome Sanger Institute, Reino Unido. **Resultados.** De los 383 aislamientos de *P. aeruginosa*, la fuente más frecuente fue de origen respiratorio ($n=117$; 30,5%), seguido de orina ($n=90$; 23,5%) y sangre ($n=68$; 17,8%). En el análisis genómico, los secuenciotipos (ST) más prevalentes fueron ST111, ST244 y ST235 ($n=92$). Estos STs se asociaron con resistencia a carbapenémicos y portaron genes *blaVIM-2* y, en menor frecuencia, *blaKPC-2*, *blaKPC-3* y mutaciones en la porina OprD. Asimismo, se identificaron 62 nuevos ST colombianos, de los cuales 28 correspondieron a aislamientos resistentes a carbapenémicos. Finalmente, se identificaron 7 aislamientos pertenecientes al clado PA7, actualmente reclasificados como *P. paraeruginosa*, de los cuales no se tienen reportes previos en el país. **Conclusiones.** Los resultados revelan la presencia en Colombia de clones epidémicos de relevancia internacional (ST111 y ST235) y el primer reporte nacional del clado PA7, lo que resalta la importancia de la vigilancia genómica continua.

P-123

Asociación entre colonización rectal por Enterobacterales multidrogorresistentes e infección invasiva o mortalidad en pacientes con enfermedad hemato-oncológica hospitalizados: revisión sistemática y meta-análisis

Arévalo-Mojica C, Corso-Amado C, Nocua-Báez L.
Fundación Universitaria Sanitas; Pontificia Universidad Javeriana - Cali; Universidad Nacional de Colombia; Hospital Universitario San Ignacio; Clínicas Cafam.
Bogotá
lcnocua@unal.edu.co

Introducción. La colonización rectal por Enterobacterales multidrogorresistentes es frecuente en pacientes hemato-oncológicos, quienes tienen una alta morbilidad y mortalidad. **Objetivos.** Determinar la asociación entre colonización rectal por Enterobacterales multidrogorresistentes y bacteriemia o mortalidad en pacientes con enfermedad hemato-oncológica. **Materiales y métodos.** Se realizó revisión sistemática con metaanálisis siguiendo las guías PRISMA y Cochrane. Se incluyeron estudios observacionales publicados entre 2015 y 2025 en pacientes hemato-oncológicos hospitalizados sometidos a tamizaje rectal para enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) o resistentes a carbapenémicos (CRE). La búsqueda se efectuó en OVID, EMBASE, LILACS y BVS. El riesgo de sesgo se evaluó mediante la escala Newcastle-Ottawa y las estimaciones combinadas se calcularon mediante modelos de efectos aleatorios. **Resultados.** Se incluyeron 20 estudios observacionales con 8.421 pacientes con enfermedad hemato-oncológica hospitalizados; 1.411 presentaron colonización rectal por Enterobacterales multidrogorresistentes. La prevalencia agrupada de colonización fue 22,4% (IC95%: 15,5-31,2). En 19 estudios (7.640 pacientes), la colonización se asoció con mayor riesgo de bacteriemia (OR 5,83; IC95%: 3,41-10,00), con una incidencia de 25,1% en colonizados frente a 5,2% en no colonizados. El riesgo fue más elevado para Enterobacterales resistentes a carbapenémicos (CRE) que para productoras de BLEE (OR 12,91 vs. 1,83). Además, la colonización se asoció con mayor mortalidad (OR 3,63; IC95%: 2,09-6,30), observándose tasas de 15,4% y 5,9%, respectivamente. **Conclusiones.** La colonización rectal por Enterobacterales multidrogorresistentes constituye un importante marcador pronóstico de bacteriemia y mortalidad en pacientes con enfermedad hemato-oncológica, respaldando el uso del tamizaje rectal para la estratificación del riesgo y la optimización de las estrategias terapéuticas y de vigilancia.

P-124

Estandarización de una PCR múltiplex para la detección simultánea de seis genes de betalactamasas en aislamientos clínicos

Hernández-A. P, Rodríguez N, Silva-Monsalve E, Osorio J.
Fundación Clínica Shaio.
Bogotá
paula.hernandez@shaio.org

Introducción. Las bacterias resistentes a betalactámicos (BRB) son un grupo de patógenos de prioridad crítica según la OMS, dada su asociación con alta mortalidad y diseminación de genes de resistencia mediante transferencia plasmídica. La detección rápida y simultánea de genes de betalactamasas representa una necesidad urgente en los laboratorios de microbiología clínica. **Objetivos.** Desarrollar y estandarizar un ensayo de PCR múltiplex (mPCR) para la detección simultánea de los genes de betalactamasas *bla*NDM, *bla*KPC, *bla*OXA, *bla*VIM, *bla*IMP, *bla*PAC. **Materiales y métodos.** Se estandarizó una mPCR usando primers diseñados in-house para el gen PAC (detectan el gen PAC1 y PAC2), complementados con primers previamente descritos en la literatura para los demás genes. Se utilizaron como controles aislamientos con los genes de betalactamasas cuya secuencia fue confirmada previamente mediante secuenciación Sanger. Se evaluó el ADN de aislamientos con y sin genes de betalactamasas, confirmados por pruebas de inmunocromatografía. Adicionalmente, se evaluó el desempeño de esta mPCR sobre colonia directa como alternativa al proceso de extracción de ADN. **Resultados.** Se estableció una PCR multiplex que permite detectar seis genes de resistencia de forma simultánea. La PCR fue probada de forma exitosa en ciego, utilizando cepas aisladas de muestras clínicas que fueron caracterizadas fenotípicamente. La mPCR de colonia directa resultó igualmente efectiva, evitando la necesidad de extracción previa de ADN. **Conclusiones.** La mPCR desarrollada permite la detección simultánea de genes de betalactamasas IMP, VIM, NDM, KPC, OXA-48-like y PAC en una sola reacción, de manera rápida y sin requerir caracterización fenotípica previa. Esta herramienta representa una estrategia valiosa para la vigilancia epidemiológica y el control de la diseminación de las BRB.

P-125

Resistencia antimicrobiana en bacteriemias: BLEE y MRSA endémicos con señal emergente de resistencia a carbapenémicos en Colombia, 2022–2026

Oñate-Gutiérrez J, Cañadas-Aragón C, Vergara-Samur H.
Clínica Colsanitas; Clínica Sebastián de Belalcázar: Unidad de Investigación, Grupo One Health en enfermedades infecciosas, Keralty, Fundación Universitaria Sanitas.
Santiago de Cali
investigacioncsb@colsanitas.com

Introducción. La resistencia antimicrobiana compromete la seguridad del paciente con bacteriemia, en quien la terapia empírica inadecuada puede asociarse con mayor mortalidad. Más allá de estimar prevalencias puntuales, conocer la dirección temporal de la resistencia local permite anticipar fallas terapéuticas, actualizar guías empíricas y priorizar intervenciones del Programa de Optimización de Antimicrobianos (PROA). **Objetivos.** Describir la tendencia temporal entre 2022 y 2026 de tres marcadores centinela de resistencia en aislamientos de hemocultivo: BLEE en enterobacteriales, resistencia a carbapenémicos en enterobacteriales y resistencia a meticilina en *Staphylococcus aureus*. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo de vigilancia microbiológica. A partir de una base multicéntrica de hemocultivos positivos de siete instituciones colombianas, el análisis de tendencia se restringió a la Clínica Sebastián de Belalcázar, único centro con cobertura anual consistente y fenotipado completo durante todo el período. Se aplicó deduplicación por primer aislamiento según paciente, fecha y especie, obteniéndose 1.140 aislamientos. La producción de BLEE se definió por fenotipo confirmado en VITEK® 2. La resistencia a carbapenémicos y meticilina se interpretó según puntos de corte CLSI vigentes. La tendencia anual se evaluó mediante prueba de Cochran-Armitage. **Resultados.** La prevalencia global de BLEE en enterobacteriales fue 23,2%, con oscilaciones anuales entre 20,2% y 28,6%, sin tendencia significativa. La frecuencia global de MRSA fue 46,6%, también estable en una meseta alta. En contraste, la resistencia a carbapenémicos en enterobacteriales fue baja en el agregado del período, 5,6%, pero aumentó en los dos últimos años: 2,5% en 2024, 9,6% en 2025 y 10,0% en 2026, con tendencia ascendente limitrofe. **Conclusiones.** BLEE y MRSA se comportaron como resistencias endémicas establecidas, persistentes y sin evidencia de descenso.

La señal emergente de resistencia a carbapenémicos en 2025–2026, aunque limitrofe, exige vigilancia reforzada, caracterización molecular e intervención temprana del PROA. Estos hallazgos respaldan la estandarización del tamizaje de carbapenemasas y la actualización periódica de guías empíricas locales.

P-189

Caracterización clínica y microbiológica de infecciones por microorganismos productores de carbapenemasas en un centro de referencia del suroccidente colombiano

Rey-Henao L, Castro-Restrepo D, Gómez-Ayala M, Arias-Correal J, Suárez-Avellaneda A, Rosso F.
Universidad Icesi; Fundación Valle del Lili.
Cali
david_castro_1999@outlook.com

Introducción. La resistencia a carbapenémicos es una amenaza creciente que incrementa la morbilidad y limita las opciones terapéuticas, especialmente en unidades de cuidados intensivos (UCI). **Objetivos.** Describir las características clínicas, perfil microbiológico y mortalidad de los pacientes con infecciones por bacilos gram-negativos productores de carbapenemasas en un hospital de alta complejidad. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo en la Fundación Valle del Lili (Cali, Colombia) entre 2023–2025. Se incluyeron pacientes con infección por bacilos gramnegativos productores de carbapenemasas. La producción de carbapenemasas se confirmó mediante una combinación de métodos fenotípicos (Carba NP) y moleculares (RT-PCR), permitiendo la identificación del tipo de mecanismo de resistencia. Se analizaron variables demográficas, microbiológicas, área de atención y mortalidad como desenlace principal. **Resultados.** Se incluyeron 106 pacientes (mediana de edad 55 años; RIC 25 a 67), 50,9% de sexo femenino (n=54). El microorganismo más frecuente fue *Klebsiella pneumoniae* (72,6%), seguido de *Escherichia coli* (12,3%), *Enterobacter cloacae* complex (5,7%) y *Pseudomonas aeruginosa* (3,8%). El 70,8% de los casos correspondió a pacientes en UCI. La prueba Carba NP fue positiva en el 92,5%. Los mecanismos predominantes fueron la coproducción KPC + NDM (39,6%), KPC aislada (38,7%) y la NDM aislada (18,9%). La mortalidad global fue del 23,6%; estratificada por mecanismo, alcanzó el 33,3% en coproducción KPC + NDM y el 25% en NDM aislada, frente al 12,2% en KPC aislada. En los casos fatales, la bacteria más frecuente fue *Klebsiella pneumoniae* (72%), seguida de *Escherichia coli* (16%). **Conclusiones.** Las infecciones por bacterias productoras de carbapenemasas, lideradas por *K. pneumoniae*, afectan predominantemente a pacientes críticos. *Klebsiella pneumoniae* y *Escherichia coli* fueron las bacterias más frecuentes en los casos fatales. Estos resultados refuerzan la necesidad de fortalecer las estrategias de control de infecciones y la optimización terapéutica en UCI, dada la complejidad clínica y las escasas alternativas disponibles para el tratamiento de estas infecciones.

P-190

Factores asociados a mortalidad en pacientes adultos con infección por enterobacterias resistentes a carbapenémicos en un hospital mediana complejidad, 2023–2025

Canchala-Benavides D, Agreda-Estrella L, Pantoja-Ascuntar L, Alfaro-Benavides D, Remolina-Granados S, Morcillo-Muñoz J, Rodríguez-Cañedo G.
Universidad de Nariño; Clínicas Idime.
Pasto
daanielacb3@gmail.com

Introducción. Las enterobacterias resistentes a carbapenémicos (ERC) se asocian con una elevada mortalidad representando un problema de salud pública a nivel mundial. **Objetivos.** Identificar factores asociados a la mortalidad en pacientes adultos con infección por enterobacterias resistentes a carbapenémicos hospitalizados en Unidad de Cuidados Intensivos (UCI). **Materiales y métodos.** Estudio observacional analítico retrospectivo, de corte transversal, realizado en el Hospital Universitario Departamental de Nariño (Pasto, Nariño), período 2023–2025. Se incluyeron pacientes adultos hospitalizados en UCI, con infección por ERC confirmada microbiológicamente por aislamiento de microorganismo perteneciente al orden Enterobacterales y antibiograma para resistencia a carbapenémicos según los criterios del CLSI M100 ED35:2025 (Ertapenem >1 µg/mL y Meropenem >2 µg/mL) y, evaluándose como desenlace principal la mortalidad intrahospitalaria. **Resultados.** Se incluyeron 95 pacientes, predominando hombres (62,1%) y mayores de 60 años. La mortalidad fue del 50,5%. El microorganismo más frecuente fue *Klebsiella* spp.

(81,1%) y las carbapenemasas predominantes fueron KPC (87,4%) y NDM (51,6%), con coproducción en un 46,3%, siendo el principal tipo KPC y NDM (95,5%). Se encontró asociación significativa entre mortalidad y: soporte vasopresor (RP=2,975; IC95%: 1,508–5,868; $p < 0,001$), diálisis (RP=1,811; IC95%: 1,246–2,632; $p=0,003$), ventilación mecánica (RP=1,985; IC95%: 1,074–3,670; $p=0,010$), trombocitopenia, hiperglucemia, acidemia y déficit moderado o severo de base ($p < 0,05$). Una estancia hospitalaria ≥ 30 días se asoció con menor mortalidad (RP=0,365; IC95%: 0,258–0,518; $p < 0,001$). **Conclusiones.** La infección por ERC en pacientes críticos se asoció con una elevada mortalidad, relacionada principalmente con marcadores de mayor gravedad clínica y compromiso orgánico. No se requirió financiación.

P-191

Análisis de resistencia antibiótica en reportes de urocultivo en Armenia, Quindío: un estudio retrospectivo (2022-2025)

Rodas-Ortiz S, Serna-Rivera S, Vargas-Ricaurte M, Mateus-Zuluaga J, Padilla-Sanabria L.
Universidad del Quindío.
Armenia
srodasortiz@gmail.com

Introducción. Las infecciones del tracto urinario (ITU) constituyen una de las principales causas de consulta y hospitalización en la práctica clínica. Simultáneamente, la diseminación de la resistencia bacteriana reduce de forma alarmante las opciones terapéuticas disponibles para su manejo. **Objetivos.** Analizar los microorganismos más prevalentes en urocultivos de un laboratorio de Armenia, Quindío, y caracterizar sus perfiles de resistencia antibiótica. **Materiales y métodos.** Se trata de un estudio descriptivo retrospectivo, el cual toma registros desde enero 2022 a diciembre 2025 sobre antibiogramas. De 4,754 registros iniciales, se excluyeron aquellas muestras diferentes a orina, consolidando una muestra final de 3,540 urocultivos analizados mediante la plataforma Epilinfo. **Resultados.** El sexo femenino representó la mayoría de los registros con 2445 casos (69,07%), frente a 1095 del masculino (30,93%). La media de edad fue de 60,8 años (DE $\pm 24,1$). Los gémenes más comúnmente aislados fueron *Escherichia coli* (69,58%), *Klebsiella pneumoniae* (13,90%) y *Proteus mirabilis* (4,21%). El fenotipo producto de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) destacó en *K. pneumoniae* (26,42%) y *E. coli* (22,27%). *E. coli* exhibió alta resistencia a quinolonas (44,04%) y antifolatos (47,03%), mientras *K. pneumoniae* demostró una preocupante resistencia a carbapenémicos (ertapenem 15,07%, meropenem 12,40%). Ambos géneros evidenciaron una elevada frecuencia de multidrogorresistencia, alcanzando un 49,19% para *K. pneumoniae* y 47,79% para *E. coli*. **Conclusiones.** La resistencia antibiótica local es críticamente alta, evidenciando una alarmante propagación de bacterias multidrogorresistentes y productoras de BLEE. Estos hallazgos obligan al personal clínico a ajustar la terapéutica según la epidemiología regional vigente.

Vacunación

P-126

Percepción y conocimiento de vacunación en pacientes oncológicos y sus cuidadores en un hospital de Bogotá

Patiño J, Reyes M, Carvajal A, Buitrago-Bahamon C, Alba M, Luengas L, Aya A, Prada A, López M.
Fundación CTIC.
Bogotá
mjlopezun@hotmail.com

Introducción. La protección contra enfermedades inmunoprevenibles es esencial en el paciente oncológico; sin embargo, las coberturas de vacunación continúan siendo subóptimas en esta población. **Objetivos.** Evaluar el conocimiento, la percepción de importancia y la disposición hacia la vacunación en pacientes oncológicos y sus cuidadores. **Materiales y métodos.** Estudio transversal realizado en febrero de 2025 en un hospital oncológico de Bogotá. Se aplicó una encuesta estructurada a pacientes y cuidadores. **Resultados.** En total 101 participantes completaron el instrumento. El 96% reportó haber recibido al menos una vacuna en los últimos 5 años, principalmente COVID-19 (96%) e influenza (37,62%). Las coberturas de otras vacunas fueron $< 10\%$. En el último año, el 16,8% recibió prescripción de vacunación a través de campañas (52,9%), infectología (5,89%) y medicina general (5,89%), de los cuales el 94,12% se aplicó la vacuna. El 55,45% recibió información, principalmente del

médico tratante (71,43%) e internet (21,43%). El 92,1% consideró las vacunas como beneficiosas; no obstante, persistían creencias negativas: 35,64% consideró que son dolorosas, 23,7% dañinas y 54,45% las asoció a efectos adversos. El 77,23% manifestó disposición a vacunarse; la indecisión se relacionó con dudas (21,74%), miedo (17,39%), negación no sustentada (26,09%) e irrelevancia percibida (21,74%). Dos participantes expresaron desacuerdo. El puntaje medio de conocimiento fue 38,2/100 (IRQ 27,8–50), con desconocimiento sobre utilidad (8,91%), contraindicaciones en inmunocomprometidos (81,19%) y esquemas requeridos (73,27%). Un mayor conocimiento ($p < 0,001$) y la vacunación anual contra influenza ($p=0,006$) se asociaron con mayor disposición para vacunarse. **Conclusiones.** Las tasas de inmunización entre paciente oncológicos y sus cuidadores fueron altas para COVID-19, en contraste con otras vacunas. Existe una brecha entre la percepción del beneficio de la vacunación y la disposición a vacunarse. El fortalecimiento de la educación y la recomendación médica podría mejorar las tasas de vacunación en esta población.

P-127

Conocimientos, actitudes y prácticas sobre dengue y vacunación contra el dengue entre profesionales de la salud en Colombia: resultados de una encuesta CAP

López-Medina E, Medinaceli-Medina A, Hernández L, García J, Mariño-Drews A, Bernal-Sánchez M.
Centro de Estudios en Infectología Pediátrica; Asuntos Médicos; Takeda; Observatorio de Epidemiología y Salud Pública José Félix Patiño, Universidad de los Andes; Hospital Militar Central.
Bogotá
mauricio.bernal@takeda.com

Introducción. El aumento reciente del dengue y la disponibilidad de vacunas requieren caracterizar los conocimientos, actitudes y prácticas (CAP) de médicos sobre dengue y su vacunación. **Objetivos.** Evaluar los CAP de médicos en Colombia sobre dengue y su vacunación, y medir su disposición a recomendar la vacunación contra dengue y a promoverla entre colegas. **Materiales y métodos.** Subanálisis descriptivo del componente colombiano de encuesta global aplicada del 11 de septiembre al 29 de octubre de 2024, (>3 meses de disponibilidad de TAK-003). Se calcularon puntajes compuestos estandarizados (0–100) por dominios/subdominios CAP y se resumieron con mediana y rango intercuartílico Q1-Q3 (RIC). La disposición a recomendar y promover la vacunación se midió con la escala Juster (0 = extremadamente reacio; 10 = extremadamente dispuesto). **Resultados.** Participaron 90 médicos (medicina general/familiar, $n=40$; pediatría, $n=50$). Las medianas por dominio evidenciaron conocimientos moderados y actitudes/prácticas más altas (Conocimientos: 60,4; RIC: 53,8–74,2; Actitudes: 74,9; RIC: 69,5–78,4; Prácticas: 74,4; RIC: 66,8–82,5). En Conocimientos, los puntajes fueron altos para vacunas contra dengue y su uso (80,8; RIC: 60,4–90,0), pero bajos para percepción de efectividad de métodos de control vectorial (33,3; RIC: 11,1–63,9). En Actitudes, se observó alta urgencia por proteger contra dengue (90,6; RIC: 80,5–95,0) y moderada facilidad para recomendar su vacunación (61,7; RIC: 51,4–74,2). En Prácticas, hubo puntajes altos para iniciar conversaciones de vacunación con pacientes (75,6; RIC: 67,2–84,4) y para acceder a información/discutir dengue con colegas (70,8; RIC: 58,3–91,7); la disposición a recomendar y promover la vacunación fue “extremadamente dispuesto” (mediana 10,00; RIC: 9–10 en ambas). **Conclusiones.** Se evidenciaron actitudes y prácticas favorables, pero brechas en conocimiento sobre efectividad de medidas de control vectorial y facilidad para recomendar vacunación contra dengue. La alta disposición a recomendar y promover la vacunación contra dengue representa una oportunidad para intervenciones que fortalezcan la orientación clínica y potencien su prevención en Colombia.

P-128

Estrategias asociadas a altas coberturas de vacunación materna: contraste entre ciudades de alta, media y baja cobertura desde la perspectiva de gestantes y personal de salud

Sierra-García A, Valderrama-Orbegoza L, Ramírez-Lasprilla L, Arce-Leonel D, Herrán-Murillo Y, Tesfamariam-Ortega M.
Centro de Estudios en Infectología Pediátrica.
Calí
alexandra.sierra@ceiponline.org

Introducción. La reticencia vacunal es una amenaza prioritaria para la salud global. En el embarazo, la inmunización previene desenlaces graves en la madre y el recién nacido, pero la cobertura varía marcadamente entre te-

ritorios. Identificar qué estrategias sostienen las altas coberturas, y cuáles no se replican en las zonas rezagadas, es clave para cerrar esa brecha. **Objetivos.** Describir y contrastar las estrategias, desde la perspectiva de gestantes y del personal de salud que las atiende, asociadas a altas coberturas de vacunación materna en ocho ciudades de Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio mixto convergente (2025-2026) en ocho ciudades clasificadas por cobertura (corte 30/10/2024, PAI): alta (San Andrés 80,95%, Bogotá 80,90%, Tunja 80,40%, Florencia 76,94%), media (Cartagena 63,25%) y baja (Buenaventura 47,60%, Riohacha 47,00%, Puerto Carreño 34,05%). Se incluyeron gestantes colombianas (≥ 14 años, $\geq$ semana 12) y personal que atiende gestantes en instituciones públicas o privadas, previo consentimiento informado. Se aplicó un cuestionario a 3.042 personas (1.570 gestantes, edad media 27,0 años, DE 6,1; 1.472 profesionales) para medir conocimientos, actitudes y prácticas con análisis descriptivo y bivariado (χ^2 , V de Cramer); los grupos focales identificaron por codificación temática las estrategias que explican estas coberturas. **Resultados.** Las gestantes reportaron adherencia al esquema (91,2%), pero baja búsqueda activa de información (52,6%) y escasa discusión con el médico (58,7%). El personal refirió consejería en influenza (80,0%), tos ferina (71,3%) y covid-19 (74,1%), y la formación reciente predijo la práctica (V 0,422). En las ciudades de alta cobertura predominaron la vacunación integrada al control prenatal, el aprovechamiento de cada contacto, el seguimiento digital y la familia; en las de baja cobertura persisten la fragmentación de la atención, la baja capacitación, información deficiente y la escasa consideración de las dificultades sociodemográficas. **Conclusiones.** Las altas coberturas se asocian a estrategias de proximidad, integración de servicios y mediación sociocultural, transferibles a territorios rezagados.

P-129

Pacientes oncológicos con enfermedad neumocócica invasiva: estudio retrospectivo de la base de datos de vigilancia del instituto nacional de salud, Colombia, 2005–2023

Meneses J, Duarte C, Moreno J, Sanabria O, Bautista A, Camacho-Moreno G, Gómez G, De La Hoz F.
Universidad Nacional de Colombia; Instituto Nacional de Salud; Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia (HOMI).
Bogotá
jamenesesr@unal.edu.co

Introducción. Los pacientes oncológicos tienen un riesgo de enfermedad neumocócica invasiva (ENI) hasta 40 veces mayor que la población general, pero su caracterización epidemiológica, vacunológica y de resistencia antimicrobiana sigue siendo limitada en América Latina. **Objetivos.** Caracterizar la distribución de serotipos, la cobertura vacunal teórica y los patrones de resistencia antimicrobiana en pacientes oncológicos colombianos con ENI confirmada (2005–2023). **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo de pacientes oncológicos con ENI confirmada, registrados en la base de vigilancia nacional pasiva del Instituto Nacional de Salud de Colombia (enero 2005–diciembre 2023). Se analizaron la distribución de serotipos, la cobertura teórica de 14 formulaciones vacunales y los perfiles de susceptibilidad antimicrobiana mediante métodos de Clopper–Pearson, regresión lineal, tau de Kendall y prueba exacta de Fisher. La multirresistencia (MDR) se definió según Magiorakos et al. (2012). **Resultados.** 174 aislamientos, 172 (98,9%) fueron serotipificables. El serotipo 19A fue el más frecuente (25,6%; IC95%: 19,2–32,8%), ausente antes de 2013 y más común en pediátricos (40,0% vs. 25,0%; $p=0,05$). Entre 2013–2023, el 48,4% de los aislamientos correspondió a serotipos no incluidos en PCV13, con tendencia ascendente significativa del 6C (+1,74 puntos/año; $p=0,027$). La cobertura de PCV10 fue 15,1%, con caída significativa de 54,5% a 12,4% entre periodos ($p=0,002$). La PCV31 mostró la mayor cobertura teórica (83,7%; IC95%: 77,3–88,9%), seguida de PCV21-V116 (69,8%). El 26,1% de los aislamientos (2013–2023) cumplió criterios de MDR (IC95%: 19,5–33,6%); el serotipo 19A fue el principal determinante, con 60,5% de resistencia simultánea a eritromicina, trimetoprim-sulfametoxazol y tetraciclina, frente a 3,4% en otros serotipos (OR 41,56; IC95%: 12,41–184,29; $p<0,001$). Vancomicina y levofloxacina mantuvieron actividad universal. **Conclusiones.** Existe una creciente brecha de cobertura serotípica en pacientes oncológicos, lo que sugiere la necesidad de vacunas conjugadas de mayor valencia y protocolos específicos para fortalecer la vigilancia epidemiológica y la investigación clínica en esta población.

P-130

Efectividad y seguridad de la vacunación Antineumocócica: revisión sistemática de revisiones sistemáticas (Umbrella Review)

Barrios-Mercado M, Moreno-López C, Sanmartín-Durango D, Alzate-Ángel J, Palacios-Romana L, Restrepo-Zea J.
Universidad de Antioquia.
Bogotá
marialebarriosm1@gmail.com

Introducción. La vacunación con vacunas neumocócicas conjugadas (PCV) y polisacárida 23-valente (PPSV23) es clave para prevenir enfermedad neumocócica por *Streptococcus pneumoniae*; las formulaciones de mayor valencia requieren evaluación para decisiones en Colombia. **Objetivos.** Sintetizar la evidencia sobre efectividad y seguridad de las vacunas contra *S. pneumoniae* por grupos etarios y poblaciones de riesgo. **Materiales y métodos.** Se realizó una revisión sistemática según estándares Cochrane para overviews y revisiones rápidas. La pregunta se estructuró mediante PICOT, con enfermedad neumocócica invasiva (ENI) y mortalidad como desenlaces primarios. Se buscó en MEDLINE, Embase, CENTRAL, CRD, DARE, LILACS, INAHTA y RedETS/BRISA hasta el 26 de noviembre de 2025, con literatura gris y bola de nieve. Dos revisores tamizaron, extrajeron datos y evaluaron calidad metodológica con AMSTAR-2. Los desenlaces fueron priorizados mediante GRADE. **Resultados.** De 8.753 referencias, se incluyeron 20 revisiones sistemáticas publicadas entre 2010 y 2025. La confianza AMSTAR-2 fue alta en 3, moderada en 2, baja en 3 y críticamente baja en 12. La efectividad clínica se concentró en PCV13 y PPSV23. PCV13 redujo la ENI, con efectividad de 56,8–96% en niños y 75% en adultos (IC95% 41–91%); PPSV23 mostró efectividad de 45% (IC95% 37–51%). No se observaron diferencias significativas en mortalidad. La seguridad fue favorable, con eventos adversos mayoritariamente leves y eventos graves comparables. PCV15 y PCV20 demostraron inmunogenicidad no inferior a PCV13 para la mayoría de serotipos compartidos. PCV21 cumplió no inferioridad para serotipos compartidos y superioridad inmunológica para serotipos únicos. No se identificó efectividad clínica directa para PCV20 ni PCV21. **Conclusiones.** PCV13 y PPSV23 cuentan con evidencia de efectividad y seguridad favorable frente a ENI. Las vacunas de mayor valencia ofrecen mayor cobertura y respuestas inmunogénicas comparables o superiores, pero la ausencia de evidencia clínica directa para PCV20 y PCV21 limita la certeza sobre su impacto poblacional.

P-131

El costo invisible del VSR: la carga social oculta en entornos de recursos limitados

Gutiérrez I, Arias-Sánchez A, Londoño J, Rojas-Hernández J.
Clínica Santa María del Lago; Hospital Universitario Erasmo Meoz;
Hospital Universitario del Valle.
Cúcuta
felipe_arias4@hotmail.com

Introducción. El virus sincitial respiratorio (VSR) causa más de 100 000 muertes infantiles al año, con el 97% en países de ingresos bajos y medianos (PIBM). Aunque los anticuerpos monoclonales y las vacunas maternas ofrecen herramientas preventivas transformadoras, las decisiones de política en Latinoamérica y el Caribe (LAC) se basan en análisis de costo-efectividad que solo contemplan el gasto sanitario directo, omitiendo la mayor parte del costo real de la enfermedad. **Objetivos.** Argumentar la inclusión sistemática de la perspectiva social en las evaluaciones de tecnologías sanitarias del VSR en LAC, para reorientar la política de inmunización y avanzar en la equidad vacunal. **Materiales y métodos.** Análisis tipo revisión narrativa que integra evidencia epidemiológica, económica, psicosocial y de sistemas de salud, apoyado en datos de la VIRAL Network LATAM y en estudios internacionales (BRICE, SENTINEL1, ResQ Family), contrastados con el contexto regional de alta informalidad laboral. **Resultados.** Los costos indirectos no medidos superan ampliamente a los directos: 61% de cuidadores pierden trabajo durante la hospitalización; hasta 42% de las familias desarrollan estrés postraumático tras cuidados intensivos; los hermanos pierden días escolares y las comidas asociadas a programas de alimentación. La mitad de las muertes nunca llega al hospital. Cuando se incorpora la perspectiva social, las conclusiones de costo-efectividad cambian drásticamente. En LAC, donde el 53% de los trabajadores es informal y carece de licencias remuneradas, estos costos se amplifican. No existe ningún estudio regional que cuantifique la carga psicológica, financiera ni longitudinal del VSR. **Conclusiones.** La carga del VSR es invisible no porque no exista, sino porque no se ha medido. Medirla con perspectiva social fortalecería de manera contundente la justificación para sostener y expandir los programas de inmunización.

P-132

Serotipos en la enfermedad neumocócica invasora en Colombia en pediatría Durante el cambio en la vacunación masiva de PCV10 (2017 – 2021) a PCV13 (2022 – 2025)

Patiño-Niño J, Restrepo-Cedeño A, Leal A, Camacho-Moreno G, Moreno V, Vásquez P, Gutiérrez I, Londoño J, Beltrán S, Mariño C, Álvarez-Olmos M, Espinosa F, Mejía L, Arango-Ferreira C, Trujillo M, Díaz A, Suárez M, López-Medina E, López P, Coronell W, Pinzón H, Chaucanez Y, Mendoza L, Romero A, Toro J, Sosa L, Guerrero M, Arias A, Ramos N, Barrero R, López J, Soto-Aparicio M.

Fundación Valle del Lili; Red Neumocolombia; Universidad Nacional de Colombia; Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia (HOMI); Hospital San José; Clínica Santa María del Lago; Clínica Infantil Colsubsidio; Clínica Universitaria Colsanitas - Clínica Pediátrica; Hospital Militar Central; Fundación Cardioinfantil - Instituto de Cardiología; Fundación Clínica Infantil Club Noel; Hospital Universitario San Vicente Fundación; Hospital Pablo Tobón Uribe; Hospital General de Medellín; Unidad de Servicios de Salud Tunal; Hospital Universitario San Ignacio; Centro Médico Imbanaco; Hospital Universitario del Valle; Hospital Infantil Napoleón Franco Parejo; Hospital Infantil Los Ángeles de Pasto; Grupo Clínica Médicos Valledupar; Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo; Clínica Medilaser; Clínica San Luis de Bucaramanga; Hospital Universitario Erasmo Meoz; Clínica Medical Duarte; COBOS Medical Center; Unidad de Servicios de Salud Santa Clara; Fundación Santa Fe de Bogotá.

Cali

mariajosesotoaparicio@gmail.com

Introducción. En Colombia, la vacunación masiva con PCV10 en menores de 2 años inició en 2012 y fue reemplazada por PCV13 en julio de 2022. **Objetivos.** Determinar la tendencia de los serotipos de enfermedad neumocócica invasora (ENI) y su impacto clínico en la población pediátrica, comparando los periodos 2017–2021 (PCV10) y 2022–2025 (PCV13). **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de corte transversal, anidado a una cohorte prospectiva multicéntrica, realizado entre 2017 y 2025. Se compararon las características clínicas y microbiológicas de los casos y las tendencias de los serotipos entre ambos periodos. **Resultados.** Se incluyeron 867 pacientes pediátricos; 481 (55,5%) fueron de sexo masculino. La mediana de edad fue de 31 meses (Q1-Q3: 13–56) y 674 (77,7%) eran menores de 5 años. La información de vacunación se obtuvo en 603 casos (69,5%), de los cuales 556 (92,2%) habían recibido al menos una dosis, principalmente de PCV10; 393 (45,3%) recibieron tres dosis. El diagnóstico más frecuente fue neumonía (563; 64,9%). Las comorbilidades más comunes fueron neoplasias (7,2%) e inmunodeficiencias primarias (4,5%). La serotipificación se obtuvo en 258/478 (53,9%) casos durante 2017–2021 y en 173/389 (44,5%) durante 2022–2025. Los serotipos más frecuentes fueron 19A, 6C, 3, 6A y 14. El serotipo 19A fue el más común en todas las edades, periodos y diagnósticos. El serotipo 3 se aisló predominantemente en neumonía. La letalidad disminuyó de 12,5% (14,9% en menores de 2 años) a 8,2% (10,3% en menores de 2 años). **Conclusiones.** Tras la introducción de PCV10 en Colombia se observó una disminución de casos y un reemplazo por serotipos no incluidos en esta vacuna (19A, 6C, 6A y 3), tendencia que persiste tras el cambio a PCV13. Aunque disminuyeron los casos totales y serotipificados, hasta el momento no se evidencia emergencia de serotipos no cubiertos por PCV13.

VIH

P-133

Viremia de bajo nivel y pérdida posterior del control virológico en personas con VIH en Colombia, 2024–2025

Infante-González J, Pineda-Lozano J, Moreno L, Herrera-Parra L, Valbuena A, Acuña L.
Cuenta de Alto Costo.
Bogotá
jinfante@cuentadealtocosto.org

Introducción. La viremia de bajo nivel representa una situación intermedia entre supresión viral completa y falla virológica establecida. La persistencia de cargas virales detectables entre 51 y 200 copias/mL podrían representar replicación viral residual; sin embargo, su impacto sobre la pérdida posterior del control virológico requiere mayor evidencia local. **Objetivos.** Evaluar la

asociación entre la viremia de bajo nivel y la pérdida del control virológico en personas con VIH en Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio nacional de cohorte retrospectiva que incluyó las PVV reportadas a la Cuenta de Alto Costo en Colombia durante los periodos 2024 y 2025. Se incluyeron personas con reporte de carga viral en ambos periodos, uso de terapia antirretroviral por más de 6 meses durante 2024 y supresión viral o viremia de bajo nivel en ese mismo año. La exposición se definió como la presencia de viremia de bajo nivel en 2024 (carga viral entre 51 y 199 copias/mL). El desenlace fue la pérdida del control virológico (carga viral ≥ 200 copias/mL). Se estimó el OR mediante regresión logística ajustada por sexo, edad, régimen de afiliación, cambio de EPS, cambio de IPS, población clave, dispensación de TAR en 2024, CD4 al diagnóstico, carga viral al diagnóstico y tiempo desde el diagnóstico. **Resultados.** Se incluyeron 55.595 PVV. La viremia de bajo nivel en 2024 se asoció con mayor probabilidad de pérdida del control virológico en 2025, frente a la supresión viral. En el modelo ajustado, el OR de pérdida de control virológico fue 3,72 veces mayor en el grupo con viremia de bajo nivel frente al grupo con supresión viral (ORa: 3,72; IC95%: 3,27–4,23). **Conclusiones.** La presencia de viremia de bajo nivel se asoció con la pérdida posterior del control virológico, sugiriendo utilidad como señal temprana para intensificar el seguimiento clínico y el manejo apropiado en personas con VIH.

P-134

Diagnóstico rápido de infecciones oportunistas en personas con VIH hospitalizadas: características clínicas, sociodemográficas y oportunidad terapéutica

Mosquera-Hernández J, Montero-Riascos L, Guerra-Villafañe A, Giron-Ruiz E, Silva-Gutiérrez J, Llanten-Méndez D.
Secretaría Distrital de Salud Pública de Santiago de Cali; Universidad Nacional de Colombia; Universidad Icesi.
Cali
juan.mosquera4@outlook.com

Introducción. Las infecciones oportunistas continúan siendo una causa importante de morbilidad en personas que viven con VIH, especialmente en quienes presentan inmunosupresión avanzada, baja adherencia al tratamiento antirretroviral y acceso limitado a métodos diagnósticos oportunos. Las pruebas rápidas pueden facilitar la identificación temprana de tuberculosis, histoplasmosis y criptococosis y favorecer el inicio oportuno del tratamiento. **Objetivos.** Caracterizar clínica y sociodemográficamente a pacientes con VIH atendidos en urgencias a quienes se realizaron pruebas rápidas para infecciones oportunistas, y describir su positividad, oportunidad terapéutica y desenlaces hospitalarios. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo y retrospectivo realizado entre enero de 2023 y diciembre de 2024. Se incluyeron adultos con VIH conocido o de novo, sintomáticos o con CD4+ < 350 células/ μ L, sometidos a antígeno LAM urinario, pruebas moleculares para *Mycobacterium tuberculosis*, antígeno urinario de *Histoplasma* y CrAg en suero o líquido cefalorraquídeo. Se analizaron variables sociodemográficas, clínicas, inmunológicas, terapéuticas y desenlaces. **Resultados.** De 118 pacientes identificados, 57 cumplieron criterios. La edad media fue 40 años; 68,4% eran hombres, 70,2% residían en zona urbana y 84,2% pertenecían al régimen subsidiado. El 36,8% presentó alguna infección oportunista: tuberculosis 21,1%, histoplasmosis diseminada 10,5% y coinfección tuberculosis-histoplasmosis 5,2%; no se detectó criptococosis. El 54,4% tenía CD4+ < 100 células/ μ L y 80,7% no era adherente al tratamiento antirretroviral. El LAM urinario fue positivo en 40% de quienes lo recibieron y permitió iniciar tratamiento antituberculoso en una mediana de 1 día, frente a 6 días con PCR respiratoria sola. La mortalidad global fue 24,6% y 42,1% presentó estancia hospitalaria mayor de 30 días. **Conclusiones.** Las infecciones oportunistas fueron frecuentes en pacientes con VIH avanzado y baja adherencia. El LAM urinario mostró utilidad para acelerar el tratamiento antituberculoso. Se requiere fortalecer el diagnóstico rápido, la vinculación al cuidado y la adherencia terapéutica.

P-135

Brechas de conocimiento sobre VIH en comunidades pastoriles del norte de Kenia: experiencia de una misión médica humanitaria

Cardona-Pérez M, Ochoa-Cuervo M, Calle-Cano M, Fernández-Palacio D, Aguirre-Valencia I, Ruiz-Loaiza Y, Ortiz-Piedrahita D, Vargas-Franco L, Gómez-Ríos M, Hernández-Sarmiento J.
Universidad Pontificia Bolivariana; Fundación Universitaria San Martín.
Medellín
josem.hernandez@upb.edu.co

Introducción. El VIH continúa siendo un importante problema de salud pública mundial, con una carga desproporcionada en África subsahariana. En áreas rurales de Kenia, factores geográficos, educativos y socioculturales pueden influir en el acceso a la información, la prevención y la atención relacionada con el VIH. Conocer las percepciones comunitarias resulta fundamental para orientar intervenciones educativas culturalmente pertinentes. **Objetivos.** Describir los conocimientos, percepciones y actitudes frente al VIH en adultos atendidos durante una misión médica humanitaria en comunidades rurales del territorio Samburu, Kenia. **Materiales y métodos.** Estudio transversal descriptivo realizado en diciembre de 2025 en el condado de Samburu, Kenia. Se incluyeron adultos mayores de 18 años que asistieron a la Misión Médica. Se aplicó una encuesta estructurada con preguntas abiertas y cerradas orientadas a evaluar conocimientos generales sobre el VIH, percepción de su origen, posibilidades de prevención y creencias relacionadas con su curación. Los resultados se analizaron mediante estadística descriptiva. **Resultados.** Se encuestaron 60 adultos residentes en comunidades rurales del territorio Samburu. Aunque el 85% manifestó haber escuchado previamente sobre el VIH, se identificaron importantes vacíos de conocimiento. Solo el 55% reconoció que la infección no tiene cura y únicamente el 41,7% reportó conocer medidas de prevención. Respecto al origen de la enfermedad, el 54,2% la atribuyó a causas humanas, mientras que el 37,5% la relacionó con fenómenos naturales y el 8,3% con explicaciones religiosas. **Conclusiones.** Se identificaron importantes brechas de conocimiento y percepciones heterogéneas sobre el VIH en las comunidades estudiadas. Estas condiciones pueden constituir barreras para la prevención, el diagnóstico oportuno y la adherencia al tratamiento. Los hallazgos respaldan la necesidad de fortalecer estrategias educativas comunitarias y culturalmente adaptadas para mejorar el conocimiento sobre el VIH y contribuir a la reducción del estigma asociado a la infección.

P-136

Ausencia de señales de reactivación de hepatitis B durante 96 semanas en personas con VIH e infección resuelta tratadas con dolutegravir/lamivudina

Zapata-Marín A, Mueses-Marín H, Oñate-Gutiérrez J, Galindo-Orrego X.
Corporación de Lucha Contra El Sida.
Cali
andresfzm@gmail.com

Introducción. La terapia dual con dolutegravir/lamivudina constituye una estrategia efectiva de simplificación terapéutica en personas con VIH (PV). Sin embargo, la suspensión de tenofovir elimina la actividad frente al virus de hepatitis B (VHB) y recientemente se han reportado casos de reactivación en PV con antecedente de infección por VHB. La información sobre la seguridad de esta estrategia en PV con infección resuelta por VHB es limitada en Latinoamérica. **Objetivos.** Describir las características clínicas y serológicas de PV e infección resuelta por VHB tratadas con dolutegravir/lamivudina y evaluar su evolución bioquímica hepática durante 96 semanas de seguimiento. **Materiales y métodos.** Sub-análisis retrospectivo de la cohorte de PV adultas tratadas con dolutegravir/lamivudina de la Corporación de Lucha contra el Sida. Se incluyeron PV con anti-HBc reactivo y HBsAg negativo al inicio o cambio a terapia dual. Se describieron variables demográficas, perfil serológico para VHB y comportamiento de AST y ALT hasta la semana 96. **Resultados.** De 305 PV tratadas con dolutegravir/lamivudina, 24 (7,9%) presentaban antecedente de infección resuelta por VHB, de estos el 62,5% fueron hombres cisgénero, el 58,3% HSH y la mediana de edad fue de 55 años. Todos presentaron HBsAg negativo, anti-HBc reactivo y títulos protectores de anti-HBs >10 mUI/mL; el 71% tenían títulos >100 mUI/mL. Durante las 96 semanas de seguimiento no se observaron elevaciones persistentes de AST o ALT sugestivas de hepatitis por VHB. Las mayores elevaciones de ALT observadas durante seguimiento fueron inferiores a dos veces el límite superior normal y se asociaron a esteatosis hepática (4,2%) o coinfección por virus de hepatitis C (8,4%). **Conclusiones.** Las PV con infección resuelta por VHB y títulos protectores de anti-HBsAg mantuvieron estabilidad bioquímica hepática durante 96 semanas posteriores al cambio a dolutegravir/lamivudina. Para nuestra cohorte la caracterización serológica previa al retiro de tenofovir podría identificar pacientes con bajo riesgo de eventos hepáticos relacionados con VHB.

P-137

Viremia basal extrema en VIH: ¿afecta realmente la respuesta al tratamiento?: impacto de la carga viral basal >500.000 copias/mL en la respuesta virológica en una cohorte de atención integral en Bogotá

Arévalo-Mora L, Quintero L, Sussmann O.
Infectoclínicos IPS.
Bogotá
larevalom79@hotmail.com

Introducción. Los pacientes con infección por VIH que inician terapia antirretroviral (TAR) con cargas virales extremadamente elevadas representan un desafío clínico por su asociación con inmunosupresión avanzada, retraso en la supresión virológica y potencial mayor riesgo de fracaso terapéutico. Aunque los esquemas modernos basados en inhibidores de integrasa (INI) han mejorado los desenlaces virológicos, la evidencia en escenarios de práctica clínica real en América Latina continúa siendo limitada. **Objetivos.** El objetivo fue analizar el impacto de la carga viral basal >500.000 copias/mL sobre la respuesta virológica en personas con VIH en una cohorte en Bogotá. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte retrospectiva en pacientes adultos VIH naïve y carga viral basal >500.000 copias/mL en seguimiento entre 2016-2025. Se evaluaron variables demográficas, clínicas y relacionadas con TAR, así como supresión y fracaso virológico. Se realizó análisis descriptivo y bivariado; los factores asociados se analizaron mediante regresión logística multivariable y modelos de Cox para el tiempo hasta la supresión, ajustando por edad, CD4 y esquema farmacológico. **Resultados.** Se incluyeron 312 pacientes, la supresión virológica a 48 semanas fue 70,8% (155/219) y a 96 semanas 90,4% (198/219) entre los pacientes con información disponible. Los esquemas basados en INI mostraron mayores tasas de supresión que los inhibidores no nucleósidos de transcriptasa reversa (INNTR) (82,6% vs. 59,3%; OR ajustado=2,76; IC95%: 1,35-5,66; p=0,005), y menor tiempo hasta la supresión (mediana 6 vs. 11 meses; HR=2,26; p<0,0001). El fracaso virológico fue menor con INI que con INNTR (3,9% vs. 24,0%). Un CD4 basal <200 células/μL no se asoció con menor probabilidad de supresión; pero sí con mayor tiempo hasta alcanzarla (HR=0,71; p=0,028). No se encontraron diferencias significativas entre los niveles de carga viral basal (500.000-999.999 vs. >1.000.000 copias/mL) respecto a supresión virológica o fracaso terapéutico. **Conclusiones.** En pacientes con VIH y viremia basal extrema, la magnitud de la carga viral inicial no se asoció con la respuesta virológica ni con el fracaso terapéutico. Los esquemas basados en INI se asociaron con mejores desenlaces virológicos.

P-138

Análisis in vitro e in silico de la sulfasalazina Como potencial modulador de la inflamación crónica asociada al virus de la inmunodeficiencia humana (VIH)

Rendón-Marín S, Ospina-Mejía M, Hernández J, Taborda N.
Corporación Universitaria Remington; Universidad Cooperativa de Colombia.
Medellín
santyrendon0519@gmail.com

Introducción. La inflamación crónica constituye un rasgo inmunopatológico central de la infección por VIH, en personas con terapia antirretroviral efectiva. Dado que este fenómeno favorece la disfunción inmunológica y dificulta el manejo integral de quienes viven con VIH, existe un interés creciente en investigar el efecto inmunomodulador de fármacos antiinflamatorios como alternativa para modular la inflamación crónica en el contexto de la infección por VIH. **Objetivos.** Explorar el potencial de la sulfasalazina (SSZ) en la regulación de la inflamación asociada al VIH mediante enfoques in silico e in vitro. **Materiales y métodos.** Se identificaron sitios potenciales de unión de la SSZ con proteínas seleccionadas mediante PeptiMap. Posteriormente, se realizó acoplamiento molecular con AutoDock-Vina, Expasy-Swiss y HADDOCK2.4, y simulaciones de dinámica molecular mediante GROMACS. Además, se evaluó la citotoxicidad de la SSZ en células mononucleares de sangre periférica (CMSP), así como su capacidad para modular la respuesta inflamatoria en CMSP expuestas al VIH. La expresión de citocinas se analizó mediante RT-qPCR y a nivel proteico empleando ELISA. **Resultados.** Se observó una afinidad consistente entre herramientas para APOBEC3G, con valores alrededor de -8 kcal/mol y un HADDOCKscore de -60,7. Respecto las simulaciones de dinámica molecular, IL-6, IL-15 y gp41 presentaron menor variación de RMSD, con cambios máximos de 0,5 nm durante 50 ns. La viabilidad celular fue superior al 80% hasta 1 nM de SSZ. En CMSP estimuladas y tratadas con SSZ, los niveles de IL-6 disminuyeron. Asimismo, la expresión

de IL-1 β e IL-6 fue menor frente a las células estimuladas no expuestas a SSZ. **Conclusiones.** La SSZ podría modular vías relacionadas con la inflamación asociada al VIH mediante la regulación de citocinas proinflamatorias y la interacción con blancos virales e inmunológicos. Estos hallazgos respaldan estudios futuros sobre la SSZ como estrategia terapéutica complementaria para atenuar la inflamación crónica y la disregulación inmunitaria en la infección por VIH.

P-139

Tamizaje de cáncer anal en personas viviendo con VIH: hallazgos citológicos y barreras para la confirmación diagnóstica en Cali, Colombia

González-López C, Galindo-Orrego X, Mueses-Marín H, Zapata-Marín A, Oleas-Ramírez A, Lara-Illera V, Oñate-Gutiérrez J.
Corporación de Lucha Contra El Sida.
Cali
ccgonzalezlopez@hotmail.com

Introducción. El cáncer anal es una neoplasia prevenible cuya detección temprana en personas viviendo con VIH (PVV) requiere estrategias de tamizaje y acceso oportuno a métodos de confirmación diagnóstica. **Objetivos.** Caracterizar los hallazgos citológicos anales, los factores clínicos asociados y las conductas posteriores al tamizaje en PVV. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo en adultos viviendo con VIH pertenecientes a poblaciones clave, sometidos a tamizaje con citología anal entre 2022 y 2025 en una institución especializada de Cali, Colombia. Se evaluaron características sociodemográficas, clínicas e inmunoviológicas, así como los resultados de la citología anal y las conductas posteriores al tamizaje. Se compararon las características de los pacientes según el resultado citológico. **Resultados.** Se incluyeron 251 PVV (edad media 32,7 años). La citología anal inicial fue anormal en 138 (55,0%), predominando LSIL (44,2%), seguido de ASC-US (9,2%); se identificaron además cuatro casos (1,6%) de HSIL o carcinoma in situ. Los pacientes con citología anormal presentaron menor promedio de recuento de linfocitos CD4+ en comparación con aquellos con citología normal (499 vs. 596 células/ μ L; $p=0,0068$) y mayor carga viral promedio ($\log_{10}$ 2,22 vs. 1,85; $p=0,0367$). De los 138 pacientes con citología anal inicial anormal, 70 tuvieron seguimiento mediante citologías sucesivas, encontrándose citología posterior negativa en 53 (75,7%) de los casos. A pesar de la elevada frecuencia de alteraciones citológicas, únicamente 5 (3,6%) accedieron a anoscopia de alta resolución para confirmación diagnóstica. **Conclusiones.** El tamizaje con citología anal permitió identificar una elevada frecuencia de alteraciones citológicas en PVV, las cuales se asociaron con un peor estado inmunoviológico; sin embargo, el acceso limitado a anoscopia de alta resolución constituye una barrera para la confirmación diagnóstica de lesiones precursoras de cáncer anal.

P-140

Antropometría y cambios metabólicos posteriores al inicio o cambio a dolutegravir/lamivudina en personas con VIH de la Corporación de Lucha contra el SIDA, Cali-Colombia

Zapata-Marín A, Galindo-Orrego X, Oñate-Gutiérrez J, Mueses-Marín H, González-López C, Lara-Illera V, Oleas-Ramírez A.
Corporación de Lucha Contra El Sida.
Cali
andresfzm@gmail.com

Introducción. La combinación dolutegravir/lamivudina (DTG/3TC) es una estrategia dual recomendada por la GPC Colombia 2021 para el tratamiento de personas con VIH (PV). Más allá de su efectividad virológica, su seguridad presenta interrogantes sobre sus efectos antropométricos y metabólicos particularmente en poblaciones latinoamericanas. **Objetivos.** Describir los cambios en peso corporal y perfil metabólico en PV que iniciaron o cambiaron a DTG/3TC en una cohorte de vida real en Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte retrospectiva observacional realizado en la Corporación de Lucha contra el Sida. Se incluyeron 304 PV, 53 en el grupo de inicio y 251 en el grupo de cambio a DTG/3TC durante los años 2021 a 2023. Se evaluaron cambios longitudinales en peso corporal y variables metabólicas a las semanas 24, 48 y 96. Los análisis se estratificaron según situación de uso de DTG/3TC, género, conteo basal de CD4 y clase del tercer agente antirretroviral previo al cambio. **Resultados.** De los participantes 36,5% fueron mujeres cisgénero, con una mediana de peso basal de 64,6 Kg (RIQ 56,9-75,5). En ambos grupos, la mayor ganancia ponderal ocurrió durante las primeras 48 semanas de seguimiento y fue mayor en personas con LTCD4+ < 200 células/mm³ (mediana: +5,5Kg; $p=0,001$). En el grupo de cambio, quienes provenían de esquemas con inhibidores no nucleósidos de transcriptasa reversa (INNT) mostraron mayores

incrementos de peso (mediana: +2,5Kg; RIQ 1,2-5), especialmente en mujeres (mediana: +3,2Kg; RIQ 1,5-5). Hacia la semana 96, los cambios ponderales tendieron a estabilizarse; sin embargo, el 18% del grupo de inicio presentó una ganancia ponderal > 10%. Los cambios observados en lípidos, glicemia, TFG y HSI no fueron representativos. **Conclusiones.** DTG/3TC mostró un perfil antropométrico y metabólico favorable en práctica clínica real. La ganancia de peso corporal pareció estar influenciada por el estado inmunológico basal, el género femenino y la exposición antirretroviral previa a INNT en el primer año de terapia dual.

P-141

Determinantes de viremia detectable en una cohorte de personas que viven con VIH atendidas en una IPS especializada de Colombia

Arévalo-Mora L, Pinzón L, Fontalvo A, Romero P, Quintero L, Sutachán Y, Martínez P, Duarte M, Albino C, Africano J, Yela L, Ortiz N, Vera J, Mantilla F, Sussmann-Peña O.
Infectoclínicos IPS.
Bogotá
larevalom79@hotmail.com

Introducción. La supresión virológica constituye el principal indicador de éxito terapéutico y programático en la atención de personas que viven con VIH. La identificación de factores asociados a viremia detectable permite orientar intervenciones dirigidas a mejorar la adherencia, la retención en el cuidado y los desenlaces clínicos. **Objetivos.** Identificar los factores asociados a viremia detectable en personas que viven con VIH atendidas en una IPS especializada de Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo realizado en una cohorte de 4.513 personas con VIH. El desenlace principal fue viremia detectable definida como una carga viral ≥ 50 copias/mL en la última medición disponible. Se efectuó análisis bivariado mediante pruebas de Mann-Whitney, chi-cuadrado o exacta de Fisher, seguido de regresión logística multivariada con selección retrógrada. Se evaluó calibración mediante prueba de Hosmer-Lemeshow y capacidad discriminativa mediante área bajo la curva ROC(AUC). Se realizaron análisis de sensibilidad utilizando umbrales de ≥ 200 y ≥ 1000 copias/mL. **Resultados.** De 4.077 pacientes con carga viral disponible, 289 (7,1%) presentaron viremia detectable, equivalente a una supresión virológica del 92,9%. La cohorte presentó una mediana de 10,5 años desde el diagnóstico y 9,9 años en terapia antirretroviral. En el análisis multivariado, la menor edad se asoció con mayor probabilidad de viremia detectable (ORa 0,74/10 años; IC95%: 0,66–0,83), al igual que no pertenecer a la población de hombres que tienen sexo con hombres (ORa 0,74; IC95%: 0,56–0,97), y presentar estadio CDC 3 al ingreso (ORa 1,47; IC95%: 1,15–1,89). El antecedente de falla terapéutica se asoció con menor probabilidad de viremia detectable (ORa 0,75; IC95%: 0,59–0,97). **Conclusiones.** La viremia detectable se asoció principalmente con menor edad, y estadio CDC 3 al ingreso. La ausencia de asociación entre los marcadores inmunoviológicos al diagnóstico y el control virológico actual sugiere que, una vez garantizada la vinculación y permanencia en la atención, el éxito terapéutico depende más de la continuidad del cuidado que de la severidad inicial de la infección.

P-142

Dolutegravir/lamivudina en enfermedad renal crónica avanzada: experiencia en vida REAL y perfil de seguridad en una cohorte colombiana

Medina-Lozano L, Ariza-Araujo L, Bueno-Prada L, Castillo-Lobo E, Vásquez J, Gutiérrez-Cervantes A, Motta-Valencia J, Rodríguez-Lugo D, Morcillo-Muñoz J, Noches-Buelvas A, Cubides-Díaz D, Sánchez-González H, Katime-Zúñiga A.
Universidad Nacional de Colombia; Quimiosalud S.A.S.; IPS de la Costa; Universidad Cooperativa de Colombia; Hospital Universitario de Medellín; Hospital Universitario Departamental de Nariño; Hospital Universitario Nacional; Clínica La Colina; Clínica del Country; Universidad del Magdalena; Clínica Avidanti.
Bogotá
lemedinal@unal.edu.co

Introducción. Dolutegravir/Lamivudina (50/300 mg), hace parte de los regímenes de primera línea actuales para el tratamiento de pacientes que viven con VIH (PVVIH). Sin embargo, lamivudina está restringida en pacientes con tasa de filtración glomerular < 30 ml/min/m². **Objetivos.** Describir el efecto renal, hematológico y hepático, así como la tolerancia de Dovato en PVVIH con TFG < 30 ml/min/m² atendidos en el programa Quimiosalud e IPS de la Costa,

sede Santa Marta. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo en pacientes mayores de 18 años con TFG < 30 ml/min/m² tratados con Dovato entre 2023 y 2025. Se recolectaron variables demográficas, clínicas y paraclínicas, con seguimiento a los 6 meses y al año. **Resultados.** Se incluyeron 18 pacientes, de los cuales 64,8% fueron hombres, con una mediana de edad de 62 años y TFG de 27,8 ml/min/1,73 m² de etiología hipertensiva en el 35,3% y el 17,6% en hemodiálisis. El ajuste a Dovato se hizo debido a efectos adversos en el 23,5% de los pacientes, de los cuales el 82,4% eran experimentados. El 16,6% se encontraban en fallo virológico al momento del inicio del tratamiento, y la mediana de CD4 fue de 414 células/mm³. La mediana de la creatinina basal, a los 6 meses y al año, fue de 2,3, 2,14 y 2,08 mg/dL, respectivamente. La hemoglobina evolucionó en la misma temporalidad desde 11,7 a 13,25 y 12,3 g/dL; y las variaciones de la fosfatasa alcalina y la AST fueron de 207 y 15 UI/L al inicio, 216 y 15 UI/L a los 6 meses y 199 y 15,5 UI/L a los 12 meses. Ningún paciente reportó efectos adversos. **Conclusiones.** Dovato® mostró un buen perfil de seguridad sin evidencia de deterioro clínicamente relevante durante el seguimiento. Este esquema podría constituir una alternativa terapéutica segura en pacientes seleccionados con enfermedad renal crónica avanzada.

P-143

Descifrando el fracaso virológico: perfil de resistencia genotípica al VIH en una cohorte colombiana (2018-2025)

Medina-Lozano L, Godoy-Corredor M, Gaitán-Chaparro S, Vergara-Samur H, Gómez-Quintero C, Pimiento-Díaz M, Pacheco-Nieva Y, Álvarez-Moreno C.

Universidad Nacional de Colombia; Clínicas Colsanitas; Fundación Universitaria Sanitas.

Bogotá

lamedinal@una.edu.co

Introducción. La terapia antirretroviral ha transformado el pronóstico de las personas que viven con VIH (PVVIH). Sin embargo, la aparición de resistencia a los antirretrovirales favorece la falla virológica y limita las opciones terapéuticas. La genotipificación es una herramienta fundamental para orientar el tratamiento y optimizar los desenlaces clínicos. **Objetivos.** Describir el perfil de resistencia genotípica a los antirretrovirales y las características psicosociales en PVVIH atendidas en el programa integral de VIH de Centros Médicos Colsanitas entre 2018-2025. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo descriptivo con componente analítico de las mutaciones de resistencia y de las características clínicas, paraclínicas y psicosociales de la cohorte. **Resultados.** Se analizaron 797 genotipificaciones, de las cuales 220 (27,6%) presentaron mutaciones de resistencia. Los pacientes de la cohorte fueron predominantemente hombres (95,5%), con mediana de edad de 35 años, y en su mayoría presentaban fallo virológico (95,5%), con una mediana de carga viral de 16.743 copias/mL y recuento de CD4 de 278,5 células/mm³. Las mutaciones más frecuentes fueron M184V (86,9%) y K103N (54%), con baja frecuencia de resistencia a inhibidores de integrasa (0,45%). Los antirretrovirales con mayor exposición previa fueron efavirenz, emtricitabina y tenofovir, y las terapias de rescate más utilizadas incluyeron darunavir/ritonavir y dolutegravir. Se observó alta frecuencia de consumo de sustancias psicoactivas (77,3%), principalmente alcohol, y depresión (26,8%). **Conclusiones.** La resistencia genotípica se evidenció en un 27,6% de la población con un predominio de las mutaciones M184V y K103N asociadas a resistencia de la transcriptasa reversa. La baja frecuencia de resistencia a inhibidores de integrasa respalda su rol como terapia eficaz en esquema de rescate. Asimismo, la presencia de factores psicosociales relacionados con la adherencia resalta la necesidad de un abordaje integral para mejorar el desenlace terapéutico.

P-192

Conocimientos, actitudes e intención de prescripción de profilaxis preexposición al VIH en estudiantes de medicina y médicos en Colombia

Mueses-Marín H, Alvarado-Llano B, Galindo-Orrego X, Bolívar-Rocha M, Arrivillaga M, Matta-Cortés L, Martínez-Cajas J.

Corporación de Lucha Contra El Sida; Queens University; Pontificia Universidad Javeriana Cali; Universidad del Valle.

Cali

centroinvestigaciones@cls.org.co

Introducción. La limitada adopción de la profilaxis preexposición (PrEP) para VIH en Colombia, pese a contar con lineamientos nacionales, sugiere brechas formativas en médicos y estudiantes de medicina que pueden afectar su implementación efectiva. **Objetivos.** Evaluar las experiencias educativas en

VIH y PrEP durante la formación médica y analizar su relación con el nivel de conocimiento, habilidades percibidas, actitudes e intención de prescripción de PrEP. **Materiales y métodos.** Estudio transversal realizado mediante una encuesta autoadministrada con muestreo no probabilístico en estudiantes de último año de medicina y médicos en ejercicio en dos instituciones universitarias de la ciudad de Cali, durante 2024 y 2025. Se evaluaron conocimientos, familiaridad, habilidades y actitudes relacionadas con la PrEP. El desenlace principal fue la intención de prescripción de PrEP. Se realizaron análisis bivariados para identificar asociaciones. **Resultados.** Se incluyeron 195 participantes, de los cuales 172 aportaron información completa; el 52% correspondió a estudiantes de último año o internado y el 62% fueron mujeres. La edad promedio fue de 24 años en estudiantes y 30 años en profesionales. El 85% de estudiantes y el 89% de profesionales había oído hablar de la PrEP ($p=0,42$); el 66% de estudiantes reportó haber recibido información durante su programa actual, frente al 30% de profesionales. Más del 60% no había leído guías de PrEP. Más del 80% manifestó intención de prescribirla, aunque cerca del 80% refirió una familiaridad ligera o moderada y menos del 30% había recibido información detallada sobre medicamentos, eficacia y seguridad. En el subgrupo de profesionales, una mayor familiaridad y haber recibido información detallada sobre PrEP se asociaron positivamente con la intención de prescripción. **Conclusiones.** Aunque se observó un alto interés en prescribir PrEP, las brechas identificadas en conocimientos y habilidades evidencian la necesidad de fortalecer la formación en PrEP durante el pregrado y mediante estrategias de educación continuada para profesionales de la salud.

P-193

Tamizaje rápido de antígenos para *Cryptococcus* e *Histoplasma* en pacientes con VIH avanzado

Flórez-Robayo M, Arias-Sánchez A, Contreras K, Figueroa V, Cáceres D. Hospital Universitario Erasmo Meoz; IMMY.

Cúcuta

felipe_arias4@hotmail.com

Introducción. Las infecciones fúngicas oportunistas siguen siendo una causa relevante de morbilidad en personas con VIH avanzado. Las pruebas rápidas de detección de antígenos permiten identificar precozmente infecciones tratables y facilitar el inicio oportuno de terapia antifúngica, especialmente en entornos con recursos limitados. **Objetivos.** Evaluar la factibilidad y el rendimiento diagnóstico del tamizaje mediante ensayos de flujo lateral (LFA) para *Cryptococcus* spp. e *Histoplasma capsulatum* en pacientes con VIH avanzado atendidos en un hospital de frontera. **Materiales y métodos.** Estudio observacional prospectivo realizado en el Hospital Erasmo Meoz (Cúcuta, Colombia) entre marzo de 2025 y abril de 2026. Se incluyeron pacientes con VIH avanzado (CD4 ≤ 200 células/ μ L o criterios clínicos) candidatos a tamizaje de infecciones oportunistas. Se realizó LFA para antígeno criptocócico en todos los pacientes ($n=59$) y LFA para antígeno de *Histoplasma* cuando estuvo clínicamente indicado ($n=44$). Se registraron pruebas confirmatorias, tratamiento antifúngico y mortalidad a 30 días. **Resultados.** Se incluyeron 59 pacientes (edad mediana 41 años, RIC 27-49; 73% hombres), de los cuales 44% tenían diagnóstico reciente de VIH y 29% eran venezolanos. Ocho pacientes (14%) presentaron positividad para al menos un antígeno fúngico. El antígeno criptocócico fue positivo en 3/59 (5%); dos casos fueron confirmados microbiológicamente y todos recibieron tratamiento, con supervivencia del 100% a 30 días. El antígeno de *Histoplasma* fue positivo en 5/44 (11%); cuatro recibieron tratamiento y dos fallecieron. La mortalidad a 30 días fue de 25% (2/8) en pacientes antígeno-positivos frente a 6% (3/51) en antígeno-negativos ($p=0,077$). **Conclusiones.** El tamizaje rápido de *Cryptococcus* e *Histoplasma* identificó infecciones oportunistas tratables en el 14% de los pacientes con VIH avanzado, favoreciendo el diagnóstico oportuno y el inicio temprano del tratamiento. Estos hallazgos preliminares proporcionan la primera base de evidencia para integrar el tamizaje fúngico de rutina en la atención del VIH avanzado, y respaldan la necesidad de estudios multicéntricos.

P-194

Cascada diagnóstica y perfil clínico-terapéutico de la coinfección VIH/VHC en un programa de atención integral del oriente colombiano

Consuegra-Rodríguez M, Gélvez-Ramírez R, Díaz-Agudelo T, Villar-Centeno L, Rojas-Garrido E.

Grupo Infovida, Centro de Atención y Diagnóstico de Enfermedades Infecciosas S.A.S.

Bucaramanga

coordinacioninvestigacion@cdi.net.co

Introducción. La coinfección VIH/VHC continúa siendo un desafío global y existe escasa información proveniente de Latinoamérica. **Objetivos.** Describir la cascada diagnóstica y el perfil clínico-terapéutico de personas que viven con VIH (PVV) diagnosticadas con infección por VHC en un programa de atención integral del oriente colombiano entre 2019 y 2024. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo realizado en una institución especializada en VIH y enfermedades infecciosas con tres sedes. Se incluyeron PVV con prueba anti-VHC reactiva y confirmación mediante ARN-VHC entre enero de 2019 y diciembre de 2024. Se recolectó información sobre diagnóstico, tratamiento y seguimiento posterior al tratamiento a partir de historias clínicas. **Resultados.** De 8.102 pruebas anti-VHC realizadas, 72 (0,9%) fueron reactivas y 65 correspondieron a PVV. Se confirmó infección por VHC mediante ARN detectable en 46 pacientes; 39 contaban con seguimiento completo y fueron analizados. Los casos aumentaron durante el periodo de estudio (2019 n=2, 2020 n=3, 2021 n=2, 2022 n=16, 2023 n=6 y 2024 n=10). La mediana de edad fue 36 años y el 92% eran hombres. El 66% se autoidentificó como homosexual o bisexual y el 31% reportó consumo de sustancias psicoactivas. El 85% inició tratamiento con sofosbuvir/velpatasvir y solo cuatro pacientes requirieron genotipificación. La mediana entre la confirmación diagnóstica y el inicio del tratamiento fue de 92 días. Ningún paciente presentó compromiso hepático significativo al inicio. La respuesta virológica sostenida se alcanzó en 26/33 (79%) pacientes evaluables. **Conclusiones.** Aunque la prevalencia de coinfección VIH/VHC fue baja, se observó una tendencia creciente, principalmente en hombres de poblaciones clave. Las demoras en el inicio del tratamiento sugieren la necesidad de fortalecer la vigilancia del VHC y mejorar la oportunidad terapéutica en PVV.

P-195

Características clínicas, diagnósticas y terapéuticas de la sífilis en una cohorte colombiana de personas que viven con VIH

Lenis W, García M, Franco J, Mueses-Marín H, Alzate-Ángel J, Muñoz J, Zapata A, Valderrama-Beltrán S, Segura S, Andrade J, Galindo X, Sussmann-Peña O, Hernández B, Delgado E, Martínez-Buitrago E. Grupo Vihcol; Recuperar; Corporación de Lucha Contra el Sida; Universidad de Antioquia; Universidad del Valle; Hospital Universitario San Ignacio; Infectoclínicos IPS; Asistencia Científica; Vivir IPS. Medellín
jcarlos.alzate@udea.edu.co

Introducción. La sífilis sigue siendo relevante en personas que viven con VIH por sus retos diagnósticos, terapéuticos y de seguimiento. **Objetivos.** Caracterizar los episodios de sífilis en personas que viven con VIH atendidas en centros especializados en Colombia entre 2020 y 2022. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo, retrospectivo y multicéntrico, basado en registros clínicos de seis centros especializados en Colombia. Se incluyeron personas de 14 años o más con diagnóstico de VIH y primer episodio de sífilis entre el 1 de enero de 2020 y el 31 de diciembre de 2022. Se realizó control de calidad del dato mediante revisión de faltantes, valores extremos y consistencia temporal. El desenlace principal fue la curación durante el seguimiento. El análisis fue descriptivo, con comparaciones exploratorias entre casos probables y confirmados, curación y no curación/no evaluable, y periodos 2020 y 2021-2022. **Resultados.** Se incluyeron y analizaron registros de 426 personas. Predominaron hombres, personas con prácticas sexuales entre hombres y adultos jóvenes. La sífilis primaria fue la presentación más frecuente, seguida de la latente indeterminada y la latente temprana. La mayoría de episodios ocurrió durante el primer año posterior al diagnóstico de VIH. Predominaron las pruebas no treponémicas como método diagnóstico, especialmente RPR; 44 casos (10,3%) tuvieron prueba treponémica documentada. La mayoría recibió penicilina benzatínica, con predominio de tres dosis tanto en sífilis temprana como tardía o indeterminada. Se documentó curación en 336 casos (78,9%). El tiempo promedio entre diagnóstico de sífilis y curación fue de 11,6 meses. **Conclusiones.** La baja documentación de confirmación treponémica y el uso frecuente de tres dosis de penicilina benzatínica, independiente de la clasificación clínica, evidencian oportunidades de mejora en diagnóstico, estadificación y seguimiento serológico.

P-196

Barreras formativas y motivaciones para la prescripción de profilaxis preexposición al VIH en formación médica en Colombia: un estudio cualitativo

Alvarado-Llano B, Mueses-Marín H, Bolívar-Rocha M, Galindo-Orrego X, Arrivillaga M, Matta-Cortés L, Martínez-Cajas J. Queens University; Corporación de Lucha Contra El Sida; Pontificia

Universidad Javeriana Cali; Universidad del Valle. Cali
centroinvestigaciones@cls.org.co

Introducción. La profilaxis preexposición al VIH (PrEP) es una estrategia costo-efectiva para prevenir el VIH, pero su implementación en Colombia es limitada por brechas en la formación médica, estigma hacia poblaciones clave, escasa experiencia clínica y barreras institucionales en atención primaria. **Objetivos.** Examinar conocimientos, habilidades y experiencias formativas sobre la prescripción de PrEP, así como necesidades de capacitación, en estudiantes de último año de medicina, residentes y médicos generales. **Materiales y métodos.** Estudio cualitativo basado en 20 entrevistas semiestructuradas (10 estudiantes de último año de medicina, 5 médicos generales y 5 residentes de medicina familiar o interna). Se realizó análisis temático inductivo y los hallazgos se organizaron según el modelo COM-B (capacidad, oportunidad y motivación-conducta). **Resultados.** Ningún participante había prescrito PrEP y la mayoría reportó conocimientos limitados sobre su eficacia, esquemas y seguimiento. En el dominio de capacidad, se evidenciaron carencias en farmacología, protocolos clínicos y comunicación culturalmente sensible. En cuanto a oportunidad, se identificaron barreras estructurales como una formación fragmentada y predominantemente curativa, dificultades administrativas, discontinuidad en las trayectorias de atención y estigma cultural y religioso que limita la inclusión de la PrEP en el currículo médico. A pesar de ello, los participantes manifestaron alta motivación para prescribir PrEP, al considerarla alineada con el rol preventivo de la medicina y una herramienta para reducir el estigma y las nuevas infecciones por VIH. **Conclusiones.** Existe una clara disposición de futuros y actuales médicos para integrar la PrEP en su práctica clínica, pese a las limitaciones en conocimiento y experiencia. Fortalecer la formación en prevención del VIH, uso de antirretrovirales y atención afirmativa, junto con la reducción de barreras institucionales, es clave para ampliar el acceso a la PrEP en Colombia. Se requieren estrategias educativas estructurales que integren la prevención del VIH en la formación médica.

P-197

Dinámica de transmisión del VIH-1 en población local y migrante venezolana en Colombia: resultados clínicos y filogenéticos preliminares

Ceron J, Cardona A, Díaz F, Zapata W, Correa-Álvarez J, Gámez G, Gélvez-Ramírez R, Martínez J, Pérez-Restrepo L, Aguilar-Jiménez W. Grupo Inmunovirología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia; Laboratorio Genómico One Health, Universidad Nacional de Colombia; Grupo Infettare, Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia; Grupo de Investigación en Biociencias y Biotecnología (TECHLIFE), Escuela de Ciencias Aplicadas e in; Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia; Centro de Atención en Enfermedades Infecciosas (CDI); Aid for Aids. Medellín
wbeimar.aguilar@udea.edu.co

Introducción. El VIH-1 continúa siendo un reto de salud pública; en Colombia, las barreras de acceso en poblaciones migrantes pueden afectar el tratamiento antirretroviral y la circulación de linajes virales. **Objetivos.** Evaluar la dinámica de transmisión del VIH-1 entre población local y migrante venezolana en Colombia mediante análisis clínico-epidemiológicos y filogenéticos. **Materiales y métodos.** Estudio observacional multicéntrico en curso (Geno-Mig), retrospectivo y prospectivo, 2018-2026. Se analizan registros clínicos y sociodemográficos de programas de atención. El componente filogenético incluye secuenciación de genoma casi completo mediante tecnología de nanoporos y análisis filogenéticos con secuencias nuevas y referencias públicas de Colombia/Venezuela. **Resultados.** Se han consolidado 1.277 registros: 473 locales, 32 migrantes del sistema de salud colombiano y 772 migrantes en situación migratoria irregular atendidos por AID for AIDS. La mediana de tiempo entre diagnóstico y tratamiento fue 26 días en locales (RIQ: 15-36), 28 en migrantes del sistema colombiano (RIQ: 14-42) y 5 en AID for AIDS (RIQ: 2-13). En el componente filogenético se han recolectado 229 muestras (194 locales, 35 migrantes); 45 (42 locales, 3 migrantes) generaron genomas casi completos (cobertura 94%, profundidad media 6.000x, Q>15) y 125 adicionales están en secuenciación. Se identificaron 44 secuencias subtipo B y un recombinante C/D/A2 predominantemente subtipo C, no documentado previamente en Colombia. Una filogenia basal pre-migración mostró tendencia a panmixia (índice de asociación=0,757). Al integrar las 45 secuencias nuevas con referencias regionales (145 Colombia, 138 Venezuela), dos migrantes agruparon en clados geográficamente mixtos y uno en un clado mayoritariamente venezolano

(UFBoot>90), compatible con mezcla e introducción de linajes. **Conclusiones.** Estos resultados preliminares muestran diferencias descriptivas en inicio de tratamiento según fuente de atención, evidencian diversidad viral no documentada y apoyan la vigilancia genómica para inferir vínculos entre migración y transmisión del VIH-1; la inclusión de registros y muestras continúa en curso. Financiación: UdeA-UCC-UC_Irvine y Alianza-Genómica-Medellín.

Virología

P-144

Análisis transcriptómico de células mononucleares de sangre periférica humanas expuestas in vitro al virus monkeypox

Galeano J, Fernández G, Hernández J, Marín-Palma D.
Grupo Inmunovirología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia; Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas Bcei, Universidad de Antioquia; Facultad de Medicina, Infettare; Universidad Cooperativa de Colombia; Facultad de Odontología, Giom. Medellín
juanc.hernandezl@campusucc.edu.co

Introducción. La infección por el virus monkeypox (MPXV) puede inducir respuestas inflamatorias asociadas con enfermedad grave; sin embargo, los mecanismos inmunológicos tempranos involucrados aún no han sido caracterizados. **Objetivos.** Explorar la respuesta transcripcional de células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) humanas expuestas in vitro a MPXV. **Materiales y métodos.** Estudio experimental in vitro con PBMCs aislados de donantes sanos (n=5) mediante gradiente de densidad y expuestos a MPXV (MOI=1). La capacidad de infección se evaluó mediante ensayo de placas. El perfil transcriptómico a las 24 horas se analizó mediante RNA-seq y expresión diferencial con DESeq2. Se realizaron análisis de componentes principales y enriquecimiento funcional por Gene Ontology. Para la validación, se cuantificó la producción de CXCL-8 por ELISA. **Resultados.** No se observaron diferencias significativas en las unidades formadoras de placa entre los tiempos evaluados (4, 24 y 96 horas), sugiriendo ausencia de liberación de viriones infecciosos. El análisis transcriptómico mostró una clara separación entre los perfiles de las PBMCs control y expuestas a MPXV, con 1.666 genes diferencialmente expresados, de los cuales 766 estuvieron sobreexpresados y 900 subexpresados. Entre los genes inducidos destacaron IL6, CXCL5, CXCL8, IL1A y CXCL3, mientras que CXCL9, CXCL10, CXCL11, IL27 e IL18 estuvieron reprimidos. El enriquecimiento funcional reveló regulación de procesos relacionados con respuesta inflamatoria, señalización por interferón, activación de células T y presentación antigénica. La concentración de CXCL-8 aumentó significativamente tras la exposición a MPXV, a las 24 horas post-estimulación. **Conclusiones.** La exposición de PBMCs humanas a MPXV induce una profunda reprogramación transcriptómica caracterizada por activación de mediadores proinflamatorios y regulación diferencial de vías inmunológicas, lo que aporta información relevante sobre los mecanismos tempranos de interacción virus-hospedero.

P-145

Evaluación in vitro de un biosurfactante derivado de andiroba como estrategia antiviral frente al virus de Chikungunya

Naranjo-Durán A, Martínez-Gutiérrez M, Cerqueira-Dos Santos S.
Universidad Cooperativa de Colombia; Universidad Federal del Sur y Sureste de Pará. Medellín
marlen.martinezg@campusucc.edu.co

Introducción. La fiebre del Chikungunya es una de las enfermedades transmitidas por vectores con mayor impacto global y aunque es un problema de salud pública, no se cuenta con antivirales aprobados clínicamente. Por otro lado, la biomasa residual de semillas de andiroba (*Carapa guianensis*), un producto forestal no maderable (PFNM), suele ser desaprovechada y eliminada inadecuadamente, causando un problema ambiental. **Objetivos.** Evaluar la citotoxicidad y el potencial antiviral de un compuesto biosurfactante (andiroba) obtenido mediante bioprocesos de subproductos derivados de PFNM de la biodiversidad amazónica frente a CHIKV. **Materiales y métodos.** La andiroba fue obtenida por el Laboratorio de bioensayos y bioprocesos (L@Bio) de la Universidad Federal del Sur y Sureste de Pará (Unifesspa) en Brasil en 2026. Posteriormente se evaluó su toxicidad y actividad antiviral in vitro en células VERO en el laboratorio de Investigaciones Biomédicas de la Universidad Cooperativa

de Colombia. Para ello, se utilizó un esquema de tratamiento combinado con exposición antes, durante y después de la infección. El efecto antiviral fue determinado por la capacidad del compuesto de proteger las células del efecto citopático producido por CHIKV. **Resultados.** El biosurfactante presentó una viabilidad celular superior al 50% a concentraciones $\leq 50 \mu\text{g/mL}$. En los ensayos antivirales, las concentraciones de 50 y 100 $\mu\text{g/mL}$ mostraron un efecto protector frente al daño citopático inducido por CHIKV, incrementando la viabilidad celular hasta 2,8 veces respecto al control infectado (26,8% y 27,0% vs. 9,3%, respectivamente). **Conclusiones.** Este estudio demuestra que un biosurfactante obtenido como estrategia de aprovechamiento de biomasa residual puede llegar a ser antiviral promisorio frente a CHIKV ya que logró mostrar un efecto protector en estudios in vitro. De este modo, se plantea una alternativa prometedora y sostenible para la investigación de terapias contra arbovirus.

P-146

Estandarización de Una metodología basada en el efecto citopático para el tamizaje de extractos naturales con potencial actividad antiviral frente a DENV-2

Tobo-Rincón S, Morantes-Medina S, Gutiérrez-Álvarez L, Delgado-Tiría F.
Universidad El Bosque; Universidad Nacional de Colombia. Bogotá
stobo@unbosque.edu.co

Introducción. La evaluación del efecto citopático es una herramienta ampliamente utilizada para estudiar infecciones virales y realizar el tamizaje de productos naturales con potencial actividad antiviral. Sin embargo, se requieren métodos sensibles, reproducibles y de bajo costo que permitan cuantificar adecuadamente las alteraciones celulares inducidas por el virus. **Objetivos.** Seleccionar un método para la cuantificación del efecto citopático inducido por DENV-2 en células Vero mediante ensayos colorimétricos. **Materiales y métodos.** Se establecieron las condiciones de cultivo e infección en células Vero mediante la selección de la densidad celular y la multiplicidad de infección (MOI). Para ello, se probaron diferentes densidades celulares y 10 diluciones seriadas 1:3 del virus. Después de 120h de incubación se evaluó el efecto citopático por morfología y los ensayos de resazurina, rojo neutro y naftol blue. Usando el método más sensible se evaluó el efecto citopático de un extracto vegetal frente a DENV-2. **Resultados.** Las densidades entre 7500 y 10000 células por pozo fueron adecuadas para los ensayos. Las diluciones seriadas permitieron seleccionar una MOI de 0,074, capaz de inducir un efecto citopático reproducible. Los métodos de rojo neutro y naftol blue mostraron mayor concordancia con los cambios morfológicos observados por microscopía que la resazurina. Además, en un ensayo preliminar, el extracto de cacao redujo significativamente el efecto citopático a una concentración de 250 $\mu\text{g/mL}$. **Conclusiones.** Los métodos de rojo neutro y naftol blue fueron los más adecuados para cuantificar el efecto citopático inducido por DENV-2 en células Vero. La metodología estandarizada constituye una herramienta útil para el tamizaje de extractos vegetales con potencial actividad antiviral. Financiación: recursos propios del grupo de virología y el semillero Bio-Farma.

P-147

Microplásticos como potenciales moduladores de la inflamación antiviral: docking molecular de PET con proteínas clave del RSV y del inflammasoma

Gómez-Gallego D, Hernández J. Infettare, Facultad de Medicina
Universidad, Cooperativa de Colombia.
Medellín
diana.gomezga@campusucc.edu.co

Introducción. El virus respiratorio sincitial (RSV) es una causa relevante de infección respiratoria aguda y carga clínica en población pediátrica, adultos mayores e inmunocomprometidos. Paralelamente, la exposición humana a microplásticos ha emergido como un potencial modulador ambiental de la respuesta inmune; sin embargo, su posible relación con la interacción virus-célula y la inflamación antiviral sigue siendo poco explorada. **Objetivos.** Evaluar in silico la interacción del monómero de polietilenglicol (PET) con proteínas asociadas a entrada del RSV, reconocimiento inmune innato y ensamblaje del inflammasoma. **Materiales y métodos.** Estudio experimental in silico mediante docking molecular proteína-ligando y proteína-proteína en HADDOCK. Se evaluó la interacción de PET con la proteína F del RSV, nucleolina, IGF1R, TLR2, TLR4/MD-2, RIG-I y dominios funcionales del inflammasoma NLRP3: NLRP3-PYD, ASC-PYD, ASC-CARD y CASP1-CARD. Además, se compa-

raron complejos basales proteína-proteína con complejos condicionados por PET: F-nucleolina, NLRP3-PYD/ASC-PYD y ASC-CARD/CASP1-CARD. Los desenlaces incluyeron HADDOCK score, tamaño del clúster, RMSD, componentes energéticos, área de superficie enterrada y Z-score. **Resultados.** PET mostró interacciones favorables con proteínas del eje de entrada viral: F-PET presentó HADDOCK score de -15,2; NCL_PET entre -15,6 y -17,9; e IGF1R_PET -15,1. Las interacciones más favorables se observaron con sensores innatos: RIG-I_PET -24,6, TLR2_PET -21,6 y TLR4_PET -21,5. En el inflammasoma, PET interactuó principalmente con ASC-PYD -21,1, ASC-CARD -17,8, NLRP3-PYD -17,5 y CASP1-CARD -16,1. Los complejos condicionados por PET conservaron las interacciones F-nucleolina, NLRP3-ASC y ASC-CASP1, pero con cambios en su perfil energético, especialmente menor contribución electrostática y reorganización de las interfaces. **Conclusiones.** PET mostró plausibilidad estructural para interactuar con proteínas clave de entrada del RSV, sensores innatos e inflammasoma, apoyando un modelo en el que los microplásticos podrían modular la respuesta inflamatoria durante infecciones respiratorias virales.

P-148

Sistemas nanométricos para modular la respuesta inmune frente al virus respiratorio sincitial humano: revisión de alcance de evidencia preclínica (2014-2024)

Castrillón-Rojas A, Barrera-Vera L, Zuluaga-Alzate M, Mendoza-Carrascal D, Gómez-Gallego D.
Universidad de Antioquia; Universidad Cooperativa de Colombia.
Medellín
laura.barrerav@udea.edu.co

Introducción. El virus respiratorio sincitial humano (VRS) constituye una de las principales causas de infección respiratoria aguda baja en lactantes, adultos mayores e individuos inmunocomprometidos. Las opciones terapéuticas son limitadas, lo que ha impulsado el estudio de sistemas nanométricos con potencial inmunomodulador frente al VRS. Sin embargo, la evidencia preclínica disponible permanece heterogénea y dispersa. **Objetivos.** Sintetizar la evidencia preclínica publicada entre 2014 y 2024 sobre sistemas nanométricos utilizados para modular la respuesta inmune frente al VRS humano. **Materiales y métodos.** Se realizó una revisión de alcance siguiendo la guía PRISMA-ScR. La búsqueda se efectuó en PubMed, Scopus, Nature Portfolio y LILACS. Se incluyeron estudios preclínicos (in silico, in vitro e in vivo) publicados entre 2014 y 2024, que evaluaran sistemas nanométricos con efectos inmunológicos frente al VRS. Se extrajeron variables relacionadas con las características de los sistemas nanométricos, los modelos experimentales, las condiciones de exposición y los desenlaces inmunológicos reportados. **Resultados.** Se identificaron 55 sistemas nanométricos agrupados en 4 categorías, predominando las nanopartículas orgánicas. Los modelos murinos fueron los más utilizados y las vías de administración predominantes fueron la intranasal e intramuscular. Los sistemas evaluados incluyeron nanoestructuras lipídicas, proteicas, poliméricas, híbridas e inorgánicas, con amplia variabilidad en composición, tamaño, carga antigénica y esquemas de administración. La mayoría promovió respuestas inmunoestimuladoras caracterizadas por inducción de anticuerpos, activación celular y polarización hacia perfiles Th1 o mixtos Th1/Th2. También se identificaron efectos antiinflamatorios y antivirales directos en sistemas específicos, y algunos casos de exacerbación inflamatoria. **Conclusiones.** Los sistemas nanométricos representan una estrategia promisoriosa para modular la inmunidad frente al VRS. La evidencia disponible muestra una amplia diversidad de plataformas y respuestas inmunológicas, aunque persisten limitaciones relacionadas con la estandarización metodológica, la evaluación de seguridad y la traslación clínica de los hallazgos preclínicos.

P-149

Valorización de la cáscara de café como fuente de compuestos bioactivos con actividad frente a los cuatro serotipos de DENV

Gaitán-Veloza G, Loaiza-Cano V, Rojas-Hoyos L, Martínez-Gutiérrez M.
Universidad Cooperativa de Colombia; Sosteli Group.
Envigado
marlen.martinezg@campusucc.edu.co

Introducción. El dengue constituye un importante problema de salud pública debido a las limitaciones en el control del vector, la disponibilidad restringida de vacunas y la ausencia de tratamientos antivirales específicos. En este contexto, los residuos derivados del procesamiento del café representan una fuente promisoriosa de compuestos bioactivos con potencial terapéutico.

Entre ellos, los metabolitos presentes en la cáscara de café podrían contribuir al desarrollo de nuevas estrategias antivirales contra el virus del dengue (DENV). **Objetivos.** Evaluar la actividad antiviral in vitro e in silico de extractos obtenidos de la cáscara de Coffea arabica frente a los cuatro serotipos de DENV. **Materiales y métodos.** La citotoxicidad se determinó en células U937 mediante ensayo MTT. Posteriormente, se analizaron estrategias de pretratamiento, tratamiento simultáneo (trans), postratamiento y tratamiento combinado en células infectadas con cada serotipo viral (MOI: 0,5). La actividad antiviral se determinó mediante cuantificación de partículas infecciosas por plaqueo, carga genómica viral por qPCR y proteínas virales por Cell-ELISA. Adicionalmente, se realizaron estudios de acoplamiento molecular utilizando AutoDock Vina® y análisis de interacciones mediante PyMOL y LigPlot+2. **Resultados.** La evaluación de viabilidad permitió seleccionar una concentración de trabajo del 0,063%. El tratamiento combinado redujo las partículas virales infecciosas en 85,3% para DENV-1, 86,7% para DENV-2, 95,1% para DENV-3 y 39,6% para DENV-4. Las estrategias de pre-, trans- y postratamiento mostraron un efecto virucida frente a DENV-2, con una inhibición del 74,2%. Además, el postratamiento disminuyó la infección por DENV-1, DENV-2 y DENV-3. Los análisis computacionales identificaron al ácido dicafeoilquinico y al ácido clorogénico como los compuestos con mayor afinidad por proteínas virales relevantes. **Conclusiones.** El extracto de cáscara de café presentó actividad antiviral dependiente del serotipo y constituye una fuente prometedora de compuestos bioactivos para el desarrollo de alternativas terapéuticas contra el dengue. Financiación INV 3771-UCC.

P-150

Modelos predictivos para dengue en América latina: revisión sistemática de la literatura

Zuluaga-Molina N, Díaz-Galindo L, Suárez-Sandoval J, Alarcón-Pinzon R, Porras-Pedroza B, Palacios-Ariza M.
Fundación Universitaria Sanitas.
Bogotá
mpalaciosariza@gmail.com

Introducción. El dengue es una de las arbovirosis de mayor carga en América Latina, con epidemias crecientes y patrones espacio-temporales complejos que requieren sistemas de alerta temprana basados en modelos predictivos robustos, interpretables y aplicables en salud pública. **Objetivos.** Caracterizar los modelos predictivos para dengue desarrollados en América Latina según enfoque metodológico, variables de entrada, horizonte de pronóstico y desempeño, con énfasis en incidencia, riesgo de transmisión y temporalidad de brote. **Materiales y métodos.** Se realizó una revisión sistemática mediante búsqueda en Scopus, EMBASE, PubMed y ScienceDirect, sin restricción de fecha, complementada con revisión de referencias. Se incluyeron estudios que desarrollaran, validaran o evaluaran modelos predictivos para dengue en países latinoamericanos, con al menos uno de los desenlaces de interés. Se excluyeron modelos de predicción clínica individual y estudios sin componente formal de modelamiento. Dos revisores realizaron la extracción de información de manera independiente. Se efectuó un análisis descriptivo de las características editoriales, metodológicas y de desempeño. **Resultados.** De 1.081 registros identificados, se eliminaron 587 duplicados, se tamizaron 494 documentos y se evaluaron 95 textos completos; finalmente, se incluyeron 75 estudios publicados entre 2010 y 2026, procedentes de 12 países. Brasil concentró aproximadamente la mitad de las publicaciones, seguido de Colombia, Perú, Ecuador y México. Se identificaron cinco enfoques metodológicos principales: series de tiempo, modelos bayesianos jerárquicos espacio-temporales, aprendizaje automático y profundo, sistemas operativos de alerta temprana y vigilancia digital. Los desenlaces más frecuentes fueron incidencia de casos, superación de umbrales epidémicos y temporalidad de brotes, con horizontes de pronóstico entre una semana y doce meses. Temperatura mínima, índices ENSO y casos históricos fueron predictores consistentes. **Conclusiones.** Los modelos predictivos para dengue en América Latina son heterogéneos; los ensambles que integran variables climáticas, epidemiológicas y de movilidad parecen ofrecer mayor robustez operativa.

P-151

Interfaces enzoóticas de arbovirus y riesgo de emergencia en ecosistemas costeros del Caribe colombiano

Hoyos-López R, Gallego-Gómez J, Mattar S.
Universidad de Córdoba; Universidad de Antioquia.
Montería
richardhoyosl@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. La vigilancia de arbovirus en Colombia se concentra en transmisión urbana clínicamente visible, especialmente dengue. No obstante, puede permanecer oculto la circulación enzoótica de otros arbovirus en manglares, humedales y fragmentos de bosque seco en el Caribe colombiano. **Objetivos.** Analizar la evidencia ecológica, entomológica y virológica disponible sobre la interfaces vector-virus-reservorio-paisaje asociadas con riesgo de emergencia de arbovirus en ecosistemas costeros del Caribe colombiano. **Materiales y métodos.** Entre 2015 y 2026 se realizó un análisis bibliométrico mediante la recopilación de literatura científica en las bases de datos PubMed, Scopus y Scielo. La búsqueda se centró en estudios publicados acerca de la detección molecular de alphavirus y flavivirus, ecología de mosquitos, hospedadores vertebrados, viromas, barcoding, redes de alimentación sanguínea y vigilancia en equinos. El sitio geográfico escogido fue el Caribe colombiano. No se incluyeron humanos ni casos clínicos. **Resultados.** Se encontraron reportes del virus del Nilo Occidental, virus de la encefalitis de San Luis genotipo IV, dengue virus 2, virus de fiebre amarilla, *Culex flavivirus* y virus de la encefalitis equina venezolana subtipo ID en mosquitos de ambientes costeros, rurales o de bosque seco. También se encontraron señales de dengue virus 2 y virus de la encefalitis equina venezolana en murciélagos, actividad de encefalitis equinas en Colombia, diversidad de Culicidae y posibles rutas puente entre aves, mamíferos, equinos, animales domésticos y humanos. Los hallazgos sugieren que el riesgo de emergencia no depende solo de abundancia urbana de *Aedes* o conteo de casos humanos, sino de interacciones ecológicas entre vectores, hospedadores, linajes virales y conectividad del paisaje. **Conclusiones.** El Caribe colombiano debe entenderse como un sistema complejo centinela de interfaces enzoóticas donde la vigilancia integrada One Health puede anticipar señales ecológicas de emergencia antes de brotes clínicamente reconocidos.

P-152

¿Los microplásticos modulan la infección por virus respiratorios? Una revisión sistemática de estudios in vitro e in vivo

Soto-Mora J, Coronel-Ruiz C, Castellanos J, Velandia-Romero M.
Universidad del Bosque.
La Calera
jahirsotoeipi@gmail.com

Introducción. Los microplásticos (MPs) son contaminantes ambientales ubicuos que se han detectado en muestras biológicas, lo que genera preocupación por sus posibles efectos en la salud humana. Sin embargo, se desconoce su impacto en la susceptibilidad y la patogenia inducida por virus respiratorios. **Objetivos.** Identificar la evidencia experimental sobre el efecto de la exposición a MPs en el desarrollo de infecciones virales respiratorias. **Materiales y métodos.** Se realizó una revisión sistemática de estudios publicados hasta abril de 2026 mediante búsquedas en MEDLINE, Embase y Web of Science (PROSPERO: CRD420261353543). Se incluyeron los estudios que evaluaron la exposición a MPs en modelos in vitro e in vivo de infección por virus respiratorios y reportaron desenlaces relacionados con infección, replicación o respuesta del huésped frente a la infección. **Resultados.** Se identificaron cuatro estudios in vitro y uno in vivo. La mayoría evaluó MPs de poliestireno o políster en modelos de infección por influenza A, SARS-CoV-2, virus sincitial respiratorio, coronavirus humano OC43 y adenovirus humano tipo 5. Los estudios in vitro se realizaron en células epiteliales respiratorias e intestinales humanas y mostraron que la exposición a MPs favoreció la entrada, infectividad o replicación viral. Los mecanismos propuestos incluyeron adsorción de viriones a MPs, facilitación de endocitosis e inhibición de la respuesta antiviral innata mediante la vía RIG-I/TBK1/IRF3 y reducción de IFITM3 e interferones tipo I. Algunos estudios sugirieron que la interacción con MPs podría favorecer la estabilización viral a baja temperatura, aumentando el tiempo de infectividad. In vivo, en ratones mACE2-hACE2 infectados con SARS-CoV-2, los MPs indujeron disregulación inmunitaria y firmas proinflamatorias vinculadas a la inhibición de la muerte celular, sin cambios significativos en la carga viral. **Conclusiones.** La evidencia experimental disponible sugiere que los MPs podrían favorecer infecciones respiratorias al promover la estabilidad de los viriones, facilitar su entrada y modular la respuesta inmune innata del huésped.

P-153

Differences in vector competence between classical and recently emergent Oropouche virus strains: a scoping review

Gómez-Marín J, Ruiz-Sáenz J.
Universidad Cooperativa de Colombia; Animal Sciences Research Group.
Medellín
julian.ruizs@campusucc.edu.co

Introduction. Oropouche virus (OROV), also known as Orthobunyavirus oropoucheense, is a re-emerging arboviral threat for the Americas. The most recent outbreak in 2023-2025 was marked by the emergence of novel viral lineages and the introduction of OROV to Cuba, a previously nonendemic region. While *Culicoides paraensis* and *Culex quinquefasciatus* have been described as the main urban vectors, the scale of the outbreak suggests that novel viral lineages driving this epidemiological event may have an increased viral fitness for vector competence. **Objectives.** To map Oropouche virus vector competence experiments and summarize differences observed among strains. **Materials and methods.** This study presents a scoping review of OROV vector competence experiments published as of July 2025. A total of 12 articles on vector competence selected from peer-reviewed journals and preprint repositories were analyzed and compared using a previously reported minimum data and metadata standard for vector competence experiments. **Results.** Midge *Cu. paraensis* and *Cu. sonorensis* consistently demonstrate higher infection and transmission potential than mosquitoes (including *Aedes*, *Culex* and *Psorophora* sp.), which exhibit low infection rates (< 20%), and limited OROV dissemination, implying midgut-level barriers. However, novel strains consistently show increased infection, dissemination and transmission rates across ceratopogonids and mosquitoes, suggesting that the reassortment event and mutations observed in the polymerase and structural proteins of novel OROV strains may enhance replicative efficiency, barrier escape and immune evasion in vectors. **Conclusions.** Despite its recent epidemiological impact, OROV remains a neglected virus. Current evidence indicates that mosquitoes, despite showing limited OROV competence, may get infected and transmit novel lineages more efficiently. Further vector competence research is needed to pinpoint the true repertoire of OROV vectors, and to better assess and predict the risk of viral spread and establishment in non-endemic regions, and for more robust outbreak preparedness, especially beyond the Amazon basin and the broader South America region.

P-154

Caracterización molecular del virus del dengue y sus serotipos en pacientes con sospecha clínica en el municipio de Cúcuta, Norte de Santander, Colombia, durante 2025-2026

Bohada-Lizarazo D, Bravo-Sanabria K, Bustos-Carvajal M, Muñoz-Bedoya L, Rubio-Ruiz S, Parada-Mendoza D, Rodríguez-Martínez R.
Universidad de Pamplona; Clínica Santa Ana.
Pamplona
dppbohada@unipamplona.edu.co

Introducción. El dengue constituye uno de los principales problemas de salud pública en Colombia, causado por un virus ARN de la familia Flaviviridae con cuatro serotipos reconocidos (DENV-1 a DENV-4). La tasa de incidencia en Norte de Santander en el 2025 fue de 597,94 por 100.000 habitantes, superando el promedio nacional. **Objetivos.** Caracterizar molecularmente los serotipos circulantes del virus del dengue en pacientes con sospecha clínica en Cúcuta durante 2025-2026. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional descriptivo de corte transversal en Cúcuta, Colombia, durante 2025-2026. Se incluyeron 89 muestras sanguíneas de pacientes de cualquier edad con sospecha clínica de dengue, definida por fiebre de 2 a 5 días de evolución asociada a cefalea, dolor retroocular, mialgias, artralgias o exantema maculopapular. La confirmación viral se realizó mediante el kit Luna Universal RT-qPCR de un solo paso, amplificando la región 5'-UTR; la serotipificación empleó cebadores dirigidos a las regiones NS5 (DENV-1), E (DENV-2) y prM (DENV-3 y DENV-4). Las variables analizadas incluyeron edad, sexo, presencia de signos de alarma y serotipo viral identificado. **Resultados.** Se analizaron 89 muestras con un rango de edad de 2 meses a 73 años (media: 16 años), con predominio del sexo masculino. Se confirmaron 14 casos positivos (15,73%). La serotipificación reveló cocirculación de DENV-2 (7,14%) y DENV-3 (92,86%). De los 14 casos confirmados, 7 presentaron signos de alarma. La presencia de DENV-2, asociado a mayor riesgo de formas graves, junto a la expansión de DENV-3 en una población con escasa inmunidad cruzada previa, configura un escenario de hiperendemicidad con implicaciones clínicas y epidemiológicas de alta relevancia regional. **Conclusiones.** La cocirculación de DENV-2 y DENV-3 demuestra un patrón de hiperendemicidad en Cúcuta que justifica el fortalecimiento de la vigilancia genómica como herramienta para la detección temprana de cambios epidemiológicos y la orientación de intervenciones de salud pública. Financiación: MinCiencias, código 1121949111633, contrato 1104-2024

P-155

Composición vectorial y diversidad de virus insecto-específicos en dípteros de importancia médica en diferentes regiones de Colombia

Gómez-Marín J, Usme-Ciro J, Parra-Henao G, Martínez-Gutiérrez M, Daza-Figueroa A, Ruiz-Sáenz J.
Grupo de Investigación en Ciencias Animales, Universidad Cooperativa de Colombia; Centro de Investigación en Salud para El Trópico, Universidad Cooperativa de Colombia; Grupo de Investigación en Microbiología Veterinaria, Universidad de Antioquia; Escuela de Ciencias Pecuarias y del Medio Ambiente, Universidad Nacional Abierta y a Distancia. Medellín
julian.ruizs@campusucc.edu.co

Introducción. Colombia es un país hiperendémico en enfermedades arbovirales, tanto urbanas como zoonóticas. Caracterizar la diversidad de vectores y los virus asociados a las comunidades locales de mosquitos es fundamental para comprender los factores ecológicos determinantes en la emergencia y persistencia de diversos arbovirus a nivel local. **Objetivos.** Describir la composición de las comunidades vectoriales en diferentes ecorregiones de Colombia, y la diversidad viral asociada a los vectores encontrados. **Materiales y métodos.** Se realizaron capturas en zonas urbanas, periurbanas y rurales de los departamentos de Antioquia, Boyacá y Magdalena. Se conformaron pools por morfotipo para la clasificación taxonómica y el posterior tamizaje molecular de arbovirus, incluyendo Dengue, Zika, Chikungunya, Fiebre Amarilla, Oropouche y Encefalitis Equinas mediante RT-qPCR. Adicionalmente, se realizó un ensayo piloto de secuenciación de nueva generación (NGS) mediante Oxford Nanopore, para la caracterización metagenómica de diversos agentes virales. **Resultados.** Las comunidades de vectores estuvieron principalmente compuestas por *Aedes aegypti*, *Ae. albopictus*, *Culex* sp., *Psorophora* sp. y *Haemagogus* sp, con diferencias en su proporción y densidad entre regiones, debido a las diferencias en las. Aunque no se detectaron arbovirus por RT-qPCR. Los análisis de las secuencias obtenidas revelaron la circulación activa de virus insecto-específicos (ISVs) pertenecientes a las familias Nudiviridae, Metaviridae, Densovirinae y secuencias de dos fragmentos genómicos de la familia Phasmaviridae, que sugieren la circulación de dos virus del mismo género, resultantes de un evento de reordenamiento genómico. **Conclusiones.** La presencia de los vectores capturados resalta el riesgo potencial de zonas de riesgo y focos para futuros brotes, evidenciando la necesidad de fortalecer los sistemas locales de entomovigilancia y control vectorial. Aún en ausencia de arbovirus, los ISVs detectados son de importancia ecológica, al interferir directamente en la competencia vectorial y la transmisión de arbovirus, por mecanismos de inmunomodulación y superinfección en el mosquito.

P-156

Polisacáridos y extractos crudos de *Ganoderma parvulum* y *Lentinus crinitus* como potenciales antivirales frente al virus de la fiebre amarilla

Saa-Ojeda M, López-Legarda X, Segura-Sánchez F, Bonilla-Porras A, Martínez-Gutiérrez M.
Universidad de Antioquia. Medellín
marlen.martinez@udea.edu.co

Introducción. Ante el aumento de casos en Colombia y la ausencia de antivirales específicos contra el virus de la fiebre amarilla (YFV) surge la necesidad de identificar nuevos compuestos naturales con potencial terapéutico. Los hongos de podredumbre blanca constituyen una fuente promisoría de metabolitos con actividad antiviral. **Objetivos.** Evaluar la actividad antiviral in vitro de polisacáridos y extractos crudos obtenidos biotecnológicamente a partir de *Ganoderma parvulum* y *Lentinus crinitus* frente a YFV. **Materiales y métodos.** Se obtuvieron exopolisacáridos (EPS), intrapolisacáridos (IPS) y extractos crudos mediante fermentación sumergida. El YFV-17D se propagó en células C6/36 y Vero. La citotoxicidad se evaluó en células Huh-7 mediante ensayo MTT y la actividad antiviral mediante una estrategia combinada de pretratamiento, cotratamiento y postratamiento, cuantificando la infección viral por ensayo en placa. **Resultados.** *G. parvulum* y *L. crinitus* produjeron polisacáridos y extractos crudos con rendimientos superiores al 5% por cada 100 g de biomasa fúngica. Los compuestos mostraron baja citotoxicidad, con viabilidades celulares entre 80 y 100% a 50 µg/mL. Los intrapolisacáridos fueron las fracciones con mayor actividad antiviral, alcanzando porcentajes de infección viral de 20,8% en *L. crinitus* y 23,3% en *G. parvulum*. Los extractos crudos también redujeron la infección viral, con 27,9% y 38,1%, respectiva-

mente. Los exopolisacáridos mostraron igualmente efecto antiviral; los de *G. parvulum* alcanzaron 35,7% de infección viral, mientras que los de *L. crinitus* registraron 50,1%. La ribavirina presentó 35,5% de infección viral. En conjunto, los intrapolisacáridos mostraron el mayor efecto antiviral frente a YFV-17D. **Conclusiones.** Los intrapolisacáridos de *L. crinitus* y *G. parvulum* fueron las fracciones con mayor actividad antiviral frente a YFV-17D, al presentar los menores porcentajes de infección viral y la mayor capacidad de inhibir partículas virales infecciosas.

P-157

Co-circulación del virus respiratorio sincitial y metapneumovirus humano en Colombia 2020–2026. un análisis temporal de la red VIRAL-NET

Gutiérrez-Tovar I, Camacho-Moreno G, Londoño J, Márquez K, Patiño J, Arias A, Beltrán-Arroyave C, Monsalve A, López-Medina E, Pallares C, Sierra-García A, Atehortúa-Muñoz S, Rojas J, Romero-Andrade A, Casadiego S, Chaucanez-Bastidas Y, Bravo J, Jaramillo-Estrada L, Ordóñez-Bastidas M, Castro-Garzón C, Díaz-Díaz A.
Servicio de Infectología Pediátrica, Colsubsidio y Santa María del Lago; Departamento de Infectología Pediátrica, Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia (HOMI); Servicio de Infectología Pediátrica, Clínica Infantil Santa María del Lago; Departamento de Infectología Pediátrica, Fundación Clínica Valle del Lili; Departamento de Infectología Pediátrica, Hospital Erasmo Meoz; Departamento de Infectología Pediátrica, Clínica El Rosario Tesoro; Servicio de Infectología Pediátrica, Centro Médico Imbanaco; Universidad El Bosque; Centro de Estudios de Infectología Pediátrica (CEIP); Departamento de Infectología Pediátrica, Hospital Pablo Tobón Uribe (HPTU); Departamento de Infectología Pediátrica, Hospital Universitario del Valle; Departamento de Infectología Pediátrica, Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo; Departamento de Infectología Pediátrica, Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja; Departamento de Infectología Pediátrica, Hospital Infantil Los Angeles; Departamento de Infectología Pediátrica, Clínica del Country; Red Latinoamericana de Vigilancia e Investigación Viral, Viralnet Latam; Departamento de Infectología Pediátrica, Hospital Susana López de Valencia; Grupo de Investigación SUCID, Hospital Susana López de Valencia; Hospital General de Medellín.
Envigado
alejodiaz81@gmail.com

Introducción. El virus respiratorio sincitial (VRS) y el metapneumovirus humano (hMPV), familia Pneumoviridae, causan enfermedad respiratoria aguda baja indistinguible en niños. En países templados el VRS precede sistemáticamente al hMPV; esta relación no ha sido caracterizada en el trópico ecuatorial, donde los patrones estacionales difieren sustancialmente. **Objetivos.** Caracterizar la estacionalidad individual y la co-circulación temporal del VRS y el hMPV en centros colombianos con diagnóstico molecular durante seis temporadas consecutivas. **Materiales y métodos.** Estudio ecológico de series de tiempo con 305 semanas epidemiológicas (SE 32/2020–SE 22/2026), a partir de positividad semanal agregada en 40 centros con diagnóstico molecular (Syndromic Trends, red VIRAL LATAM), predominantemente pediátricos. La concentración del pico anual se cuantificó con estadística circular (R; prueba de Rayleigh). La co-circulación se evaluó con correlación de Pearson por temporada ajustada por autocorrelación. Las series se desestacionalizaron (STL) para distinguir co-variación genuina de coincidencia estacional; especificidad del acople confirmada con correlación parcial condicionando a todos los virus co-circulantes; contrastes con z de Fisher. **Resultados.** El VRS mostró concentración estacional robusta al inicio de la primera temporada de lluvias en las regiones representadas (R=0,96; Rayleigh p=0,004). El hMPV no mostró patrón consistente (R=0,63; p=0,14), con picos entre SE 16 y SE 49, comportándose como actor independiente presente en cualquier ventana del año. La co-circulación fue intermitente: alta en 2022 (r=0,92) y 2023 (r=0,89), no significativa en 2024–2025; el acople aparente en 2026 desapareció tras desestacionalización (r=0,05), revelando artefacto estacional. El acople VRS–hMPV fue específico (correlación parcial r=0,91; IC 95% 0,80–0,97; p=0,003). Dada la heterogeneidad de los centros, los datos no sustentan alarmas estacionales automáticas para el hMPV. **Conclusiones.** En Colombia, el VRS muestra estacionalidad predecible anclada al inicio de lluvias; el hMPV no presenta patrón consistente y debe considerarse en el diagnóstico diferencial durante todo el año. La co-circulación es intermitente y no debe asumirse como la norma.

P-198

Dinámica y desenlaces del Mpox en Cali, Colombia: estudio de cohorte poblacional en el contexto del brote mundial periodo 2022–2025

Muñoz-Lombo J, Oñate-Gutiérrez J, Mosquera-Hernández J, Zuluaga-Aricapa M, Díaz-Rivadeneira L, Díaz-Rivadeneira C, Escobar-Morales G, Ortiz-Carillo M.

Hospital Universitario del Valle; Asociación Colombiana de Infectología ACIN Suroccidente; Clínica Imbanaco; Secretaría Distrital de Salud Pública de Santiago de Cali.

Cali

juan.mosquera4@outlook.com

Introducción. Mpox (antes llamada viruela símica) fue declarada emergencia internacional en el 2022, afectando desproporcionadamente a hombres que tienen sexo con hombres (HSH) y personas con vih (PVV). Cali registró uno de los mayores casos en Colombia. **Objetivos.** Caracterizar la dinámica epidemiológica, perfil sociodemográfico, clínica y mortalidad de la cohorte de mpox en Cali (2022–2025), comparando desenlaces según estado de VIH. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte retrospectivo basado en registros del SIVIGILA. Se analizaron 399 casos confirmados por PCR, comparando subgrupos VIH positivo (n=198) y VIH negativo (n=201). **Resultados.** Se confirmaron 399 casos: 346 (86,7%) en 2022, 13 (3,3%) en 2023, 25 (6,3%) en 2024 y 15 (3,8%) en 2025. La tasa de incidencia acumulada fue 15,2/100.000 en 2022 a 0,66/100.000 en 2025 con 4,4/100.000 para todo el periodo. El 95,2% fueron hombres y el 59,4% tenía entre 30–39 años. El 49,6% convivía con vih, alcanzando el 86,7% de los casos en 2025. Clínicamente, predominaron la erupción cutánea (88,0%), fiebre (65,2%) y úlcera genital (60,2%). La hospitalización fue mayor en PVV (13,6% vs. 10,0%). Se registraron cuatro fallecimientos, todos hombres con vih, estadios C1–C3 y CD4 extremadamente bajos (mediana 67 células/μL, rango 5–155 células/μL), la estancia hospitalaria varió entre 22 y 60 días, falleciendo por sepsis o choque séptico. La fuente de infección fue desconocida en el 80,5% de los casos. **Conclusiones.** La epidemia evolucionó hacia un estado endémico de baja intensidad concentrado en adultos jóvenes y PVV. Este último grupo presentó mayor riesgo de hospitalización y la totalidad de la mortalidad. Es imperativo fortalecer el seguimiento de contactos y priorizar la vacunación en poblaciones vulnerables.

P-199

Evaluación del potencial antioxidante y antiviral de un extracto etanólico derivado de sachá Inchi (*Plukenetia volubilis*) en un modelo de infección por virus dengue-2

Rojas-Mora M, Delgado-Tiría F, Gutiérrez-Álvarez L, Morantes-Medina S.

Universidad El Bosque; Universidad Nacional de Colombia.

Bogotá

mdarojasm@unbosque.edu.co

Introducción. El estrés oxidativo inducido por la infección por dengue desempeña un papel clave en la patogénesis de la enfermedad. La sobreproducción de ROS provoca alteraciones que favorecen la replicación viral y la progresión de la infección. En este sentido, la búsqueda de productos naturales con potencial antioxidante representa una estrategia prometedora para contrarrestar el desequilibrio redox asociado a la infección por el virus dengue. **Objetivos.** Evaluar el potencial antioxidante y antiviral de un extracto etanólico de la cascarrilla de Sachá Inchi en un modelo de infección por virus dengue-2. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio experimental in vitro. El extracto fue caracterizado mediante tamizaje fitoquímico y espectroscopía FTIR. La viabilidad y citotoxicidad se evaluó mediante resazurina y liberación de LDH. La actividad antioxidante por los ensayos de DPPH y DCFH-DA en células HepG2. La actividad antiviral se determinó por reducción del efecto citopático inducido por dengue-2 en células Vero. **Resultados.** El tamizaje fitoquímico evidenció alta presencia de compuestos fenólicos y el FTIR mostró bandas compatibles con grupos hidroxilo, carbonilos y estructuras aromáticas/oxigenadas. Los ensayos de viabilidad y citotoxicidad indicaron que el extracto fue seguro en concentraciones ≤ 500 μg/mL. En DPPH, el extracto presentó actividad captadora de radicales, con IC₅₀ de 26,93 μg/mL y TEAC de 0,19. En DCFH-DA, no se observó una relación lineal entre las concentraciones del extracto y los valores de actividad antioxidante celular (CAA); en HepG2, las concentraciones más bajas mostraron efecto prooxidante y a 500 μg/mL se observó un efecto antioxidante. En el modelo de infección por dengue-2, el extracto redujo el efecto citopático a 125 μg/mL. **Conclusiones.** El extracto etanólico de cascarrilla de

Sachá Inchi mostró actividad antioxidante y antiviral preliminar frente al virus dengue-2 en concentraciones no citotóxicas, sin embargo no se observó una correlación entre las concentraciones antioxidantes y antivirales. Financiación: Grupo virología & Semillero BioFarma- INQA.

P-200

Evaluación del potencial antiviral de cafeína y teobromina identificados en el extracto de cascarrilla de *Theobroma cacao* L. en un modelo de infección con virus Chikungunya

Ramírez-Acosta C, Salgado-Peña A, Morantes S, Gutiérrez-Álvarez L, Delgado-Tiría F.

Universidad El Bosque; Universidad Nacional de Colombia; ICTA.

Bogotá

delgadofelix@unbosque.edu.co

Introducción. La creciente incidencia de infecciones por el virus Chikungunya (CHIKV) en América Latina y la ausencia de un tratamiento antiviral específico, representan un desafío para la salud pública. Ante esta emergencia, la búsqueda de alternativas terapéuticas basadas en productos naturales es prioritaria. **Objetivos.** El objetivo del presente trabajo es determinar la actividad antiviral in vitro de los compuestos mayoritarios presentes en el extracto de cascarrilla de *Theobroma cacao* L. (CBS, "Cocoa Bean Shell") contra el CHIKV. **Materiales y métodos.** Para esto, células BHK-21 fueron expuestas a diferentes concentraciones de los tratamientos (teobromina, cafeína, teobromina:cafeína (5:2) y extracto CBS) evaluando viabilidad por resazurina, actividad antiviral mediante la cuantificación de la reducción del efecto citopático (ECP) inducido por el virus y RT-qPCR. **Resultados.** Los resultados indican que los tratamientos empleados no afectan la viabilidad celular pasadas 24h y 48h. Se confirmó que el extracto CBS mostró potencial antiviral al reducir significativamente el ECP y el número de copias del genoma viral a las 48 horas post- infección, exhibiendo un mayor efecto a 125 μg/mL. La teobromina y la cafeína evaluadas individualmente y en combinación, mostraron actividad inhibitoria contra CHIKV en las concentraciones más bajas evaluadas (39 μM, 312,5 μM y 39:15,6 μM, respectivamente). **Conclusiones.** En conclusión, el potencial antiviral del extracto de CBS sugiere un efecto sinérgico de sus metabolitos secundarios y no exclusivamente a los compuestos teobromina y cafeína, postulándolo como base para el desarrollo de nuevos agentes fitoterapéuticos contra CHIKV. Financiación: Recursos propios del Grupo de Virología y semillero BioFarma.

TRABAJOS COMPLETOS

PRESENTACIONES ORALES

VIH

TCO-001

Antígeno urinario lipoarabinomano (ulF-lam) y Xpert MTB/RIF ultra para el diagnóstico de tuberculosis en personas que viven con VIH en un hospital público de alta complejidad en Colombia

Martínez-Buitrago E, Gartner-López E, Manrique-Castaño S, Álvarez-Payares J, Murillo-Ortiz M, Matta-Cortés L.

Universidad del Valle; Hospital Universitario del Valle.

Cali

estefaniagart@gmail.com

Introducción. La prueba urinaria de lipoarabinomano de flujo lateral (ulF-LAM Determine™, Abbott) ha sido utilizada sola o en combinación con Xpert® MTB/RIF Ultra para el diagnóstico de tuberculosis en personas que viven con VIH (PVVIH), con resultados favorables en países africanos. Sin embargo, existe escasa evidencia en Latinoamérica. **Objetivos.** Evaluar el rendimiento diagnóstico de ulF-LAM sola y en combinación con Xpert MTB/RIF Ultra en una cohorte de PVVIH hospitalizadas en un hospital público de alta complejidad en Cali, Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio observacional prospectivo de exactitud diagnóstica. Se incluyeron adultos con VIH hospitalizados por sospecha de tuberculosis pulmonar o extrapulmonar. Se les realizó ulF-LAM y, cuando fue posible, Xpert MTB/RIF Ultra. La tuberculosis microbiológicamente confirmada se definió por un resultado positivo del cultivo

de *Mycobacterium tuberculosis* y/o de Xpert MTB/RIF Ultra. **Resultados.** Entre abril de 2020 y abril de 2023 se incluyeron 138 participantes. La mediana de edad fue 38 años (RIC 30–47) y la mediana del recuento de LTCD4+ fue de 41 células/mm³ (RIC 18–119). Se identificaron 60 casos de tuberculosis, de los cuales 45 se confirmaron microbiológicamente. Utilizando como estándar de referencia la confirmación microbiológica, uLF-LAM mostró una sensibilidad de 60%, una especificidad de 78% y un área bajo la curva (AUC) de 0,69 (IC95% 0,61–0,78). La sensibilidad fue de 61,5% en participantes con LT CD4+ < 100 células/mm³ y de 57,9% en aquellos con recuentos >100 células/mm³. La estrategia combinada uLF-LAM y/o Xpert MTB/RIF Ultra alcanzó una sensibilidad de 93%, una especificidad de 78% y un AUC de 0,92 (IC95% 0,87–0,96). **Conclusiones.** ULF-LAM mostró un rendimiento diagnóstico moderado para la detección de tuberculosis en PVVIH hospitalizadas. Su combinación con Xpert MTB/RIF Ultra alcanzó una sensibilidad de 93%, respaldando su uso como estrategia diagnóstica complementaria para favorecer la detección temprana y el inicio oportuno del tratamiento.

TCO-002

Immunomodulatory properties of acetyl salicylic acid during in vitro models of HIV infection

Gallego S, Pérez-Ocampo J, Zapata-Builes W, Hernández J, Taborda N. Internal Medicine Resident; Universidad Cooperativa de Colombia; Faculty of Medicine, Infettare; Medicine Program; Corporación Universitaria Remington; Uniremington Biomedical Research Group. Medellín salomon.sgg@gmail.com

Introduction. Chronic HIV-1 infection induces a persistent chronic proinflammatory state. While Aspirin (ASA) is recognized for its immunomodulatory potential via NF- κ B inhibition, its clinical efficacy in people living with HIV (PLWH) remains controversial. **Objectives.** To determine the in vitro immunomodulatory effect of ASA on peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) from PLWH. **Materials and methods.** PBMCs isolated from PLWH on antiretroviral therapy and healthy controls were pre-treated with therapeutic doses of Aspirin before proinflammatory molecules measurement. Metabolic viability was verified via MTT assays. Gene expressions of NLRP3, IL-1 β , and CASP1 were quantified by RT-qPCR (normalized to PGK1), and secreted IL-1 β and IL-6 levels were measured by ELISA. **Results.** In healthy donors, Aspirin achieved a robust, synchronized shutdown of the transcriptional machinery required to abrogate IL-1 β secretion ($p < 0.05$). Conversely, a statistically significant residual elevation of IL-6 persisted. In the PLWH cohort, absolute fold-change scales of inflammasome transcripts were narrower and displayed lower vertical peaks, highlighting an immune-ceiling effect from chronic in vivo pre-sensitization. Despite this altered baseline, aspirin treatment successfully achieved a highly consistent, uniform, and synchronized suppression of both IL-1 β and IL-6 production ($p < 0.05$). **Conclusions.** Aspirin effectively downregulates NLRP3 inflammasome activation at the transcriptional level and IL-1 β . Despite an immune-ceiling effect in PLWH, ASA restores a synchronized suppression of core pyrogenic cytokines, providing a clear molecular mechanism that supports its therapeutic potential against chronic HIV-associated inflammation.

TCO-003

«La PrEP: un aborto al VIH»: percepciones y barreras de los médicos generales sobre la profilaxis preexposición en Medellín

Medina-Jiménez N, Ramos-Jaraba S. Universidad CES. Medellín medina.natalia@uces.edu.co

Introducción. A pesar de la alta eficacia de la profilaxis preexposición (PrEP) con tenofovir/emtricitabina (TDF/FTC) contra el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH), su implementación en Colombia enfrenta diferentes barreras. Aunque los médicos generales son la puerta de entrada principal para acceder a esta estrategia, persisten limitantes como el bajo índice de prescripción, el desconocimiento técnico, la falta de capacitación y preocupaciones ético-conductuales en el talento humano. Ante este panorama, resulta fundamental describir, desde la experiencia del médico general, la percepción sobre el uso y prescripción de la PrEP en Medellín. **Objetivos.** Describir las percepciones de los médicos generales sobre el uso y prescripción de la profilaxis preexposición (PrEP) en Medellín, Colombia. **Materiales y métodos.** Investigación cualitativa con bases en los principios de la teoría fundamentada. Se

realizaron 11 entrevistas semiestructuradas a profesionales de medicina general en Medellín y su área metropolitana. El análisis de los discursos se guió por el método de comparación constante y se procesó mediante el software ATLAS.ti (versión 23.2.1). **Resultados.** Los participantes valoran la PrEP como una herramienta eficaz que optimiza la calidad de vida y favorece la salud pública, conceptualizándola metafóricamente como «un aborto al VIH». Identifican como elegibles a poblaciones clave, parejas serodiscordantes y usuarios con conductas de riesgo; sin embargo, el acceso depende casi exclusivamente de la solicitud voluntaria del paciente. Persisten temores clínicos y conductuales sobre la nefrotoxicidad, la emergencia de cepas resistentes y la incidencia de otras infecciones de transmisión sexual (ITS) por la omisión del preservativo. Finalmente, emergen barreras morales que catalogan la estrategia como una «alcahuetería» frente al ejercicio sexual. **Conclusiones.** A pesar de reconocer la alta eficacia de la PrEP, la prescripción de los médicos en Medellín se ve frenada por diversos prejuicios y temores clínicos, brechas que exigen capacitación y demanda inducida urgente.

TCO-004

Impacto metabólico, hepático y renal del inicio o cambio a inhibidores de la integrasa en personas viviendo con VIH: cohorte retrospectiva colombiana

Salazar-Urbano A, Martínez-Sánchez M, Alonso-Sánchez A, Pedraza-Lara J, Cadena-Rueda D, López-Bernal P, Sussman-Peña O. Clínica Palermo; Universidad Antonio Nariño; Infectoclínicos IPS; Hospital Universitario San Rafael de Tunja; Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia; Universidad Nacional de Colombia. Tunja asalazar59@uan.edu.co

Introducción. Los inhibidores de la integrasa (INSTI) constituyen el estándar del tratamiento antirretroviral (TARV); sin embargo, su impacto metabólico a largo plazo en condiciones de práctica clínica real en Colombia es insuficientemente conocido. **Objetivos.** Evaluar el impacto del inicio o cambio a TARV basado en INSTI sobre los perfiles lipídico, antropométrico, glucémico, hepático y renal durante 36 meses de seguimiento, e identificar factores asociados a dislipidemia incidente en pacientes sin dislipidemia basal. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva de la cuenta de alto costo de Colombia. Se incluyeron personas viviendo con VIH (PVV) ≥ 18 años con inicio o cambio documentado a INSTI. Los desenlaces se evaluaron en cinco puntos semestrales (T0–T4). El análisis bivariado de dislipidemia incidente, restringido a pacientes sin dislipidemia basal, utilizó U de Mann-Whitney para variables continuas, y chi-cuadrado o prueba exacta de Fisher con OR e IC 95% por método de Woolf para variables categóricas. **Resultados.** Se incluyeron 636 PVV; 89,6% hombres, edad mediana 43 años (RIC 33–55). El 84,0% eran experimentados. El régimen más prescrito fue dolutegravir/lamivudina (59,4%). A los 36 meses se observó reducción sostenida del colesterol total (Δ mediana -4 mg/dL; RIC -37 a $+31$) y triglicéridos (-5 mg/dL; RIC -57 a $+38$), ganancia progresiva de peso ($+4$ kg; RIC 0–8), y estabilidad de función renal (Δ creatinina $+0,1$ mg/dL) y hepática (Δ ALT $-1,1$ U/L). En el análisis bivariado de dislipidemia incidente ($n=197$ sin dislipidemia basal), el estatus naïve fue el único factor asociado significativamente (OR 2,92; IC 95% 1,44–5,92; $p=0,002$). Ningún régimen INSTI mostró asociación significativa. **Conclusiones.** En esta cohorte colombiana, el inicio o cambio a INSTI se asoció con estabilidad metabólica, renal y hepática a 36 meses; el inicio de INSTI como primer régimen (naïve) fue el principal predictor de dislipidemia incidente para la cohorte.

TCO-005

Discordancia entre el control virológico y la calidad de vida percibida en personas que viven con VIH: estudio transversal en una IPS especializada de Bogotá

Bernal I, Arévalo-Mora L, Rojas-Murillo J, Moreno J, Agudelo E, López J, Sussmann O. Infectoclínicos IPS. Bogotá larevalom79@hotmail.com

Introducción. El éxito de la terapia antirretroviral ha transformado el VIH en una condición crónica controlable, desplazando el foco de atención desde la supervivencia hacia la calidad de vida. Sin embargo, persiste incertidumbre

sobre la contribución relativa de los factores clínico-inmunológicos y psicosociales en la percepción de bienestar de las personas con VIH. **Objetivos.** Identificar los determinantes biopsicosociales asociados a calidad de vida baja y cuantificar la contribución relativa de los dominios sociodemográfico, clínico-inmunológico y psicosocial en personas que viven con VIH en Bogotá. **Materiales y métodos.** Estudio transversal realizado en 652 personas con VIH atendidas en una IPS especializada entre 2021 y 2025. La calidad de vida se evaluó mediante el Inventario de Calidad de Vida y Salud (INCAVISA). El desenlace principal fue calidad de vida baja (puntaje ≤ 4). Se realizaron análisis bivariados, regresión logística multivariable, modelos jerárquicos por bloques y aprendizaje automático mediante Random Forest. **Resultados.** Mediana de edad 38 años; 92,9% hombres, el 78,2% presentaba carga viral indetectable y la mediana de CD4 fue 528 células/ μL . El 28,8% reportó calidad de vida baja. En el análisis ajustado, los principales factores asociados fueron evento estresante reciente ($\text{ORa}=3,79$; $\text{IC95\%}:2,56-5,61$) y suceso vital en los últimos siete meses ($\text{ORa}=1,71$; $\text{IC95\%}:1,14-2,56$), mientras que mayor edad ($\text{ORa}=0,69$; $\text{IC95\%}:0,56-0,85$) y educación superior ($\text{ORa}=0,58$; $\text{IC95\%}:0,36-0,94$) mostraron efecto protector. Ninguna variable clínico-inmunológica, incluyendo CD4, carga viral, estadio CDC o falla terapéutica, se asoció con calidad de vida baja. El dominio clínico-inmunológico aportó solo 0,3% de varianza explicada adicional, frente a 13,7% del dominio psicosocial. Entre pacientes con control clínico óptimo, 25,9% presentaron calidad de vida baja. **Conclusiones.** La calidad de vida en personas con VIH está determinada principalmente por factores psicosociales y no por el control biológico de la infección. Los resultados respaldan la incorporación sistemática de tamizaje psicosocial y salud mental en los programas de atención, especialmente en pacientes jóvenes y expuestos a eventos estresantes recientes.

Virología

TCO-006

Prevalencia de genotipos del virus del papiloma humano (PVH) y su relación con los hallazgos citológicos en muestras de cuello uterino

Fandiño-Devia E, Tejada-Urrego G, Paternina-Mercado F, Ramírez-Espinosa V, Rivera J, Ospina-Ospina S.
Grupo de Investigación Proclínico Apoyo Diagnóstico; Colegio Mayor de Antioquia; Universidad EIA.
Bello
investigacion@proclinico.com.co

Introducción. La infección por el virus del papiloma humano (VPH) constituye una de las infecciones de transmisión sexual más frecuentes a nivel mundial y representa el principal factor etiológico del cáncer de cuello uterino, especialmente en infecciones asociadas a genotipos de alto riesgo como VPH16 y VPH18. En América Latina y Colombia, el cáncer cervical continúa siendo un importante problema de salud pública. Las pruebas moleculares basadas en PCR permiten no solo la detección y genotipificación viral, sino también una estimación indirecta de la carga viral mediante los valores de Ct (Cycle threshold). **Objetivos.** Describir la prevalencia de genotipos de VPH y su relación con los hallazgos citológicos y los valores de Ct en muestras cervicales procesadas en un laboratorio de referencia del departamento de Antioquia durante el año 2025. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de corte transversal realizado en mujeres entre 19 y 74 años, a quienes se les realizó prueba molecular para detección y genotipificación de VPH de alto riesgo y citología cervical en caso de prueba molecular positiva. Se realizó un análisis estadístico descriptivo utilizando IBM SPSS Statistics versión 29.0. **Resultados.** Se incluyeron 1.044 muestras positivas para VPH de alto riesgo. La mediana de edad fue de 43 años (RIC: 35–55). Los genotipos más frecuentes fueron VPH16 (14,5%), VPH52 (10,1%), VPH68 (8,3%) y VPH58 (8,0%). Aunque predominaron las citologías negativas, las alteraciones citológicas se asociaron principalmente con VPH16, VPH52, VPH58 y VPH45. Se observaron coinfecciones frecuentes, especialmente con VPH68, VPH58, VPH52 y VPH31. Además, los genotipos más prevalentes presentaron valores de Ct compatibles con cargas virales detectables, predominando niveles intermedios y altos. **Conclusiones.** Los resultados muestran una alta frecuencia de genotipos oncogénicos de VPH, especialmente VPH16, y una asociación entre infección viral, carga viral y alteraciones citológicas, destacando la utilidad de la vigilancia molecular para fortalecer el tamizaje y la prevención del cáncer cervical.

TCO-013

Proof-of-concept disposable electrochemical Immunosensor for dengue NS1 detection

Arango-Devia N, Cruz-Pacheco A, Castaño-Osorio J, Padilla-Sanabria L.
University of Quindío; University of Antioquia.
Armenia
naarango1@uniquindio.edu.co

Introduction. Dengue remains a major public health challenge in tropical and subtropical regions, creating a growing demand for rapid, accessible, and reliable diagnostic technologies. Non-structural protein 1 (NS1), a biomarker present during the acute phase of infection, represents an attractive target for early diagnosis and the development of point-of-care detection platform. **Objectives.** To develop and evaluate a label-free electrochemical immunosensor based on a locally produced monoclonal anti-NS1 antibody for the sensitive detection of dengue virus NS1 protei. **Materials and methods.** Disposable screen-printed carbon electrodes were electrochemically activated and functionalized with a monoclonal anti-NS1 antibody produced at Universidad del Quindío. Methylene blue was employed as an electroactive reporter and bovine serum albumin was used for surface blocking. Differential pulse voltammetry was used to monitor NS1 recognition through changes in the methylene blue oxidation signal. Analytical performance, reproducibility, selectivity, and applicability in serum-spiked samples were evaluated. **Results.** The developed immunosensor exhibited a concentration-dependent decrease in the electrochemical signal following NS1 recognition. Under optimized conditions, a linear response was obtained between 0.5 and 50 ng mL^{-1} ($R^2 = 0.996$). The limit of detection and limit of quantification were 1.42 and 4.74 ng mL^{-1} , respectively. The platform successfully recognized NS1 proteins from all four dengue virus serotypes and demonstrated minimal response toward Zika virus, indicating good selectivity. Detection of NS1 in spiked human serum yielded an average recovery of $81.4 \pm 2.8\%$, while reproducibility studies showed relative standard deviation values below 6.2%. **Conclusions.** A proof-of-concept label-free electrochemical immunosensor for dengue NS1 detection was successfully developed using a locally produced monoclonal antibody. The platform combines simplicity, sensitivity, and selectivity while enabling detection in serum samples without labeling steps. These findings support future development of low-cost point-of-care diagnostic devices for dengue-endemic regions.

TCO-014

Vesículas extracelulares de células infectadas con virus Zika, inducen cambios en la función de las células de la barrera hematoencefálica

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

Introducción. El virus del Zika (ZIKV) puede causar alteraciones neurológicas severas y persistir en el tejido nervioso. Sin embargo, los mecanismos involucrados en su ingreso al sistema nervioso central y en el daño asociado no están completamente esclarecidos. Las vesículas extracelulares (EVs) podrían participar en estos procesos, aunque su papel en la neuropatogénesis permanece poco conocido. **Objetivos.** Determinar la participación de las EVs derivadas de células del tejido nervioso infectadas con ZIKV en la disfunción de la barrera hematoencefálica (BHE) y en la alteración de la función neuronal. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio experimental in vitro utilizando cultivos primarios de astrocitos, neuronas corticales y células endoteliales cerebrales microvasculares (MBEC) de ratones neonatos infectados con ZIKV. Las EVs fueron aisladas y caracterizadas mediante análisis de nanopartículas, inmunoblot, transcriptómica y proteómica. La presencia de material viral se evaluó mediante análisis in silico, PCR digital y ensayos de infectividad. Su efecto funcional se analizó en un modelo in vitro de BHE y en cultivos neuronales. **Resultados.** Las EVs derivadas de neuronas y MBEC transportaron ARN viral infeccioso. Las EVs de MBEC infectadas alteraron la integridad de la BHE de manera dependiente de la topología de contacto, sugiriendo un papel en el acceso y establecimiento del virus en el tejido nervioso. Además, el pretratamiento neuronal con estas EVs redujo la disfunción mitocondrial inducida por ZIKV, preservó la arborización neurítica y promovió un fenotipo mitocondrial funcional asociado con un estado antioxidante. **Conclusiones.** Las EVs desempeñan un papel dual durante la infección por ZIKV, favoreciendo la propagación viral y respuestas neuroprotectoras que podrían facilitar

el establecimiento del virus en el tejido nervioso. Estos hallazgos amplían la comprensión de la neuropatogénesis del ZIKV y posicionan a las EVs como potenciales dianas terapéuticas.

Resistencia bacteriana

TCO-007

Development and internal validation of a clinical prediction model for carbapenem-resistant gram-negative bacteria rectal colonization in hospitalized adults in Colombia

Martínez-Vernaza S, Díaz-Brochero C, Garzón-Herazo J, Aguilar J, Cantor E, Bejarano C, León-Sanabria N, Alvarado E, Narváez M, Uscátegui W, Romero M, Segura S, Córtes G, Valderrama-Beltrán S. *Hospital Universitario San Ignacio; Department of Internal Medicine, Faculty of Medicine, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá*
martinez.samuel@javeriana.edu.co

Introduction. Carbapenem-resistant Gram-negative bacteria (CR-GNB) represent a major challenge for hospital infection control. Systematic rectal swab surveillance is often not feasible in resource-limited settings, underscoring the need for risk-stratification tools. **Objectives.** To develop and internally validate a prediction model for CR-GNB rectal colonization in hospitalized adults. **Materials and methods.** We conducted a retrospective cohort at a high-complexity university hospital in Colombia (2024-2025). Adults undergoing CR-GNB rectal swab screening in intensive care, internal medicine, and haemato-oncology wards were randomly selected. Patients with CR-GNB colonization or infection within the preceding 12 months were excluded. A multivariable logistic regression model was developed using candidate predictors related to patient characteristics, antimicrobial exposure, invasive procedures, and comorbidity burden. Model discrimination and calibration were assessed through bootstrap internal validation, and decision curve analysis was performed to evaluate potential clinical utility. **Results.** Among 1,537 patients, 162 (10.5%) had a positive rectal swab for CR-GNB. The final model included six predictors: Beta-lactam exposure, surgical procedures, sex, pressure injuries, non-surgical invasive procedures, and the Charlson Comorbidity Index. On internal validation, the model showed acceptable discrimination (optimism-adjusted AUC: 0.75; 95% CI, 0.71-0.78), adequate calibration (Slope: 0.94; 95% CI, 0.75-1.18), and low prediction error (Brier score: 0.089). A 0.20 specificity-prioritizing threshold achieved 0.86 specificity (95% CI, 0.84-0.87). Decision curve analysis showed positive net benefit across threshold probabilities between approximately 5% and 22%. **Conclusions.** To our knowledge, this is the first internally validated prediction model for CR-GNB rectal colonization in a mixed-ward Latin American population. Using available clinical variables, the model may support targeted risk-based screening and early implementation of infection prevention measures in settings where universal surveillance is not feasible. Rather than replacing microbiological screening, it may serve as a triage tool to identify patients at sufficiently high risk to prioritize infection control interventions. External validation and prospective impact studies are required before routine implementation.

TCO-008

Clinical effectiveness of ceftazidime-avibactam plus Aztreonam for bloodstream infections caused by metallo- β -lactamase-producing Enterobacterales in a high KPC plus NDM co-production setting

Cubides-Díaz D, Cortés J, Valderrama-Beltrán S, López-Salazar J, Saavedra-Trujillo C, Sierra-Parada C, Restrepo-De Vivero Á, Pimiento-Díaz M, Rodríguez-Quintero J, Calderón-Vargas C, Arboleda-Guerra S, Sánchez-Aguirre J, Álvarez-Moreno C. *Clínica del Country; Hospital Universitario Nacional; Hospital Universitario San Ignacio; Hospital Universitario la Samaritana; Centro de Investigaciones Microbiológicas del Cesar; Clínica Sebastián de Belalcázar; Universidad Nacional de Colombia; Clínica Colsanitas S.A. Bogotá*
dicubidesd@unal.edu.co

Introduction. Metallo- β -lactamase (MBL)-producing Enterobacterales bloodstream infections are associated with high mortality and limited therapeutic options. Evidence supporting ceftazidime-avibactam (CAZ-AVI) plus aztreonam (ATM) in regions with frequent enzymatic co-production remains

limited. We compared CAZ-AVI plus ATM with best available therapy (BAT) in a highly endemic co-production setting. **Objectives.** To evaluate the comparative clinical effectiveness of treatment with CAZ-AVI plus ATM versus the BAT in adult patients with bacteremia due to metallo- β -lactamase-producing Enterobacterales, with or without enzymatic co-production. **Materials and methods.** We conducted a multicenter retrospective cohort study across 14 Colombian hospitals (January 2022–March 2025). Adults with confirmed MBL-producing Enterobacterales bacteremia were included, regardless of enzymatic co-production. The primary outcome was 30-day all-cause mortality; secondary outcomes were infectious relapse and treatment-related acute kidney injury. Mortality was evaluated using an inverse probability of treatment weighting (IPTW) and covariate-adjusted Cox model, whereas secondary outcomes were evaluated using IPTW-weighted and covariate-adjusted logistic regression models. **Results.** We included 215 patients: 150 (69.8%) received CAZ-AVI plus ATM and 65 (30.2%) received BAT. Among 209 patients (97.2%) with molecular characterization, carbapenemase co-production was identified in 83.7%, mostly KPC plus NDM co-production (81.3%). IPTW achieved excellent balance across propensity score covariates. CAZ-AVI plus ATM was associated with lower 30-day mortality than BAT (aHR, 0.50; 95% CI, 0.28–0.88; $P = .016$). Results were consistent in conventional Cox regression (aHR, 0.52; 95% CI, 0.29–0.91) and after excluding patients without molecular characterization (aHR, 0.49; 95% CI, 0.27–0.86). Infectious relapse and treatment-related acute kidney injury did not differ significantly between groups. **Conclusions.** CAZ-AVI plus ATM was associated with significantly lower 30-day mortality than BAT in patients with MBL-producing Enterobacterales bloodstream infections, despite frequent enzymatic co-production with serine-carbapenemases.

TCO-009

Desarrollo de una estrategia basada en bacteriófagos para el control de bacterias multirresistentes y biopelículas de importancia clínica y ambiental: una aproximación one health

Salazar-Ospina L, Tellez-Carrasquilla S, Zapata-Montoya M, Roncancio G, Hoyos J, Jiménez-Quiceno N. *Línea de Epidemiología Molecular y Resistencia Bacteriana (EPIMOL), Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICRO-BA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín*
lorena.salzaro@udea.edu.co

Introducción. La resistencia antimicrobiana representa una prioridad global bajo el enfoque One-Health. El impacto creciente de bacterias multirresistentes y biopelículas entornos clínicos y ambientales, sumada al agotamiento de las alternativas terapéuticas disponibles, demanda el desarrollo de estrategias innovadoras, como los bacteriófagos, para su prevención y control. **Objetivos.** Desarrollar y evaluar una estrategia basada en bacteriófagos para el control de bacterias resistentes a antibióticos y biopelículas de importancia clínica y ambiental. **Materiales y métodos.** Estudio experimental desarrollado entre 2021 y 2025. Se aislaron bacteriófagos a partir de aguas residuales y otras matrices ambientales utilizando como hospedadores aislamientos clínicos de *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos, *Escherichia coli* BLEE, *Staphylococcus aureus* y *Pseudomonas aeruginosa* resistentes a betalactámicos. Los bacteriófagos fueron caracterizados biológica y funcionalmente. Posteriormente se diseñaron cócteles optimizados y se evaluaron en dispositivos ortopédicos, superficies hospitalarias, aguas residuales simuladas y sistemas de distribución de agua potable. Se determinaron rango de hospedero, reducción bacteriana y prevención de biopelículas. **Resultados.** Se obtuvo una colección de 24 bacteriófagos líticos activos contra patógenos prioritarios para la salud pública. Los cócteles ampliaron el rango de hospedero hasta 85,7% para *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos y 65% para *E. coli* BLEE. En dispositivos ortopédicos previnieron entre 98,6% y 100% de la formación de biopelículas de *S. epidermidis* y, en combinación con tetraciclina, lograron inhibición completa de biopelículas de *S. aureus*. En superficies hospitalarias alcanzaron reducciones de hasta 99,99%; en aguas residuales simuladas, reducciones de hasta 4,12 Log para *K. pneumoniae* y 3,1 Log para *E. coli*. Un bacteriófago individual redujo 91,17% la formación de biopelículas de *P. aeruginosa* productora de blaVIM. **Conclusiones.** Los bacteriófagos demostraron alta capacidad para controlar bacterias multirresistentes y biopelículas en escenarios clínicos y ambientales. Estos resultados consolidan una plataforma Colombiana para el desarrollo de soluciones innovadoras frente a la RAM, con potencial aplicación con un enfoque One-Health.

PROA

TCO-010

Implementación del programa de optimización de antimicrobianos en un hospital de tercer nivel en Boyacá, Colombia: evaluación cuasiexperimental de la calidad de la prescripción y el uso de antibióticos

Sánchez-Pardo S, Reyes-Peña S, Mora-Robayo E, Ramírez-B L, Mejía-A Y, Fernández-R A, Suárez-G T, Palacios-A M.
Hospital San Rafael de Tunja; Fundación Universitaria Sanitas. Cajicá
sasanchez21@hotmail.com

Introducción. La resistencia a los antimicrobianos (RAM) constituye una amenaza creciente para la salud pública mundial, en 2019 se registraron alrededor de 4,95 millones de muertes asociadas a infecciones bacterianas resistentes. **Objetivos.** Evaluar el efecto del PROA sobre la adecuación de la prescripción y el consumo de antimicrobianos. **Materiales y métodos.** Estudio cuasi-experimental se compararon las prescripciones de antimicrobianos antes (junio-diciembre de 2023) y después (enero-julio de 2024) de la implementación del programa. Se incluyó a pacientes adultos hospitalizados que recibieron antimicrobianos de amplio espectro durante ≥ 48 horas. Se evaluó la idoneidad de la prescripción y las desviaciones en la dosis y el horario mediante una auditoría prospectiva y comentarios de un equipo multidisciplinar. El consumo se midió utilizando dosis diarias definidas por cada 100 días-paciente. Se utilizó un modelo de regresión probit para evaluar la asociación entre el tipo de prescriptor y la idoneidad de la prescripción. Se abordó la confusión utilizando un grafo acíclico dirigido para determinar el conjunto de ajuste mínimo. **Resultados.** De las 3.845 prescripciones de 2.491 pacientes, se observó una mejora significativa en la precisión de la dosificación y la idoneidad de estas tras la implementación del PROA ($p < 0,001$). El uso de amikacina y piperacilina/tazobactam disminuyó en un 47,4% y un 48,9%, respectivamente, mientras que el uso de ceftriaxona aumentó en un 52,9%. **Conclusiones.** El PROA mejoró la prescripción de antimicrobianos y redujo el uso de determinados antibióticos de amplio espectro.

Micología

TCO-011

Development and validation of an ex vivo-burned porcine skin wound model to evaluate the antifungal efficacy of Nanoencapsulated Amphotericin B formulations against mucormycosis

Ceballos A, Almeciga P, Alvarado J, Bermúdez-Vargas J, Díaz-Ariza I, Parra C, Pérez L.
Universidad del Rosario; Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca; Universidad Nacional de Colombia; Universidad Europea. Bogotá
carlos.ceballos@urosario.edu.co

Introduction. Mucormycosis is a life-threatening angioinvasive fungal infection, with mortality exceeding 50%. In burn patients, cutaneous mucormycosis is particularly aggressive, and conventional amphotericin B (AmB) is limited by poor tissue penetration, high nephrotoxicity, and lack of accessibility in low- and middle-income countries (LMICs). Nanoencapsulation offers a strategy to improve AmB delivery and reduce toxicity. **Objectives.** To establish and validate an ex vivo-burned porcine skin model for *Mucor* circinelloides infection, and to evaluate the prophylactic and therapeutic efficacy of nanoencapsulated AmB formulations (nAmB) compared to conventional AmB deoxycholate (dAmB). **Materials and methods.** An experimental ex vivo study was conducted in Bogotá, Colombia, between September 2025 and April 2026. Porcine skin explants (3×3 cm) from abattoir-sourced tissue were subjected to controlled third-degree burns. Explants were inoculated with clinical isolates of *M. circinelloides* (identified by ITS sequencing). Three nAmB formulations (mPEG-b-PCL, mPEG-b-PCL-PDMAEMA, mPEG-b-PCL-chitosan; 0.02% AmB, 20 μ L) were applied topically in prophylactic (4 h pre-inoculation) and therapeutic (4 h and 24 h post-inoculation) regimens. Fungal burden was quantified at 48 h by CFU/explant ($\log_{10}$). Controls included untreated infected, vehicle, and uninfected explants. All conditions were tested in triplicate. **Results.** ITS sequencing confirmed all isolates as *M. circinelloides* ($\geq 99\%$ identity). The PDMAEMA formulation showed optimal physicochemical properties (size 120.5 nm, zeta potential +31.7 mV, encapsulation efficiency 97.97%). All nAmB for-

mulations significantly reduced fungal burden vs. untreated controls. The PDMAEMA formulation achieved the greatest reduction: 3.8 $\log_{10}$ CFU/explant in prophylaxis ($p < 0.001$) and 2.5 $\log_{10}$ CFU/explant in therapy ($p < 0.01$), outperforming dAmB (2.1 $\log_{10}$ reduction, $p < 0.05$). Prophylaxis was more effective than therapy. No growth was observed in controls. **Conclusions.** An ex vivo porcine burn model for mucormycosis was successfully established, and nAmB formulations, particularly the PDMAEMA system, demonstrated superior antifungal efficacy and potential as a topical spray for burn wound management.

TCO-012

Efecto de los postbióticos sobre la formación de biopelículas y la expresión génica en aislamientos clínicos de *Candida* spp. de pacientes con candidiasis vulvovaginal recurrente

Consuegra-Asprilla J, González-Idarraga M, Montoya-Carrascal S, Tello-Tobón D, Abril-Gómez A, Santos-Martins F, González Á.
Universidad de Antioquia; Universidade Federal de Minas Gerais. Medellín
jeiserconsuegra@gmail.com

Introducción. El tratamiento de primera línea para la candidiasis vulvovaginal (CVV) ha disminuido su eficacia en pacientes con CVV recurrente (CVVR), lo que ha impulsado la búsqueda de alternativas terapéuticas como los probióticos. Recientemente, los postbióticos (componentes celulares y metabolitos derivados de probióticos) han cobrado relevancia, ya que ofrecen beneficios similares a los de los probióticos sin los riesgos asociados a los microorganismos vivos. **Objetivos.** Evaluar el efecto antibiopelícula de los sobrenadantes libres de células (SLC) derivados de cepas probióticas frente a aislamientos clínicos de *Candida* spp. provenientes de pacientes con CVVR, así como su impacto en la expresión de genes asociados a la formación de biopelículas. **Materiales y métodos.** Se evaluó la actividad antibiopelícula de los SLC de *Lactobacillus rhamnosus* DM-UFMG 63, *Bifidobacterium longum* 5.1A y *Lactobacillus acidophilus* NCFM SD 5221 en 40 aislamientos de *Candida* spp. Adicionalmente, los SLC de *L. acidophilus* NCFM SD 5221 y *L. rhamnosus* 63 se analizaron mediante el ensayo XTT, y su efecto sobre la expresión génica se midió por RT-qPCR. **Resultados.** A una concentración proteica estimada de ~ 200 μ g/mL, estos SLC inhibieron significativamente la formación de biopelículas en aproximadamente un 50% ($p < 0,01$). Este efecto fenotípico se correlacionó con la disminución de la expresión de genes clave asociados a la formación de biopelículas (ALS3, HWP1, EFG1, TEC1 y UME6), junto con un aumento concomitante de la expresión del represor transcripcional NRG1. **Conclusiones.** Los resultados de este estudio demuestran que los SLC derivados de *L. rhamnosus* DM-UFMG 63 y *L. acidophilus* NCFM SD 5221 presentan una actividad antagonista significativa contra la formación de biopelículas de *Candida* en aislamientos clínicos de pacientes con CVVR. En consecuencia, estos postbióticos representan una alternativa terapéutica y profiláctica prometedora para el tratamiento de la CVVR.

Medicina tropical y parasitología

TCO-015

Dinámica de transmisión y distribución de genotipos de *Cryptosporidium* en el departamento del Quindío

Triviño-Valencia J, López-Álvarez D, Lora-Suárez F, Cabeza-Acevedo N, Favennec L, Costa D, Coopée R, Gómez-Marín J.
Grupo Gepamol, Grupo Bimsa Universidad Autónoma de Manizales, Universidad del Quindío; Grupo de Investigación Clínica Hospital Universitario San Juan de Dios; Unidad de Parasitología y Micología, Hôpital Universitaire de Rouen, Francia. Manizales
jtrivino@uniquindio.edu.co

Introducción. *Cryptosporidium* spp. es un patógeno de interés en salud pública asociado con diarrea infantil, cuya circulación entre fuentes humanas, animales y ambientales puede comprenderse mediante caracterización genotípica. **Objetivos.** Este estudio analizó la transmisión y distribución de genotipos de *Cryptosporidium* spp. en niños con diarrea del Quindío, integrando muestras clínicas, ambientales, alimentarias y animales bajo un enfoque One Health. **Materiales y métodos.** Se recolectaron 266 muestras fecales, analizadas por microscopía, coloración de Ziehl-Neelsen modificada, PCR para SSU rRNA y gp60, coprocultivo y secuenciación. En hogares de niños positivos se

tomaron muestras de agua de red y alimentos; además, se incluyeron muestras de agua de río y de ternero. Todas las matrices se sometieron a extracción de ADN, amplificación y genotipificación. En subgenotipos predominantes se aplicó MLVA y NGS del locus gp60. **Resultados.** La PCR detectó mayor positividad que la microscopía: 158/266 muestras (59,4%), frente a 37/266 (13,9%). Entre los casos positivos, *Cryptosporidium* spp. predominó como mono infección, aunque también se identificó en coinfecciones entéricas. La positividad predominó en menores de cinco años y población urbana. Molecularmente, prevaleció *C. parvum* familia Ila, asociado con transmisión zoonótica y desenlaces clínicos como deshidratación severa, mientras *C. hominis* Iba10G2 sugirió transmisión interhumana y mayor compromiso clínico. Los subgenotipos compartidos entre heces, agua, alimentos y ternero sugieren circulación ambiental, contaminación intradomiciliaria y contribución de reservorios zoonóticos. La diversidad y los perfiles mixtos detectados en agua por MLVA y NGS resaltan el componente hídrico como fuente compleja de exposición. **Conclusiones.** Los hallazgos evidencian una circulación sostenida de *Cryptosporidium* spp. en el Quindío, con continuidad molecular entre muestras clínicas, agua, alimentos y reservorios zoonóticos, lo que respalda un escenario One Health y la necesidad de fortalecer la vigilancia molecular, ambiental y sanitaria para reducir la exposición hídrica, alimentaria e intradomiciliaria en la población infantil.

TCO-016

Población militar como centinela de enfermedades tropicales sensibles al clima: dinámica temporal de dengue, malaria y leptospirosis y su asociación con ENSO en Colombia, 2023–2026

Vergara-Samur H, Gil-Álvarez L, Prada-Urueña I, Torres-Mejía I, Molano-Muñoz O, Rodríguez-Piragauta S, Tabares-Mongua G, Castaño I, Espitia-Ballesteros S, Arciniegas-León C, Medina-Lozano L, Gómez-Quintero C, Faccini-Martínez Á.
Servicio de Infectología, Hospital Militar Central; Facultad de Medicina, Universidad Militar Nueva Granada; Servicio de Medicina Interna, Hospital Militar Central.
Bogotá
dr.hernan.vergara@gmail.com

Introducción. La variabilidad climática asociada al fenómeno El Niño-Oscilación del Sur (ENSO) puede modificar la transmisión de enfermedades tropicales. Sin embargo, existe escasa evidencia sobre su impacto en poblaciones militares, caracterizadas por alta movilidad y exposición ocupacional en áreas endémicas. **Objetivos.** Describir la dinámica temporal de dengue, malaria y leptospirosis en personal militar colombiano y explorar su asociación con la variabilidad climática medida mediante el Índice Oceánico Niño (ONI). **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo de series temporales realizado entre enero de 2023 y junio de 2026. Se incluyeron 560 episodios de síndrome febril tropical con diagnóstico confirmado de dengue, malaria o leptospirosis. Se construyeron series mensuales por enfermedad, se evaluaron tendencia y estacionalidad mediante descomposición STL y se exploró la asociación con el ONI utilizando correlaciones de Spearman con rezagos de 0 a 6 meses. **Resultados.** Se identificaron 277 casos de dengue (49,5%), 258 de malaria (46,1%) y 25 de leptospirosis (4,5%). El dengue presentó un incremento epidémico durante 2024, mientras que la malaria mostró una ocurrencia relativamente estable. La descomposición STL evidenció una marcada componente de tendencia y estacionalidad para dengue y una señal estacional de menor magnitud para malaria. No se observó correlación contemporánea entre ONI y dengue ($\rho = -0,007$; $p = 0,964$); sin embargo, se identificó una correlación positiva con un rezago de seis meses para dengue ($\rho = 0,800$; $p < 0,001$) y malaria ($\rho = 0,676$; $p < 0,001$). Cada incremento de una unidad en el ONI seis meses antes se asoció con un aumento de la incidencia mensual de dengue (IRR=2,86; IC95%: 2,06–3,97) y malaria (IRR=1,43; IC95%: 1,30–1,57). **Conclusiones.** Dengue y malaria mostraron patrones temporales diferenciados y una asociación positiva con ENSO mediante efectos rezagados. La población militar podría constituir una población centinela útil para la vigilancia de enfermedades tropicales sensibles a la variabilidad climática.

TCO-017

Un enfoque ecoentomoviológico integrador revela infección natural por el virus Oropouche en múltiples especies de *Culicoides* en Colombia

Mantilla-Granados J, García-Guzmán S, Salcedo-Amórtegui C.
Vicerrectoría de Investigación Universidad El Bosque.
Bogotá
sgg201103@gmail.com

Introducción. Los arbovirus representan una amenaza creciente para la salud pública debido a su capacidad de expandirse desde ciclos silvestres hacia entornos rurales y urbanos. Entre ellos, el virus Oropouche (OROV) ha emergido como un importante problema sanitario en América Latina, causando brotes en varios países y generando cuadros clínicos que van desde síndromes febriles autolimitados hasta complicaciones neurológicas. Aunque *Culicoides paraensis* es reconocido como el principal vector urbano, la expansión geográfica del virus sugiere la posible participación de otras especies de *Culicoides* en su transmisión. **Objetivos.** El objetivo de este estudio fue caracterizar las especies de *Culicoides* presentes en áreas urbanas y periurbanas de Puerto Carreño (Vichada, Colombia) y evaluar su posible participación en la transmisión del OROV mediante la integración de herramientas taxonómicas, ecológicas y virológicas. **Materiales y métodos.** Realizaron capturas de *Culicoides* en diferentes sitios de muestreo. Los especímenes fueron identificados mediante análisis morfológicos y moleculares utilizando el gen COI. Además, se analizaron las fuentes de alimentación sanguínea, se detectó la presencia de OROV mediante técnicas moleculares y se desarrollaron modelos de nicho ecológico para evaluar la distribución potencial de las especies y su relación con las áreas de ocurrencia del virus. **Resultados.** Se recolectaron 1.636 ejemplares pertenecientes a 11 taxones, con predominio de *Culicoides insignis*. Además, se detectó ARN del virus Oropouche en múltiples especies de *Culicoides* y se identificaron humanos, caballos y cerdos como principales fuentes de alimentación. Los análisis ecológicos mostraron una amplia distribución potencial de las especies candidatas a vectores y una relación variable con las áreas donde se han reportado casos de OROV. **Conclusiones.** Los resultados evidencian la circulación natural de OROV en varias especies de *Culicoides* y sugieren que la transmisión del virus en Colombia podría involucrar múltiples vectores. Estos hallazgos aportan información relevante para fortalecer la vigilancia epidemiológica y orientar futuros estudios de competencia vectorial.

TCO-018

Patogenicidad y caracterización genómica de genes de virulencia de *Candidatus Rickettsia colombiensis*, un nuevo miembro del grupo de rickettsias de las fiebres manchadas con potencial antigénico

Miranda J, García A, Cotes-Perdomo A, Echeverry-Pérez J, Castro L, Uribe J, Portillo A, Oteo J, Mattar S.
Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico, Universidad de Córdoba; Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Universidad del Sudeste de Noruega; Grupo de Investigación Evolución, Sistemática y Ecología Molecular (GIESEMOL); Universidad del Magdalena; Departamento de Ciencias Naturales y Salud Ambiental, Museo Nacional de Ciencias Naturales, España; Departamento de Biociencias, Universidad de Milán, Italia; Centro de Rickettsiosis y Enfermedades Transmitidas por Artrópodos (CRETAV), España.
Montería
jluismiranda@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. *Candidatus Rickettsia colombiensis* infecta una gran diversidad de garrapatas en el trópico, sin embargo, se desconoce su patogenicidad. **Objetivos.** Analizar la patogenicidad y la patogenómica de *Ca. R. colombiensis*. **Materiales y métodos.** Estudio experimental de patogenicidad con un modelo de hámster sirio (*Mesocricetus auratus*), con caracterización genómica y análisis molecular de genes de virulencia. *Ca. R. colombiensis* se cultivó de *A. dissimile* mediante Shell vial. La patogénesis se hizo en 12 Syriam hámster machos de 6 semanas; 5 se inocularon por vía intraperitoneal (Grupo IP) con 500 µl de 1×10^6 células Vero infectadas con *Ca. R. colombiensis* cepa AdCor-5, y 5 por vía intradérmica (Grupo ID). Se usó 1 hámster para cada grupo control. Posteriormente, fueron eutanasiados (5, 10, 15 y 16 DPI) y se tomaron muestras de sangre, suero y órganos para estudios histopatológicos. Los análisis genómicos comprendieron, reensamblaje del genoma de la cepa Adcor2 de *Ca. R. colombiensis*. La visualización del genoma se hizo con Proksee, la anotación con Prokaryotic Genome Annotation Pipeline (PGAP) y la comparativa patogenómica con VFAnalyzer, y como segunda estrategia, la generación de una matriz de genes codificantes/pseudogenes/ausentes, construidos a partir de los datos de PGAP_DB, Pseudofinder_DB y BLASTp y visualizados en mapa de calor. **Resultados.** Durante el ensayo los animales no presentaron signos de enfermedad. Sin embargo, todos los sueros en los grupos IP e ID desarrollaron anticuerpos IgG anti-*Ca. R. colombiensis*. Los análisis comparativos de patogenómica, mostraron pseudogenización y ausencia de algunos genes de

virulencia como *rickA*, *RARP-2*, *raIF*, Risk1. **Conclusiones.** Ca. *R. colombiensis* parece no producir enfermedad clínica en hámsteres, lo cual estaría correlacionado con la ausencia de varios genes de virulencia (*rickA*, *RARP-2*, *raIF*, Risk1). Sin embargo, por su relación con el grupo de fiebres manchadas, podría servir como antígeno para el diagnóstico.

Infectología pediátrica

TCO-019

Brote de transmisión urbana generalizada del complejo *Entamoeba histolytica*/dispar en una cohorte pediátrica con enfermedad diarreica aguda en Armenia, Quindío: caracterización geoespacial, clínica y estacional

Triviño-Valencia J, Rodríguez-Camargo E, Hurtado-Restrepo K, Benítez-Gaona D, López-Álvarez D, Grimaldos-Caro J, Favenec L, Costa D, Lora-Suárez F, Yhomara-Cabeza N, Gómez-Marín J.
Universidad del Quindío; Universidad de Rouen.
Armenia
edwins.rodriguezc@uqvirtual.edu.co

Introducción. El complejo *Entamoeba histolytica*/dispar es la segunda causa de muerte por enfermedad parasitaria a nivel mundial; sin embargo, su distribución geoespacial en brotes urbanos pediátricos colombianos no había sido caracterizada. **Objetivos.** Describir el patrón de distribución espaciotemporal del brote de *E. histolytica*/dispar en una cohorte pediátrica con enfermedad diarreica aguda en Armenia, Quindío, mediante análisis geoespacial y correlación estacional, e integrar la caracterización clínica y de laboratorio de los casos confirmados. **Materiales y métodos.** Cohorte prospectiva de 249 niños (0–15 años) con enfermedad diarreica aguda atendidos en el Hospital Universitario San Juan de Dios de Armenia, Quindío (abril 2022–junio 2025). Los 54 casos positivos para *E. histolytica*/dispar por coproparasitológico directo fueron georreferenciados con coordenadas IGAC y analizados mediante DBSCAN (eps ≈ 2 km, mínimo 3 puntos). La distribución temporal se correlacionó con el régimen pluviométrico bimodal del IDEAM. Los factores asociados a la positividad se evaluaron mediante análisis bivariado y regresión de Firth de carácter exploratorio. **Resultados.** *E. histolytica*/dispar fue positiva en 54/249 niños (21,7%), con trofozoítos en 33 (61,1%). El análisis geoespacial identificó un conglomerado urbano central que agrupó el 77,8% de los casos (radio ≈ 4,7 km) y cuatro focos periféricos en municipios vecinos (22,2%). Los picos de casos coincidieron con las temporadas de lluvia (máximo marzo 2025, n = 11); el 42,9% de los casos del conglomerado central ocurrió fuera de esos periodos, indicando transmisión endémica basal activa. La leucocitosis fecal estuvo presente en el 79,6% y mostró la asociación más fuerte en el análisis exploratorio (ORa 4,84; IC95%: 2,14–10,90; p < 0,001). La coinfección alcanzó 83,3%, principalmente con *Cryptosporidium* spp. (51,9%). **Conclusiones.** El brote corresponde a un patrón de transmisión urbana generalizada en Armenia con amplificación estacional hídrica y reservorio endémico persistente.

TCO-020

Desempeño diagnóstico de la calculadora UTICalc para infección urinaria en lactantes menores de dos años: estudio transversal analítico

Beltrán-Echeverry M, Ortiz-Méndez C, Aguilar-Hernández L, Arce-Pérez S, Cadena-Delgado L, Andrade-Fonseca D, Vásquez-Hoyos P.
Sociedad de Cirugía de Bogotá Hospital de San José; Fundación Universitaria de Ciencias de la Salud FUCS.
Bogotá
marialuisabeltranecheverry@gmail.com

Introducción. Introducción: En lactantes menores de dos años, la fiebre sin foco constituye un reto diagnóstico frecuente. La infección de vías urinarias (IVU) es la causa más común de infección oculta en este grupo etario. La calculadora UTICalc, desarrollada en la Universidad de Pittsburgh, estima la probabilidad de IVU con variables clínicas y paraclínicas, pero no ha sido evaluada en el contexto colombiano. **Objetivos.** Evaluar el rendimiento diagnóstico de la UTICalc frente al urocultivo en lactantes febriles menores de dos años atendidos en el Hospital de San José de Bogotá. **Materiales y métodos.** Métodos: Estudio transversal analítico con aplicación retrospectiva de la UTICalc en lactantes de 2–23 meses con fiebre ≥ 38 °C (enero 2024 – agosto 2025). Se estimaron sensibilidad, especificidad, área bajo la curva (AUC) y se ajustó un modelo de regresión logística binaria. **Resultados.** Resultados: Se analizaron 175 lactantes (mediana 11 meses; 70% mujeres). El 70,9% tuvo urocultivo positivo. Con umbral clínico < 2%, el

41,7% de los descartados presentó cultivo positivo. El modelo paraclínico mostró AUC de 0,84 (IC 95%: 0,77–0,92). La leucoesterasa (OR 4,54; p = 0,002) y las bacterias en el Gram (OR 23,15; p < 0,001) fueron los predictores más robustos. **Conclusiones.** Conclusiones: La UTICalc mostró adecuada capacidad discriminativa, pero los umbrales requeridos para mantener alta sensibilidad limitan su utilidad práctica. La herramienta no reduce la necesidad de uroanálisis ni mejora la decisión de tratamiento empírico en esta cohorte.

TCO-021

Impacto de un vancomycin stewardship protocol in a neonatal intensive care unit: a before-and-after cohort study

Beltrán-Echeverry M, Marín-Montoya B, Ruiz-Peña R, Jaime-Barbosa J, Rodríguez-Cruz N, Polanía-Guzmán J, Vásquez-Hoyos P, Segura O.
Sociedad de Cirugía de Bogotá Hospital de San José; Fundación Universitaria de Ciencias de la Salud (FUCS).
Bogotá
marialuisabeltranecheverry@gmail.com

Introduction. Vancomycin is frequently used as empirical therapy for late-onset neonatal sepsis, although excessive use may contribute to antimicrobial resistance and unnecessary antibiotic exposure. In 2021, our institution implemented a stewardship protocol restricting empirical vancomycin use in the neonatal intensive care unit. This study evaluated the impact of the protocol on antibiotic prescribing patterns and clinical outcomes in neonates with late-onset sepsis. **Objectives.** To evaluate the impact of a vancomycin stewardship protocol on antibiotic use and clinical outcomes in neonates with late-onset sepsis admitted to a tertiary-care neonatal intensive care unit. **Materials and methods.** This retrospective before-and-after cohort study included 198 neonates with late-onset sepsis: 100 before and 98 after protocol implementation. Patient-level clinical outcomes, antibiotic prescription episodes, microbiological cultures, and vascular access episodes were analyzed. Continuous variables were compared with the Mann-Whitney U test, and categorical variables with chi-square or Fisher's exact test. An exploratory logistic regression was used as a sensitivity analysis for in-hospital mortality. **Results.** A total of 457 antibiotic prescription episodes were analyzed. Vancomycin prescription episodes decreased from 77/234 (32.9%) to 18/223 (8.1%; p < 0.001). Vancomycin exposure decreased from 392 to 88 days of therapy, corresponding to 11.5 versus 2.8 days of therapy per 100 hospital-days. Ampicillin and amikacin use increased, and targeted therapy became more frequent. Mortality did not differ significantly (13/100 [13.0%] vs. 9/98 [9.2%]; p=0.499). **Conclusions.** Protocol implementation was associated with a substantial reduction in vancomycin exposure and a shift toward narrower-spectrum and targeted therapy, without an observed increase in mortality. These findings support the feasibility of protocol-based restriction of empirical vancomycin in neonatal intensive care, although residual confounding limits causal inference. **Keywords:** Vancomycin; Antimicrobial Stewardship; Neonatal Sepsis; Intensive Care Units; Neonatal; Anti-Bacterial Agents; Infant, Newborn.

TCO-022

Letalidad por enfermedad neumocócica invasiva en lactantes menores de tres meses: estudio multicéntrico de la red neumocolombia

Pérez-Bedoya M, Rojas-Hernández J, Gómez-Urrego J, Gil-Artunduaga M, Camacho-Moreno G, Leal A, Patiño-Niño J, Moreno V, Gutiérrez I, Londoño J, Beltrán-Higuera S, Mariño C, Álvarez M, Espinosa F, Mejía-Rivera L, Arango-Ferreira C, Trujillo M, Díaz A, Suárez M, López-Medina E, López P, Coronell W, Chaucanez Y, Mendoza L, Romero A, Toro J, Sosa L, Guerrero M, Arias A, Ramos N, Barrero R, López J.
Seccional Cali, Grupo de Investigación en Pediatría (GRINPED), Red Neumocolombia, Universidad Libre; Universidad Nacional de Colombia; Fundación Clínica Valle del Lili; Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia (HOMI); Clínica Infantil Santa María del Lago - Colsanitas; Clínica Infantil Colsubsido; Clínica Pediátrica Colsanitas; Clínica Universitaria; Hospital Militar Central; Fundación Cardioinfantil- Instituto de Cardiología; Hospital Infantil Universitario de San José; Fundación Clínica Infantil Club Noel; Hospital Universitario San Vicente Fundación; Hospital Pablo Tobón Uribe; Hospital General de Medellín; Unidad de Servicios de Salud Tunal, Hospital Universitario San Ignacio; Hospital Universitario del Valle; Centro Médico Imbanaco; Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja; Hospital Infantil Los Ángeles de Pasto; Grupo Clínica Médicos Valledupar; Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo Clínica; Medilaser; Clínica San Luis de Bucaramanga;

Hospital Erasmo Meoz; Clínica Medical Duarte; Hospital San Rafael de Facatativá; COBOS Medical Center; Unidad de Servicios de Salud Santa Clara, Subred Centro Oriente; Fundación Santa Fe de Bogotá.
Palmira
mariana-perez@unilibre.edu.co

Introducción. La enfermedad neumocócica invasiva (ENI) continúa siendo una causa relevante de morbilidad en lactantes pequeños, pese a los avances en vacunación. En los < 3 meses, su presentación suele ser precoz, con rápida progresión y desenlaces graves, pero la evidencia nacional sobre la letalidad es limitada. **Objetivos.** Identificar factores asociados con la letalidad por ENI en menores de 3 meses hospitalizados en centros de alta complejidad participantes en un estudio multicéntrico en Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio multicéntrico de cohorte retrospectiva realizado en centros de alta complejidad pertenecientes a la Red Neumocolombia entre el 01/01/2017 y el 31/12/2023. Se incluyeron neonatos y lactantes menores de 3 meses con aislamiento de *Streptococcus pneumoniae* en sitios estériles. El desenlace principal fue la letalidad intrahospitalaria. Se exploraron asociaciones entre características clínicas, microbiológicas y letalidad mediante análisis bivariado. **Resultados.** Se identificaron 44 casos provenientes de 9 departamentos. La letalidad global fue del 13,6% (6/44), sin asociación con edad, sexo o resistencia antimicrobiana. Todos los fallecidos presentaron menos de 3 días de síntomas al ingreso ($p=0,009$) y requirieron ingreso precoz a UCIP, con un tiempo promedio de 8 horas desde la admisión. La meningitis fue más frecuente entre los casos fatales (50% vs. 19,4%) OR = 4,14 (IC95%: 0,68–25,07); $p = 0,135$, mientras que el uso de vasopresores mostró tendencia a mayor riesgo de muerte OR = 8,8 (IC95%: 0,93–84,11); $p = 0,06$. No se observaron asociaciones significativas con resistencia a Penicilina o Ceftriaxona. **Conclusiones.** La letalidad por ENI en lactantes menores de 3 meses se relacionó con una evolución clínica rápidamente progresiva y necesidad temprana de cuidados intensivos, más que con factores microbiológicos o patrones de resistencia antimicrobiana. Estos hallazgos resaltan la importancia de la identificación precoz y referencia oportuna a centros de alta complejidad.

Epidemiología hospitalaria y control de infecciones

TCO-023

Prevención de flebitis mediante una estrategia no farmacológica: ensayo clínico aleatorizado

Olaya-Ramos M, Contreras-Contreras J, García-Peña Á, Díaz-Brochero C, Porras-Bueno C, Cáceres-Méndez E, Sastoque-Ávila Y, Linares-Miranda C, Valderrama-Beltrán S.
Hospital Universitario San Ignacio.
Bogotá
mariajoseolaya88@gmail.com

Introducción. La flebitis asociada a catéter venoso periférico es un evento adverso frecuente en pacientes hospitalizados, relacionada con retiro prematuro del dispositivo, mayor riesgo de infección y prolongación de estancia hospitalaria. La evidencia sobre intervenciones preventivas no farmacológicas simples y de bajo costo sigue siendo limitada. **Objetivos.** Evaluar la efectividad de una estrategia preventiva no farmacológica sobre la incidencia y severidad de flebitis asociada a CVP en pacientes adultos hospitalizados. **Materiales y métodos.** Ensayo clínico aleatorizado, controlado y abierto realizado en un hospital universitario. Se incluyeron 273 pacientes con CVP, asignados aleatoriamente a cuidado estándar ($n=131$) o cuidado estándar más una intervención preventiva ($n=142$). La intervención consistió en masaje proximal al sitio de venopunción y ejercicios de apertura y cierre del puño tres veces al día durante 96 horas o hasta el retiro del catéter. La flebitis se evaluó a las 24, 48, 72 y 96 horas mediante escalas estandarizadas. Los análisis se realizaron por intención de tratar utilizando modelos log-binomiales, de Poisson con varianzas robusta y modelos de supervivencia de Cox. **Resultados.** La incidencia acumulada de flebitis fue menor en el grupo intervención que en el control (17,6% vs. 26,7%). La estrategia redujo significativamente el riesgo de flebitis a las 96 horas (RR ajustado=0,58; IC95%: 0,39–0,88; $p=0,011$), hallazgo consistente con el análisis de supervivencia (HR ajustado=0,55; IC95%: 0,32–0,93). El efecto preventivo fue más evidente después de las 72 horas. Además, el grupo intervención presentó menos casos moderados y severos. La reducción absoluta del riesgo fue del 9%, con un número necesario a tratar de 11. **Conclusiones.** La implementación de esta estrategia no farmacológica disminuyó la incidencia y severidad de flebitis asociada a CVP. Debido a su bajo costo, seguridad y

facilidad de implementación, esta intervención podría considerarse como una medida complementaria dentro de estrategias multimodales institucionales de prevención de flebitis.

Economía de la salud y salud pública

TCO-024

Tamización prenatal ampliada de hepatitis B, hepatitis C y virus linfotrópico humano de células T tipo 1: brechas y oportunidades

Rojas-Hernández J, Gil M, Cortés N, García-Perdomo H, Vargas-Torres L.
Universidad Libre Seccional Cali; Universidad del Valle; Hospital Universitario del Valle; Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia.
Cali
juan.rojas.hernandez@correounivalle.edu.co

Introducción. Las infecciones por el virus de la hepatitis B (VHB), el virus de la hepatitis C (VHC) y el virus linfotrópico humano de células T tipo 1 (HTLV-1) en el embarazo constituyen un problema de salud pública por su potencial de transmisión vertical y sus consecuencias maternoinfantiles. En Colombia persisten brechas en la tamización prenatal de estas infecciones. **Objetivos.** Evaluar el desempeño de un algoritmo ampliado de tamización prenatal y estimar la prevalencia y los factores asociados a infección por VHB, VHC y HTLV-1 en mujeres embarazadas de Cali y Buenaventura, Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio transversal analítico en 305 mujeres embarazadas atendidas entre junio de 2024 y junio de 2025 en instituciones de primer nivel. Se aplicó triple panel serológico para VHB, serología y confirmación molecular para VHC, y detección de anticuerpos para HTLV-1 con confirmación por Western blot. Se estimaron prevalencias con intervalos de confianza del 95% y se exploraron factores asociados mediante análisis bivariado y regresión logística. **Resultados.** La mediana de edad fue 26 años (RIC: 21–31). La prevalencia confirmada fue 1,6% para HTLV-1 y 0,7% para infección activa por VHC. Para VHB, 70,7% de las mujeres embarazadas fue susceptible, 27,5% presentó inmunidad por vacunación y 1,3% infección resuelta. El algoritmo ampliado identificó infecciones y estados inmunológicos no detectados mediante tamización convencional. La vacunación se asoció con menor susceptibilidad a VHB. **Conclusiones.** Persisten brechas relevantes en la tamización prenatal de infecciones virales con potencial de transmisión maternoinfantil. El algoritmo ampliado mostró mejor desempeño programático y una oportunidad para fortalecer la vigilancia prenatal en Colombia.

PRESENTACIONES EN PÓSTER

Micobacterias

TCO-001

Asociación entre la diabetes y los resultados desfavorables del tratamiento de la tuberculosis en Bogotá, Colombia: una cohorte retrospectiva

Urrego-Parra H, Murcia-Aranguren M, Muñoz-Sánchez A, Sánchez-Pedraza R.
Universidad Nacional de Colombia.
Bogotá
hnurregop@unal.edu.co

Introducción. La tuberculosis (TB) y la diabetes mellitus (DM) se reconocen como una sindemia que impacta la salud pública. La asociación TB-DM puede comprometer la inmunidad y relacionarse con un mayor riesgo de resultados desfavorables del tratamiento antituberculoso. La evidencia en Colombia es limitada. **Objetivos.** Estimar la asociación entre la diabetes mellitus y los resultados desfavorables del tratamiento de la tuberculosis en la ciudad de Bogotá, Colombia, 2019–2023. **Materiales y métodos.** Cohorte retrospectiva con datos del Programa Distrital de Tuberculosis de Bogotá y el Sistema Nacional de Vigilancia en Salud Pública. Se incluyeron personas ≥ 18 años residentes de Bogotá con diagnóstico confirmado de tuberculosis de cualquier tipo y condición de ingreso nuevo; se excluyeron casos descartados, no evaluados o con fracaso. Se conformaron dos grupos según presencia o ausencia de diabetes mellitus. Los desenlaces primarios fueron muerte y pérdida en el seguimiento; los secundarios, las reacciones adversas medicamentosas. Se aplicaron análisis bivariados, curvas de supervivencia Kaplan-Meier,

modelos de riesgos proporcionales de Cox y regresión logística. **Resultados.** Se analizaron en total 4.763 casos, de los cuales 510 (10,7%) con diabetes. El grupo TB-DM, comparado con el grupo sin DM, presentó mayor mediana de edad (69,0 años; RIC: 18,0), mayor proporción de mujeres (40,4% vs. 33,9%; $p=0,004$), residencia en estratos socioeconómicos 2 y 3, menor nivel educativo, mayor proporción de tuberculosis pulmonar, cultivos positivos y mayor índice de masa corporal. Las personas con TB-DM mostraron mayor tasa de mortalidad ($p=0,146$) y menor pérdida en el seguimiento ($p=0,097$), sin significancia estadística. El grupo TB-DM presentó mayores odds de reacciones adversas medicamentosas (OR=4,71; IC95%: 3,36–6,61; $p<0,001$). **Conclusiones.** La diabetes mellitus se asoció significativamente con la presencia de reacciones adversas medicamentosas en personas con tuberculosis en Bogotá, sin diferencias significativas en mortalidad ni pérdida en seguimiento, resaltando la necesidad de un abordaje integrado entre programas de enfermedades crónicas y transmisibles.

TCP-002

Exactitud diagnóstica del antígeno urinario lipoarabinomano para diagnóstico de tuberculosis en personas viviendo con VIH en Colombia

Nuñez-Delgado H, Solano-Mosquera A, Pérez-Acevedo K, Margarita-Gélvez R, Figueroa-Pineda C, Marina-Rojas E.
Universidad Industrial de Santander; Centro de Atención y Diagnóstico de Enfermedades Infecciosas; CDI S.A.S., Fundación Infovida. Bucaramanga
heydacnd@gmail.com

Introducción. La tuberculosis continúa siendo una de las principales causas de enfermedad y muerte en personas con Virus de la inmunodeficiencia humana (VIH). Su presentación paucibacilar y extrapulmonar dificulta el diagnóstico y aunque las pruebas moleculares han mejorado la detección, su acceso sigue siendo limitado. La detección urinaria de lipoarabinomano, recomendada por la Organización Mundial de la Salud, representa una alternativa diagnóstica rápida y de fácil implementación. Sin embargo, la evidencia sobre su desempeño en América Latina y Colombia sigue siendo escasa. **Objetivos.** Evaluar la exactitud diagnóstica del lipoarabinomano urinario para la detección de tuberculosis en personas con VIH. **Materiales y métodos.** Estudio transversal realizado de marzo de 2025 y febrero de 2026 en dos instituciones de referencia incluyendo adultos con VIH y sospecha de tuberculosis; se excluyeron gestantes, pacientes con anuria o con más de 15 días de tratamiento antituberculoso. Se realizó prueba Alere Determine™ TB-LAM en orina y cultivo/PCR como referencia diagnóstica. Los datos se analizaron mediante estadística descriptiva, protocolo aprobado por comités de ética. **Resultados.** Se incluyeron 122 pacientes con VIH y sospecha de tuberculosis, prevalencia de tuberculosis confirmada por cultivo del 25,4%. La mediana de CD4 fue de 85-células/ μ L y el 72,1% presentó recuentos inferiores a 200 células/ μ L. El LAM identificó 22 de los 31 casos confirmados por cultivo, alcanzando una sensibilidad de 71,0%/especificidad de 89,0% la exactitud de 84,4%. Su rendimiento fue mayor en los pacientes con CD4 < 100-células/ μ L, donde la sensibilidad aumentó a 81,3%, al realizar la combinación de LAM y GeneXpert la sensibilidad aumentó al 83,9%. **Conclusiones.** El LAM urinario mostró un desempeño diagnóstico aceptable en pacientes con VIH y sospecha de tuberculosis, particularmente en aquellos con inmunosupresión avanzada. Estos resultados sugieren que podría ser una herramienta complementaria útil para favorecer el diagnóstico oportuno de la enfermedad y justifican la evaluación de su inclusión en los protocolos diagnósticos nacional.

TCP-003

Factores asociados a mortalidad, confirmación por laboratorio y patrones de notificación en tuberculosis: análisis en Una cohorte basada en datos de vigilancia en Colombia

Lozada-Martínez I, Barrera-Reyes E, Galvan-Barrios J.
Corporación Universidad de la Costa; Alcaldía de Soledad; Universidad de la Costa (CUC). Soledad
jgalvan11@cuc.edu.co

Introducción. La tuberculosis continúa siendo un problema de salud pública relevante en países de ingresos medios, donde los desenlaces no dependen exclusivamente de factores clínicos individuales, sino también del desempeño del sistema de salud. Este estudio tuvo como objetivo analizar la mortalidad, la confirmación por laboratorio y los patrones de notificación en tuberculosis. **Objetivos.** Analizar la mortalidad, la confirmación por laborato-

rio y los patrones de notificación en tuberculosis. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio analítico de corte transversal basado en datos secundarios del sistema de vigilancia en tuberculosis de Soledad, Colombia. La unidad de análisis fue el episodio de tuberculosis. Se desarrollaron modelos de regresión logística multivariable. Los resultados se expresaron como odds ratios (OR) con intervalos de confianza del 95% (IC 95%). El desempeño de los modelos se evaluó mediante el área bajo la curva ROC (AUC) y la prueba de Hosmer-Lemeshow. **Resultados.** La mortalidad fue del 8,6% y la confirmación por laboratorio del 71,0%. Entre los residentes de Soledad, solo el 42,6% de los casos fueron notificados dentro del municipio. La edad ≥ 65 años (OR: 3,47; IC 95%: 1,61-7,48), la desnutrición (OR: 2,59; IC 95%: 1,19 5,64) y la hospitalización (OR: 14,78; IC 95%: 1,97-110,82) se asociaron con mayor mortalidad. El modelo de mortalidad mostró mejor desempeño (AUC = 0,77), seguido por notificación (AUC = 0,69) y confirmación (AUC = 0,60). **Conclusiones.** Los determinantes estructurales y desenlaces sanitarios en tuberculosis reflejan no solo la condición clínica del paciente, sino también limitaciones en la oportunidad diagnóstica, la capacidad resolutoria y la articulación del sistema de salud.

TCP-004

Concordancia entre cultivo y prueba molecular rápida para el diagnóstico de tuberculosis pulmonar en Bogotá, 2025

Pedraza-Moreno L, Tróchez-Ruzynke A, Figueroa-Niño C, Pérez-Franco J, Urrego-Parra H.
Secretaría Distrital de Salud; Subred Integrada de Servicios de Salud Sur E.S.E. Bogotá
hnurregop@unal.edu.co

Introducción. La transición hacia pruebas moleculares como primera línea diagnóstica para Tuberculosis requiere evidencia local que sustente la pertinencia de discontinuar el cultivo en escenarios de TB sensible. **Objetivos.** Determinar el grado de concordancia entre el cultivo y las pruebas moleculares rápidas en el diagnóstico de tuberculosis pulmonar en Bogotá, 2025. **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo de concordancia diagnóstica basado en la revisión de resultados pareados de cultivo y prueba molecular rápida (diferencia entre tomas ≤ 7 días) en pacientes con diagnóstico de tuberculosis pulmonar en Bogotá, 2025. Se realizó análisis descriptivo de variables sociodemográficas, diagnósticas y clínicas, seguido de estadísticos de concordancia (índice Kappa) y análisis de rendimiento diagnóstico y discordancias. La información se obtuvo de los sistemas del Programa Distrital de Tuberculosis. **Resultados.** Se analizaron 296 reportes pareados. La concordancia observada fue del 65,9%; el 17,6% presentó PCR+/Cultivo- y el 16,6%, PCR-/Cultivo+. La sensibilidad de la PCR fue 77,8% (IC 95%: 71,9–82,8); el VPN, 31,9%. El 22,2% de los casos confirmados por cultivo tuvieron PCR negativa, con mediana de tiempo a positividad de 31 días (RIQ 21–39). El Kappa de Cohen fue 0,086; los estadísticos PABAK (0,32; IC 0,21–0,43) y Gwet AC1 (0,46; IC 0,35–0,56) evidenciaron acuerdo débil a moderado. La discordancia PCR+/Cultivo- se asoció fuertemente a menor carga bacilar (OR=42, trazas vs. alto). La sensibilidad varió por plataforma (BDMAX MDR 94%, GeneXpert 83%, Cobas 82%, Abbott 70%, Anyplex 66%) y tipo de muestra (esputo 80%, LBA 76%, aspirado traqueal 56%). **Conclusiones.** La concordancia débil a moderada entre la PCR y el cultivo, junto con la variabilidad por plataforma y tipo de muestra, evidencia que ambas pruebas son complementarias y que la decisión de discontinuar el cultivo debe sustentarse en evidencia local robusta y considerar el contexto clínico del paciente.

TCP-005

Prevalencia y factores asociados que influyen en la no adherencia al tratamiento de tuberculosis en pacientes del programa de tuberculosis en una institución de tercer nivel de Medellín, 2024

Rodríguez-Bedoya A, Atehortúa-Muñoz S, Ortega-Bolaños L, Sanmiguel-Paredes A.
Universidad de Antioquia; Clínica Universitaria Bolivariana. Medellín
acristina.rodriguez@udea.edu.co

Introducción. La tuberculosis continúa siendo un importante problema de salud pública debido a su impacto en la morbilidad, mortalidad y transmisión comunitaria. La no adherencia al tratamiento antituberculoso constituye uno de los principales desafíos para el control de la enfermedad, ya que incrementa el riesgo de fracaso terapéutico, recaídas y desarrollo de resistencia a los medicamentos. **Objetivos.** Determinar la prevalencia y los factores asociados

a la no adherencia al tratamiento antituberculoso en pacientes atendidos en el programa de tuberculosis de una institución de tercer nivel de salud de Medellín, durante el año 2024. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional, retrospectivo, analítico y de corte transversal en 179 pacientes con diagnóstico de tuberculosis que cumplieron los criterios de inclusión. La información fue obtenida mediante revisión de historias clínicas y registros institucionales. La no adherencia se definió como la omisión del tratamiento por más de 15 días. Se realizó análisis descriptivo, análisis bivariado mediante Chi-cuadrado o prueba exacta de Fisher y análisis multivariado mediante regresión logística binaria. **Resultados.** La prevalencia de no adherencia al tratamiento fue del 20% (36/179). En el análisis bivariado se identificaron asociaciones con enfermedad mental, consumo de sustancias psicoactivas, reacciones adversas a medicamentos, problemas familiares, desinterés frente al tratamiento, ausentismo por causas personales y problemas de desplazamiento. En el análisis multivariado, las reacciones adversas a medicamentos (ORa=4,42; IC95%: 1,56–12,50; p=0,005) y el desinterés frente al tratamiento (ORa=5,49; IC95%: 1,79–16,80; p=0,003) se asociaron de manera independiente con la no adherencia. **Conclusiones.** Uno de cada cinco pacientes presentó no adherencia al tratamiento. Las reacciones adversas a medicamentos y el desinterés frente al tratamiento fueron los principales factores asociados, lo que resalta la importancia de fortalecer el seguimiento clínico y el acompañamiento educativo y psicosocial para mejorar la continuidad terapéutica.

Micología

TCP-006

Alteraciones en la expresión de mucina: una pieza clave en la patogénesis de la candidiasis vulvovaginal recurrente

Consuegra-Asprilla J, Rojas J, Carmona M, Torres B, Puel A, Franco J, Arias A, González A.
Universidad de Antioquia; Université Paris Descartes.
Medellín
angel.gonzalez@udea.edu.co

Introducción. La candidiasis vulvovaginal recurrente (CVVR) es una afección de carácter multifactorial, siendo la predisposición genética uno de los factores asociados. **Objetivos.** Explorar la presencia de variantes genéticas asociadas con el desarrollo de CVVR, determinar la expresión de genes asociados con las variantes genéticas identificadas, y evaluar el efecto de proteínas recombinantes de interés en la formación de biopelículas de aislamientos de *Candida* spp. de pacientes con CVVR. **Materiales y métodos.** Se evaluaron 12 pacientes con la mayor severidad de CVVR (> 10 episodios de CVV en el último año), las cuales provenían de 11 familias, y se realizó secuenciación del exoma completo (WES). Como controles se incluyeron 26 mujeres sanas. A partir de muestras de raspado vaginal se realizó la extracción de RNA para cuantificar la expresión de genes de interés, basados en los resultados del WES, mediante la técnica de qPCR y, finalmente, se evaluó el efecto anti-biopelícula de las proteínas Muc5B y Muc21 recombinantes, mediante el ensayo de reducción del XTT. **Resultados.** En seis de las familias evaluadas se identificaron múltiples casos de CVV/CVVR en diferentes generaciones, lo que sugiere un patrón de herencia autosómico dominante para esta enfermedad. Los análisis in silico permitieron identificar variantes en los genes que codifican para las mucinas Muc4, Muc5B y Muc21. Se observó una disminución significativa en la expresión de los genes MUC5B y MUC21 en las pacientes con CVVR en comparación con las mujeres sanas; así como una disminución significativa en la formación de biopelículas de *Candida* spp. en presencia de Muc21 recombinante. **Conclusiones.** Estos hallazgos proporcionan evidencia sobre una posible alteración en la expresión de los genes que codifican para las mucinas Muc4, Muc5B y Muc21, lo cual indica que las mucinas podrían tener un papel importante en la patogénesis de la CVVR.

TCP-007

Criptococosis en adultos hospitalizados en Caldas, Colombia (2020–2026): caracterización clínica, microbiológica y desenlaces

Sánchez-Rodríguez D, Montenegro-Ávila A, Acosta-Gálvis M, Gómez-Ramírez A, Hernández-Botero J, Herrera-Giraldo S.
Hospital Universitario Santa Sofía de Caldas; Universidad de Caldas; Universidad de Manizales; SCIMT; Grupo de Resistencia Antibiótica de Manizales (GRAM).
Manizales
montealejo321@gmail.com

Introducción. La criptococosis continúa siendo una infección de alta morbilidad y mortalidad, especialmente en pacientes con inmunosupresión avanzada, por lo que caracterizar su presentación clínica, abordaje terapéutico y desenlaces en el contexto local permite identificar brechas de atención y orientar estrategias de diagnóstico y tratamiento oportuno. **Objetivos.** Describir las características sociodemográficas, clínicas, microbiológicas, terapéuticas y los desenlaces intrahospitalarios de episodios de criptococosis en adultos hospitalizados en dos centros de Manizales, Caldas, entre 2020 y 2026. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo y retrospectivo. Se incluyeron episodios de adultos ≥ 18 años con criptococosis confirmada por cultivo, antígeno criptocócico o histopatología. La unidad de análisis fue el episodio hospitalario. **Resultados.** Se analizaron 30 episodios en 26 pacientes únicos; un episodio cumplió la definición operacional de recaída. La mediana de edad fue 42 años (RIC 36–50,5) y el 73,3% correspondió a hombres. La infección por VIH estuvo presente en 25/30 episodios (83,3%); en 10/25 (40,0%) fue diagnosticada durante la hospitalización. Entre los episodios con VIH y CD4 disponible, la mediana fue 43 células/μL (RIC 14–71; n=23) y el 82,6% tenía CD4 < 100 células/μL. El antígeno criptocócico fue el método diagnóstico positivo más frecuente (25/30; 83,3%). El compromiso del SNC se documentó en 12/30 episodios (40,0%) y la enfermedad diseminada confirmada en 11/30 (36,7%). Entre quienes tuvieron presión de apertura medida, el 71,4% presentó hipertensión intracraneal. Recibieron anfotericina B 23/30 episodios (76,7%) y esquemas con flucitosina 10/30 (33,3%). La mortalidad intrahospitalaria fue 26,7% (8/30). **Conclusiones.** La criptococosis hospitalaria en Caldas afectó principalmente a adultos con infección por VIH avanzada y diagnóstico tardío, con alta carga de compromiso neurológico, enfermedad diseminada y mortalidad intrahospitalaria clínicamente relevante.

TCP-008

Prediction of *Candida auris* candidemia using artificial intelligence in hospitalized adult patients

Noches-Buelvas A, Orjuela-Cañón Á, Ortiz-Roa C, Rodríguez J, Muñetón-López G, Solorzano-Ramos C, Sierra-Umaña S, Escandón P, Álvarez-Moreno C, Cortés-Luna J.
Universidad Nacional de Colombia; Universidad del Rosario.
Bogotá
acnochesb@unal.edu.co

Introduction. *Candida auris* has emerged as a multidrug-resistant Healthcare-associated pathogen that poses major diagnostic, therapeutic, and infection-control challenges. **Objectives.** To develop a predictive score for the occurrence of *Candida auris* fungemia versus fungemia caused by other *Candida* species in hospitalized adult patients. **Materials and methods.** We conducted a multicenter nested case-control study within a retrospective cohort of hospitalized adults with candidemia across nine hospitals in two Colombian cities between 2016 and 2024 to develop models for predicting *C. auris* candidemia among patients with bloodstream infection due to *Candida* species. Overall, 765 candidemia episodes were included, of which 205 (26.7%) were caused by *C. auris*. We developed a conventional multivariable logistic regression model and compared its performance with several machine learning approaches, including support vector machines, multilayer perceptron, random forest, and k-nearest neighbors. Model performance was assessed using internal cross-validation. **Results.** Logistic regression showed the best overall performance, with an AUROC of 0.638 in the conventional model, whereas the best-performing machine learning framework achieved a mean AUROC of 0.58. Across analyses, discrimination remained modest, and machine learning methods did not consistently outperform logistic regression. These findings suggest that routinely collected patient-level clinical variables alone are insufficient to reliably distinguish *C. auris* candidemia from candidemia caused by other *Candida* species. Incorporation of colonization status, transmission-related factors, and healthcare-setting epidemiology may be required to achieve clinically useful prediction. **Conclusions.** In this multicenter retrospective study, predictive models based solely on routinely collected patient-level clinical variables showed limited ability to distinguish *Candida auris* candidemia from candidemia caused by other *Candida* species. Logistic regression provided modest but interpretable performance, while machine learning approaches did not consistently improve discrimination. These findings suggest that clinically useful prediction of *C. auris* will likely require the incorporation of colonization surveillance, transmission-related factors, and healthcare-setting epidemiology.

TCP-009

Caracterización de pacientes hospitalizados con infección posible, probable y probada por *Aspergillus* en un hospital pediátrico de Bogotá en un periodo de 5 años

Jiménez-Díaz A, Restrepo-Gaulteros S, Camacho-Moreno G, Pardo-González C, López-Cubillos J.
Universidad Nacional de Colombia; Fundación Hospital de la Misericordia.
Bogotá
ajimenezdi@unal.edu.co

Introducción. La aspergilosis invasiva es una de las principales causas de enfermedad fúngica invasora y mortalidad en pacientes pediátricos inmunocomprometidos, especialmente aquellos con neoplasias hematológicas y receptores de trasplante hematopoyético. **Objetivos.** Describir las características demográficas, clínicas, microbiológicas, imagenológicas y los desenlaces de pacientes pediátricos con aspergilosis invasiva posible, probable y probada atendidos en un centro de referencia colombiano. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo retrospectivo realizado en la Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia (HOMI), Bogotá, Colombia, entre enero de 2018 y diciembre de 2022. Se incluyeron pacientes menores de 18 años con aspergilosis invasiva. Los casos fueron clasificados según los criterios EORTC/MSGERC 2019. Se analizaron variables demográficas, factores de riesgo, hallazgos microbiológicos e imagenológicos, tratamiento y mortalidad. Las variables cuantitativas se expresaron como medianas y rangos intercuantiles (RIC). **Resultados.** Se identificaron 118 pacientes: 47 (39,8%) con aspergilosis invasiva posible, 61 (51,7%) probable y 10 (8,5%) probada. La mediana de edad fue de 11 años (RIC 5–14); 81% tenía enfermedad oncológica, principalmente leucemia linfocítica aguda (56%), y 27% antecedente de trasplante hematopoyético. La mediana de fiebre previa al diagnóstico fue de 4 días (RIC 2–6) y la neutropenia prolongada estuvo presente en 66% de los pacientes, con una mediana de 27 días (RIC 7–55). El pulmón fue el principal sitio de infección (81%). El voriconazol fue el antifúngico definitivo más utilizado (83%). La mortalidad global fue del 31%. **Conclusiones.** La aspergilosis invasiva continúa siendo una causa importante de morbilidad y mortalidad en niños inmunocomprometidos. La fiebre persistente y la neutropenia prolongada fueron hallazgos frecuentes que pueden favorecer el reconocimiento temprano de pacientes con mayor riesgo de enfermedad fúngica invasora.

Otros tópicos

TCP-010

Ehrlichia minasensis y *Anaplasma* spp. en *Rhipicephalus microplus* de bovinos, Córdoba, Colombia

Galeano-Anaya K, López Y, García N, Guzmán C, Mattar S.
Universidad de Córdoba.
Montería
kettygaleanoa@correo.unicordoba.edu.co

Introducción. Muchas de las enfermedades emergentes son transmitidas por garrapatas y pueden transmitir patógenos zoonóticos, como virus, bacterias, y parásitos entre otros. Entre estos, los géneros *Ehrlichia* y *Anaplasma*. Las infecciones por *Anaplasma* y *Ehrlichia* que suelen manifestarse con fiebre, malestar general y alteraciones como trombocitopenia y leucopenia. **Objetivos.** Detectar *Anaplasma* spp. y *Ehrlichia* spp. en garrapatas del departamento de Córdoba. **Materiales y métodos.** Entre 2022–2023 se realizaron capturas en 6 municipios del departamento de Córdoba. Los especímenes se preservaron en N2 líquido. Se hicieron "pools" de 20 individuos por especie y localidad, la extracción del ADN se realizó con un kit comercial. Se hizo un análisis preliminar de las comunidades bacterianas dirigido al gen completo del 16S-ARNr a través de la plataforma Oxford Nanopore. Luego por PCR convencional se hizo la caracterización de *Ehrlichia* spp y *Anaplasma* spp usando cebadores específicos; las muestras positivas se secuenciaron mediante el método Sanger y se realizaron los análisis filogenéticos correspondientes. **Resultados.** Se capturaron 515 garrapatas, el 53,78% (277/515) fueron *R. microplus*, el 23,1% (119/515) *A. dissimile*, el 12,4% (64/515) *R. sanguineus* y el 9,7% (50/515) *D. nitens*. El bacterioma mostró comunidades bacterianas (16S-ARNr) de importancia en salud pública: *Anaplasma* con 6,350 lecturas, *Rickettsia* con 16,278 lecturas, *Ehrlichia* con 64 lecturas entre otros. El análisis molecular detallado confirmó la presencia de *Ehrlichia minasensis* y *Ehrlichia canis*. Una secuencia de

Anaplasma, se relacionó con el complejo *A. ovis/A. capra*, mientras que la otra mostró una estrecha asociación con *Candidatus Anaplasma bovine*. **Conclusiones.** Los resultados demuestran la circulación de *Anaplasma* y *Ehrlichia* en *R. microplus* de Córdoba, patógenos significativos para humanos y animales y resaltan la importancia de fortalecer la vigilancia epidemiológica bajo el enfoque One Health.

TCP-011

Brote de tos ferina en comunidad indígena Yukpa migrantes venezolanos, barrio nuevo Escobal Cúcuta, norte de Santander, febrero 2026

Bautista-Garnica Y, Gallego-Rodríguez J, Arias-Caicedo C, Corredor-Blanco S, Torres-Buitrago A, Parra-Ruiz N, Montoya-González J, Agelvis-Rangel V.
Instituto Nacional de Salud; Organización Panamericana de la Salud; Instituto Departamental de Salud de Norte de Santander; Secretaría de Salud Municipal de Cúcuta.
Cúcuta
alexbautistag1974@gmail.com

Introducción. La tos ferina es una enfermedad respiratoria aguda altamente contagiosa y prevenible por vacunación, que continúa representando un reto para la salud pública, especialmente en poblaciones vulnerables. En febrero de 2026 se notificaron casos probables de tos ferina en la comunidad indígena Yukpa del barrio Nuevo Escobal, en Cúcuta, Norte de Santander. **Objetivos.** Caracterizar el brote de tos ferina en la comunidad indígena Yukpa del municipio de Cúcuta, Norte de Santander, durante febrero de 2026. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de brote mediante investigación epidemiológica de campo, búsqueda activa comunitaria e institucional, revisión de historias clínicas, valoración médica, quimioprofilaxis, toma de muestras y seguimiento a contactos. El análisis incluyó variables sociodemográficas, clínicas y epidemiológicas, mediante la construcción de la línea de tiempo y curva epidémica, caracterización sociodemográfica y clínica de los casos, cálculo de tasas de ataque por edad, sexo en la población expuesta, distribución de signos y síntomas. **Resultados.** Se identificaron 16 casos probables, de los cuales 3 fueron confirmados por PCR. La población más afectada correspondió a niños entre 3 meses y 12 años, con predominio del sexo femenino y nacionalidad venezolana. Se realizaron 13 muestras de hisopado nasofaríngeo y cinco casos requirieron hospitalización. La tasa de ataque global fue del 9%, con mayor afectación en la aldea 1. Todos los casos confirmados presentaron tos mayor de 14 días y algunos manifestaron signos de gravedad como estridor, cianosis y apnea. Las acciones de control incluyeron quimioprofilaxis, vacunación, seguimiento de contactos y articulación interinstitucional. No se identificaron casos secundarios posteriores al abordaje integral. **Conclusiones.** El brote evidenció transmisión localizada en una comunidad indígena migrante en condición de vulnerabilidad y alta movilidad poblacional. La respuesta interinstitucional, las acciones de vigilancia y atención integral permitieron la contención del brote y el seguimiento de casos y contactos.

TCP-012

Dermatitis atópica (DA) en adultos colombianos: reconfiguración del microbioma intestinal y reducción de *Blastocystis*

Delgado-Aldana A, Nieto-Clavijo C, Morales L, Ordoñez-Rubiano M, Romero-Sánchez C, Castellanos J, Cruz-Ramírez T, Chaparro-Olaya J.
Universidad El Bosque; Universidad Nacional de Colombia.
Bogotá
daviddelgado1425@gmail.com

Introducción. La DA es una enfermedad inflamatoria crónica asociada con alteraciones del eje intestino-piel. En Latinoamérica, la relación entre DA, microbioma intestinal, protozoos intestinales y capacidad funcional microbiana ha sido poco explorada. **Objetivos.** Caracterizar el ecosistema intestinal y el potencial funcional microbiano inferido en adultos colombianos con DA. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio analítico transversal en adultos colombianos con DA y controles. A partir de muestras fecal, se hizo detección de *Blastocystis*, *Giardia duodenalis*, *Entamoeba histolytica* y *Cryptosporidium* mediante PCR. El bacterioma se caracterizó mediante secuenciación del gen 16S rRNA (full-length), seguida de análisis de abundancia/diversidad, clasificación taxonómica; inferencia funcional con PICRUST2 y mapa de correspondencia taxón-función. **Resultados.** Se reclutaron 251 individuos, solo 214 entregaron muestra de materia fecal. De estos, se excluyeron 11 con protozoos patóge-

nicos debido a su potencial influencia sobre el microbioma intestinal, además de 5 muestras por bajas lecturas, quedando 198 muestras: 105 controles y 93 pacientes. La DA se asoció con menor diversidad alfa y estructura comunitaria diferencial según unweighted-UniFrac. *Blastocystis* fue significativamente menos frecuente en pacientes que en controles. El análisis taxonómico mostró enriquecimiento en controles de géneros anaerobios como *Agathobacter*, *Prevotella*, *Roseburia*, *Alistipes* y *Parabacteroides*. PICRUSt2 identificó 40 rutas diferencialmente representadas, principalmente relacionadas con degradación/ utilización/asimilación y biosíntesis. La estratificación conjunta por presencia de dermatitis atópica y detección de *Blastocystis* permitió identificar patrones taxonómicos y funcionales diferenciales entre C-, C+, DA- y DA+. Finalmente, el mapa taxón-función conectó nueve géneros bacterianos con nueve rutas metabólicas predichas. **Conclusiones.** La DA en adultos colombianos se asoció con una reconfiguración ecológica del microbioma intestinal caracterizada por menor diversidad bacteriana, reducción de *Blastocystis* y disminución de géneros anaerobios enriquecidos en controles, acompañadas de alteraciones funcionales inferidas. Estos hallazgos sugieren que *Blastocystis* podría asociarse con configuraciones microbianas intestinales vinculadas con mayor diversidad y estabilidad ecológica. Financiación: Universidad El Bosque PCI-2024-0001.

TCP-013

Brote de varicela con identificación de casos de Mpox en trabajadores de Pereira, Colombia, 2024

Restrepo-Mesa K, Estrada-Álvarez J.
Programa de Entrenamiento en Epidemiología de Campo (FETP Colombia).
Dosquebradas
karol.restrepo.risaralda@gmail.com

Introducción. La varicela es una enfermedad exantemática causada por el virus varicela zóster. El diagnóstico diferencial de los síndromes febriles exantemáticos ha cobrado relevancia por la reemergencia de eventos como Mpox, que comparte manifestaciones clínicas, pero presenta una dinámica de transmisión distinta. **Objetivos.** Este estudio tuvo como objetivo caracterizar un brote de varicela con identificación de casos de Mpox en trabajadores de una empresa en Pereira, Colombia, 2024. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo como parte de la investigación de un brote de varicela en trabajadores de una empresa, a partir de las notificaciones del Sistema de Vigilancia Nacional. Se revisaron los resultados de laboratorio e historias clínicas de los casos de varicela y Mpox. Para la Búsqueda Activa Institucional se utilizó la información de los Registros Individuales de Prestación de Servicios de Salud, se llevó a cabo Búsqueda Activa Comunitaria para identificación de casos compatibles con la enfermedad, se calcularon las tasas de ataque por área de trabajo, los datos se procesaron en el software estadístico R. **Resultados.** Se identificó brote de varicela en trabajadores de una empresa, se confirmaron 59 casos una tasa de ataque general de 3,9% (59/1507), el 100% presentaron fiebre y erupción cutánea, predominó el sexo masculino 89,8% (53). La curva epidémica sugiere un brote de exposición común; sin embargo, en días posteriores se evidenció propagación de persona a persona, consistente con una segunda generación de infecciones. Como diagnóstico diferencial a unas lesiones atípicas, se confirmaron dos casos de Mpox mediante técnica de PCR de muestras orofaríngeas y lesiones cutáneas. **Conclusiones.** Se confirmó un brote de varicela en trabajadores de una empresa, en el que se identificaron simultáneamente dos casos de Mpox. El principal factor de riesgo fue una actividad masiva realizada durante varios días consecutivos, se determinó la importancia de realizar diagnósticos diferenciales.

PROA

TCP-014

Evaluación del Sepsityper® mediante MALDI-TOF MS para identificación bacteriana directa en hemocultivos positivos: precisión diagnóstica y desenlaces clínicos

Echavarría-Betancur E, Jiménez J, Vanegas J, Escobar T, Echeverri-Toro L, Atehortúa-Muñoz S.
Hospital Pablo Tobón Uribe; Universidad de Antioquia; Universidad Pontificia Bolivariana.
Envigado
satehortuamd@gmail.com

Introducción. Las bacteriemias presentan una alta morbimortalidad (25%-80%); cada hora de retraso en el tratamiento adecuado disminuye la supervivencia un 7,6%. La identificación rápida mediante Sepsityper® por MALDI-TOF MS permite una detección directa, con potencial para optimizar tempranamente la terapia antimicrobiana. **Objetivos.** Evaluar la precisión y validez diagnóstica del protocolo Sepsityper en la identificación de bacterias aerobias y describir los desenlaces clínicos según las conductas médicas post-reporte del agente etiológico. **Materiales y métodos.** Estudio experimental aleatorizado (Fase IV) realizado en el Hospital Pablo Tobón Uribe (abril-septiembre 2023). Se incluyeron 106 pacientes con hemocultivos aerobios positivos, asignados a intervención (Sepsityper®) o control (protocolo convencional). Se evaluaron la concordancia diagnóstica, tiempos de identificación, ajustes en la terapia antimicrobiana, estancia hospitalaria y mortalidad. **Resultados.** Se evaluaron 63 muestras para precisión diagnóstica, obteniendo una concordancia del 84,1% (IC 95%: 73,2-91,1) y una especificidad del 100% (Kappa 0,87 para bacilos Gram-negativos; 0,81 para cocos Gram-positivos). El tiempo mediano de identificación disminuyó significativamente con Sepsityper® a 1,7 horas (RIC: 1,3-2,4) frente a las 28,4 horas (RIC: 26,5-35,4) del método convencional ($p < 0,001$). En la fase clínica, el 27,4% del grupo de intervención tuvo modificaciones tempranas en el esquema empírico previo al antibiograma; no se observaron diferencias estadísticamente significativas en la estancia hospitalaria ni en la mortalidad global. **Conclusiones.** El protocolo Sepsityper® reduce drásticamente el tiempo de identificación microbiológica y demuestra que realizar ajustes terapéuticos empíricos tempranos guiados por esta tecnología es una práctica segura que no afecta negativamente la mortalidad, evidenciando la necesidad de articular esta herramienta a los Programas de Optimización de Antimicrobianos (PROA) para maximizar su impacto clínico.

Vacunación

TCP-015

Percepción de la calidad en la formación y nivel de conocimiento en vacunas en estudiantes de medicina y postgrado en pediatría e infectología pediátrica, estudio de corte transversal

Urbano-Pulido D, Álvarez-Larrañaga M, Báez-Camacho M, Londoño-Ruiz J.
Universidad El Bosque; Clínica Infantil Colsubsidio.
Bogotá
diegourbano13@gmail.com

Introducción. La educación en vacunología es fundamental para la práctica médica y la confianza en la inmunización, pero su enseñanza presenta variabilidad y posibles deficiencias que pueden impactar la salud pública. **Objetivos.** Describir la percepción de la calidad de la formación y el nivel de conocimiento en vacunas en estudiantes de medicina, residentes de pediatría y fellows de infectología pediátrica. **Materiales y métodos.** Estudio observacional de corte transversal analítico, realizado en la Clínica Infantil Colsubsidio (Bogotá, Colombia) entre octubre y noviembre de 2025. Se incluyeron estudiantes de pregrado (6°-12° semestre), residentes de pediatría y fellows de infectología pediátrica que aceptaron participar y completaron una encuesta digital. Se evaluaron percepción (escala Likert) y conocimiento en vacunología (puntaje de respuestas correctas). Se realizaron análisis descriptivos, Chi-cuadrado y Kruskal-Wallis. **Resultados.** De aproximadamente 600 estudiantes invitados, 236 completaron la encuesta (edad media 26,3±4,7 años; 67,8% mujeres). El 70,3% consideró insuficiente o dudosa su formación. Más del 50% se sintió indeciso o incapaz para resolver dudas o enfrentar reticencia vacunal. Los posgrados mostraron mayor conocimiento que pregrado (ej. esquemas: 75,4% vs. 68,5%, $p=0,0103$; contraindicaciones: 67,7% vs. 51,9%, $p=0,0194$; catch-up: 66,2% vs. 54,2%, $p=0,0110$). Se evidenció asociación positiva entre conocimiento y frecuencia de clases ($p=0,0338$), percepción de educación suficiente ($p=0,0437$) y horas de estudio ($p=0,0056$). Persistieron creencias erróneas asociadas a menor conocimiento ($p < 0,001$). **Conclusiones.** Existen brechas relevantes en la formación en vacunología, especialmente en pregrado, que afectan la confianza y competencias, requiriendo fortalecimiento curricular con estrategias prácticas y comunicacionales.

VIH

TCP-016

Prevalencia y factores asociados a la práctica de chemsex en usuarios de PrEP en un programa de salud en Bogotá, Colombia

Carrero-Gutiérrez Z, Nogales-Gallo C, Pinto-Gámez D, Gómez-Quintero C, Vergara-Samur H.
Medicina Familiar; Grupo One Health en Enfermedades Infecciosas, Centros Médicos Colsanitas; Keralty; Unidad de Investigación, Grupo Sanitascrea, Fundación Universitaria Sanitas.
Bogotá
dr.hernan.vergara@gmail.com

Introducción. El uso de profilaxis preexposición (PrEP) optimiza la prevención del VIH. Sin embargo, prácticas emergentes como el chemsex plantean retos epidemiológicos que requieren caracterización regional. **Objetivos.** Estimar la prevalencia de chemsex e identificar los factores sociodemográficos, clínicos y conductuales asociados en usuarios de PrEP en Bogotá. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, transversal y analítico de análisis secundario de datos. Se evaluaron usuarios ingresados a un programa de PrEP en Bogotá entre marzo de 2022 y junio de 2023. Los criterios de elegibilidad exigieron datos conductuales completos. El desenlace principal fue la práctica de chemsex. Se ejecutó un modelo de regresión logística multivariada en STATA 18. **Resultados.** Se incluyeron 554 participantes (110 en el grupo chemsex y 444 sin chemsex). La prevalencia de chemsex fue del 19,8%. La mediana de edad general fue de 29 años y el 100% del grupo chemsex fueron hombres biológicos. En el análisis bivariado se asociaron significativamente al chemsex: el policonsumo de sustancias psicoactivas (OR: 2,28; IC95%: 1,12–4,65; p=0,023), el número de parejas sexuales (OR: 1,05; IC95%: 1,03–1,08; p=0,001), el alcohol asociado al sexo (OR: 2,51; IC95%: 1,61–3,90; p=0,001) y el desempleo (OR: 1,91; IC95%: 1,01–3,61; p=0,046). En el análisis multivariado ajustado, el policonsumo (OR: 2,14; IC95%: 1,01–4,53; p=0,047) y el alcohol en el contexto sexual se mantuvieron como factores asociados independientes. **Conclusiones.** El chemsex en esta cohorte urbana se asocia fuertemente al policonsumo de sustancias y al uso de alcohol en el contexto sexual (p. 2). Estos hallazgos evidencian la necesidad de integrar estrategias dirigidas de reducción de riesgos y salud mental dentro de los programas de PrEP.

TCP-017

Diseño de estrategias de mejora institucional para fortalecer la asistencia a los servicios interdisciplinarios del programa integral de atención en VIH en una IPS especializada

Arévalo-Mora L, Ramírez N, Morales F, Coral L, Bernal I, Salazar M, Valencia S, Herrán A, Medina R, Herrán L, Sussmann O.
Infectoclínicos IPS.
Bogotá
larevalom79@hotmail.com

Introducción. El manejo integral de la infección por VIH requiere la articulación efectiva de servicios médicos e interdisciplinarios para garantizar el bienestar biopsicosocial y la adherencia sostenida de los usuarios al modelo de atención. **Objetivos.** Diseñar estrategias de mejora institucional que fortalezcan la asistencia de los pacientes a los servicios interdisciplinarios, mediante la aplicación de herramientas gerenciales para optimizar la integralidad y eficiencia del modelo asistencial. **Materiales y métodos.** Estudio de caso cualitativo con enfoque explicativo realizado en 2024 en una IPS de Bogotá. Se aplicaron encuestas estructuradas a una población de 461 pacientes y 12 profesionales del equipo de apoyo, analizando los datos mediante matrices DOFA, diagramas de Ishikawa y el ciclo PHVA para el diseño del plan de mejora. **Resultados.** Se evidenció una marcada brecha asistencial entre la consulta médica (4.338 registros) y servicios como enfermería (927 registros). Aunque el 79% de los pacientes conoce el grupo de apoyo, el 33% manifestó desconocer el propósito de las consultas y solo el 27% recibe recordatorios efectivos. Los profesionales identificaron inasistencias del 30-50% asociadas a la falta de conocimiento del paciente y horarios poco flexibles. Se diseñaron cuatro estrategias clave: diagnóstico de asistencia en tiempo real, programación integrada de citas, programas complementarios y conexión asistencial efectiva, estableciendo indicadores de cumplimiento $\geq 80\%$ y una meta de incremento

del 20% en la asignación simultánea de citas. **Conclusiones.** La baja participación interdisciplinaria es un fenómeno multifactorial condicionado por barreras operativas, estigma y una baja percepción de utilidad por parte del usuario, lo que exige un rediseño del flujo operativo centrado en la educación y la integración estratégica de servicios.

TCP-018

Patrones moleculares de resistencia antirretroviral en secuencias del gen pol del VIH-1: análisis bioinformático de una muestra de la región Caribe colombiana

Prieto-Garcerant L, Rodríguez-Rojas H, Tapia-García J, Villarreal-Camacho J.
Universidad Libre Seccional Barranquilla.
Barranquilla
luzzprieto21@gmail.com

Introducción. La resistencia antirretroviral del VIH-1 puede comprometer la supresión virológica y reducir las opciones terapéuticas. El análisis de secuencias locales mediante herramientas bioinformáticas ofrece una alternativa reproducible para caracterizar patrones moleculares e reconocer inferir resistencia clínica. **Objetivos.** Describir las sustituciones del gen pol del VIH-1 y su relevancia potencial para la resistencia antirretroviral en secuencias de pacientes de la región Caribe colombiana. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo y retrospectivo, con análisis bioinformático in silico, realizado en la Universidad Libre Seccional Barranquilla entre marzo de 2025 y febrero de 2026. Se analizaron 24 secuencias anonimizadas del gen pol, procedentes de adultos con infección confirmada por VIH-1 y recolectadas en un estudio molecular previamente aprobado. Geno2pheno Resistance se utilizó para identificar sustituciones y estimar su interpretación. **Resultados.** Se incluyeron 24 secuencias al inicio y las 24 completaron el análisis. La longitud mediana fue 239,5 nucleótidos (RIC 237,8–243,0; rango 234–399). La cobertura predominó en proteasa; 23 secuencias alcanzaron solo los codones 1–15 de transcriptasa reversa y una llegó al codón 66; ninguna incluyó integrasa. **Conclusiones.** El análisis permitió caracterizar sustituciones relevantes en la proteasa del VIH-1 y demostró la utilidad del abordaje bioinformático para identificar patrones moleculares potencialmente asociados con resistencia antirretroviral.

Virología

TCP-019

Georreferenciación de la infección por HTLV-I/II en una población donante de sangre en una región endémica de Colombia durante el período 2014-2024

Garzón-López L, Vallejo-Serna R, Sastre-Martínez A, Cortés-Buelvas A, Collazos-Rodríguez P, Ospina L, Grillo E, Gallego-Orjuela G, Muñoz-Lombo J.
Universidad del Valle; Registro Poblacional de Cáncer de Cali (RPCC); Cruz Roja Colombiana Seccional Valle; Banco de Sangre del Hospital Universitario del Valle.
Cali
linamariagarzonlopez@gmail.com

Introducción. El virus linfotrópico de células T humanas (HTLV-1/2) es un retrovirus con potencial oncogénico, y está asociado al desarrollo de enfermedades neurodegenerativas. El HTLV-1/2 se puede transmitir a través de transfusiones sanguíneas. Los bancos de sangre son clave para su vigilancia, pero no hay estudios que integren análisis espacial. **Objetivos.** Describir el comportamiento geoespacial de la infección por HTLV-1/2 en una población donante de sangre de una región endémica de Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio transversal de una población donante de sangre del Hospital Universitario del Valle y la Cruz Roja Colombiana Seccional Valle, en Cali, Colombia, entre 2014 y 2024. Se tomaron los registros únicamente de los donantes con resultado confirmado como positivo para HTLV-1/2 detectado durante el proceso rutinario de tamización serológica en la donación de sangre. El proceso de geocodificación se ejecutó de forma individual con la dirección registrada por los donantes para un análisis de densidad Kernel. **Resultados.** La seroprevalencia acumulada fue de 0,08%. Los resultados reactivos fueron más frecuentes en mujeres (71,59%) y la mediana de edad fue de 42 años. El 18% presentó reacción positiva concomitante con otros marcadores de infección, principalmente por sífilis (54%) y hepatitis B (34%). La mayor seroprevalen-

cia (0,12%) se registró en el 2022. Se logró geocodificar el 96% de los casos, revelando conglomerados urbanos de alta densidad en el centro-occidente de Cali, con gradientes hacia el centro-oriental y suroriental. **Conclusiones.** La identificación de micro-territorios urbanos de alta densidad permite focalizar intervenciones preventivas y orientadas a la vigilancia epidemiológica para interrumpir la cadena de transmisión de la infección por HTLV.

TCP-020

Estudio seroepidemiológico de Chikungunya en donantes de sangre: análisis de prevalencia y determinantes sociodemográficos

Ibañez-Gálvis C, Pérez-Mancipe W, Cáceres B, Urbina A, Rodríguez A, Ortiz T, Alvarado C, Rojas-Sarriegue L, Ospina L, Granados-Ortegón K, Fernández O, Coronel I, Santa-Ríos C, Robayo Y, Tapiero E, Castellanos J, Coronel-Ruiz C, Nieto-Clavijo C, Delgado F.

Grupo de Virología, Vicerrectoría de Investigaciones; Universidad El Bosque; Grupo Inpac, Facultad de Medicina, Fundación Universitaria Sanitas; Banco Nacional de Sangre, Cruz Roja Colombiana; Banco de Sangre Antioquia, Cruz Roja Colombiana; Hemocentro Valle del Cauca; Banco de Sangre Quindío, Cruz Roja Colombiana; Banco de Sangre Bolívar, Cruz Roja Colombiana; Hemocentro del Café; Punto de Captación de Sangre; Laboratorio de Parasitología Molecular, Vicerrectoría de Investigaciones.

Bogotá
catalinagalvis95@gmail.com

Introducción. La infección por virus chikungunya (CHIKV) representa un reto para la seguridad transfusional, debido a la posibilidad de infecciones asintomáticas. En Colombia, la cocirculación de CHIKV, virus dengue (DENV) y virus Zika (ZIKV) dificulta la interpretación serológica y exige evaluar el desempeño de pruebas comerciales. **Objetivos.** Estimar la seroprevalencia de anticuerpos contra CHIKV en donantes de sangre, evaluar su asociación con variables sociodemográficas y comparar el desempeño diagnóstico del ELISA comercial Euroimmun frente a la prueba de neutralización por reducción de placas (PRNT). **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio transversal analítico en 1.314 muestras de suero de donantes recolectadas entre abril de 2024 y febrero de 2025 en seis bancos de sangre de la Cruz Roja Colombiana. Se evaluaron marcadores moleculares y serológicos para CHIKV, DENV y ZIKV mediante RT-PCR y ELISA. En 90 muestras se determinaron títulos de anticuerpos neutralizantes frente a CHIKV mediante PRNT50. Se realizaron análisis descriptivos, pruebas de asociación, correlación de Spearman y concordancia. **Resultados.** Se detectó ARN de CHIKV en 40 de 1.314 muestras (3,0%), IgM anti-CHIKV en 12 de 1.311 (0,9%) e IgG anti-CHIKV en 163 de 721 (22,6%). La clasificación infección/exposición se asoció con zona de riesgo de infección y área geográfica ($p < 0,001$). La ELISA IgM mostró baja concordancia con PRNT50 ($\rho = 0,007$; $p = 0,950$); la ELISA IgG presentó concordancia global de 83,6%, kappa=0,66, sensibilidad de 95,0% y especificidad de 69,7%. Las unidades relativas de IgG obtenidas del ELISA comercial se correlacionaron con los títulos de PRNT50 ($\rho = 0,746$; $p < 0,001$). **Conclusiones.** Este estudio aporta evidencia de infección reciente y exposición previa a CHIKV en donantes de sangre. El PRNT50 permitió confirmar la presencia de anticuerpos neutralizantes y aportó mayor especificidad en la caracterización serológica, resaltando su utilidad como prueba de referencia en estudios seroepidemiológicos y de vigilancia en población donante.

TCP-021

Detección y caracterización molecular del virus de la hepatitis E genotipo 3 (VHE-GT3) en muestras clínicas y ambientales del Quindío, Colombia, mediante secuenciación Oxford Nanopore MiniION y k-mer fingerprinting

González M, Moreno-Acosta O, Padilla L, Castaño J.
Universidad del Quindío.
Circasia
mmgonzalez@uniquindio.edu.co

Introducción. El VHE genotipo 3 (VHE-gt3) es la principal causa de hepatitis E zoonótica en países no endémicos. En Colombia, la divergencia genómica de las cepas locales impide su detección sistemática por métodos convencionales basados en BLAST o RT-PCR. **Objetivos.** Detectar y caracterizar molecularmente VHE-gt3 en muestras clínicas y ambientales del Quindío mediante secuenciación Nanopore y k-mer fingerprinting con referencia local empírica. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo-molecular (Acta Bioética N°023/2022, Univer-

sidad del Quindío; aval Hospital de tercer nivel del departamento, Radicado 202201850081131; consentimiento informado). Se procesaron 8 muestras de suero (Quindío, 2025) y un control positivo ambiental (Medellín). Amplificación: primers HE361/HE363/HE364/HE366. Secuenciación: ONT MinION R10.4.1 (SQK-NBD114-24). Pipeline: k-mer fingerprinting (k=25, umbral 30%, Fisher), minimap2 v2.28, ivar v1.4.4, árbol Neighbor-Joining (K2P, 1000 Bootstrap), validación Sanger (pCR2.1-TOPO, MacroGen). Secuencias depositadas en GenBank (PZ262436, PZ262437). **Resultados.** Dos muestras mostraron detección inequívoca: cDNA_2 (44,5% lecturas HEV+; $p < 10^{-106}$) y cDNA_4b (39,5%; $p < 10^{-121}$). Las 6 muestras restantes presentaron señales de 8,4–18,3%, por debajo del umbral operacional, interpretadas como indeterminadas. El control positivo local alcanzó 96,2%, validando el pipeline. Las cepas colombianas presentaron 0% de solapamiento k-mer con referencias GenBank a $k \geq 17$. El análisis filogenético (NJ/K2P) ubicó los aislados dentro del clado VHE-gt3 (Bootstrap 83%). **Conclusiones.** La estrategia ONT MinION + k-mer fingerprinting con referencia local superó la barrera diagnóstica impuesta por la divergencia de las cepas colombianas. Este es el primer reporte de caracterización molecular de VHE-gt3 en Colombia mediante secuenciación Oxford Nanopore Technology.

TCP-022

Dinámica Epidemiológica e impacto de la variabilidad climática sobre la distribución del dengue en Nariño, Colombia, de 2019-2024

Caicedo D, Argote T.
Universidad de Nariño.
Pasto
dianamarcelacaicedoayala@gmail.com

Introducción. El dengue representa un problema crítico y creciente de salud pública en el departamento de Nariño, donde la alta diversidad geográfica y climática actúa como un factor determinante que favorece la expansión y adaptación del vector. **Objetivos.** Caracterizar el comportamiento epidemiológico (temporal, espacial, sociodemográfico y clínico) del dengue en Nariño entre 2019 y 2024, analizando su relación con variables climáticas como lo son temperatura, precipitación y humedad relativa con el fin de fortalecer la vigilancia en salud pública. **Materiales y métodos.** Consiste en un estudio cuantitativo, descriptivo y de corte transversal desarrollado en el departamento de Nariño durante los años 2019 a 2024. La población estudiada consistió en un censo de 7.889 casos notificados oficialmente al SIVIGILA. Se obtuvo la tasa de incidencia y la caracterización de las formas clínicas graves frente a variables demográficas y climáticas, y se realizó modelos de correlación de Spearman y regresión lineal múltiple con rezagos temporales de 1, 2 y 3 meses. **Resultados.** Se analizaron 7.889 casos, observando un incremento abrupto en la tasa de incidencia que pasó de 29,43 en 2020 a 196,14 casos por cada 100.000 habitantes en 2024. Las principales variables sociodemográficas revelaron que el 96,5% de los casos graves pertenecía al estrato socioeconómico bajo y el 57,9% a la población afrodescendiente. Clínicamente, el dolor abdominal (47,4%) y la trombocitopenia (42,1%) fueron los hallazgos más relevantes en casos graves. La temperatura presentó la correlación positiva más fuerte con la transmisión ($p = 0,448$; $p < 0,001$). El modelo de mejor ajuste fue el de rezago a tres meses, el cual explicó el 54% de la variabilidad de la tasa de dengue (R^2 ajustado = 0,519). **Conclusiones.** Nariño presentó un comportamiento atípico en el número de casos, de los cuales la población vulnerable representó el 96% del total, además las variables climáticas explican el 54% de la transmisión.

TCP-023

Reactividad cruzada, implicaciones clínicas y desafíos diagnósticos entre dengue y Zika: revisión sistemática

Lucano-Tello S, Hernandez-Del Vecchio S, Solano-Tascon D.
Universidad Libre.
Cali
samuela-lucanot@unilibre.edu.co

Introducción. La cocirculación del virus del dengue (denv) y el virus zika (zika) representa un desafío diagnóstico e inmunológico debido a la reactividad cruzada característica de los flavivirus. **Objetivos.** Sintetizar la evidencia reciente sobre reactividad cruzada, inmunopatogénesis, diagnóstico e implicaciones clínicas asociadas con denv y zika. **Materiales y métodos.** Se realizó una revisión sistemática siguiendo la declaración PRISMA 2020. La búsqueda se efectuó en PubMed, Scopus, LILACS y SciELO. Se incluyeron estudios publicados entre 2020 y 2026 en inglés y español que evaluaran aspectos inmunológicos, diagnósticos o clínicos relacionados con denv y zika. El cribado

fue realizado por dos revisores independientes mediante Rayyan Essential y la extracción de datos se efectuó en Microsoft Excel. **Resultados.** Se identificaron 2556 registros y se incluyeron 15 estudios. La mayoría reportó elevada reactividad cruzada serológica entre dengue y Zika, especialmente en pruebas ELISA IgM e IgG, disminuyendo la especificidad diagnóstica en regiones endémicas. Las proteínas E y NS1 fueron los principales blancos antigénicos asociados con respuestas cruzadas. Diversos estudios describieron fenómenos de potenciación dependiente de anticuerpos y respuestas inmunológicas heterólogas. Las técnicas moleculares, como RT-PCR y la prueba de neutralización por reducción de placas, mostraron mayor precisión diagnóstica que los métodos serológicos convencionales. **Conclusiones.** La interacción inmunológica entre dengue y Zika continúa representando un reto para el diagnóstico, la vigilancia epidemiológica y el desarrollo de vacunas, por lo que se requieren herramientas diagnósticas más específicas y estudios longitudinales que permitan comprender mejor sus implicaciones clínicas e inmunológicas.

TCP-024

Evaluación de la metagenómica para el diagnóstico de meningitis y encefalitis en el departamento de Córdoba: impacto epidemiológico y económico

Tique-Salleg V, Wickiser K, Lipkin I, Briesse T, Cuff A, Collins J, Jun X, Méndez N, Chica J, Díaz N, Alvis N, Oviedo M, Mattar S.
Columbia University; Universidad de Córdoba; Universidad de Cartagena; Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (Agrosavia).
Montería
vtiquesalleg@yahoo.com

Introducción. La meningitis y la encefalitis representan un desafío crítico para la salud pública debido a su alta morbilidad y mortalidad y la alta proporción de casos sin etiología. **Objetivos.** Evaluar el impacto epidemiológico, económico y la utilidad diagnóstica de la metagenómica en pacientes con sospecha de meningitis y encefalitis en Córdoba, Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio eco-epidemiológico con un diseño de corte transversal con dos componentes: retrospectivo y prospectivo; 1). El componente retrospectivo fue entre 2010 y 2022 de las meningitis bacterianas del Sistema Nacional de Vigilancia en Salud Pública, del Instituto Nacional de Salud, y un análisis geoespacial integrado con variables sociodemográficas y ambientales. 2.) El componente prospectivo (noviembre de 2021 y mayo 2024) para la vigilancia de pacientes con sospecha de meningitis y encefalitis del hospital regional de Montería. Los pacientes con sospecha de meningitis y encefalitis se les realizó la detección de patógenos virales en el LCR. A un grupo de pacientes se les aplicó la técnica de NGS de VirCapSeq-VERT dirigida a patógenos virales. Se realizó un análisis de los costos médicos directos para establecer el gasto en salud. **Resultados.** Se registraron 9.034 casos de meningitis bacteriana (letalidad 22,3%), la prevalencia fue así: *M. tuberculosis* (n=5.365; 59,4%), *S. pneumoniae* (n=2.005; 22,2%), *N. meningitidis* (n=1.073; 11,9%) y *H. influenzae* (n=591; 6,6%). El estudio del LCR con NGS reveló una carga viral subestimada (VIH-1, HHV-6B y Echovirus, coberturas genómicas 97,8%). Económicamente, se halló una brecha, mientras el sistema factura un "paquete" de \$408 USD, el costo real por paciente es de \$4.550 USD (estancias prolongadas+gasto en antibióticos). **Conclusiones.** Existe una desfinanciación en el manejo de estas infecciones y un silencio diagnóstico que la NGS logro resolver. VirCapSeq-VERT por primera vez en Colombia permitió una transición hacia la medicina de precisión, optimizando el recurso financiero y la vigilancia epidemiológica.

Infectología pediátrica

TCP-025

Complicaciones de la sinusitis aguda y otitis media aguda: antes, durante y después de la pandemia por COVID 19 en población pediátrica

Romero-Moreno L, Aguilar-Mejía J, Ibáñez-Méndez N, Espitia-Segura O, Gálvis-Trujillo D, Zuñiga-Zambrano Y.
Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia.
Bogotá
natalia.ibanez@urosario.edu.co

Introducción. La otitis media aguda y la sinusitis aguda son infecciones comunes en la infancia, que en ocasiones pueden progresar a complicaciones intra y extracraneales severas con una alta carga de morbilidad. A raíz de la pandemia por COVID-19 diversos estudios han reportado un aumento de sus

complicaciones, particularmente en el periodo post-COVID. **Objetivos.** Caracterizar las infecciones intra y extracraneales secundarias a otitis media aguda y sinusitis aguda en pacientes pediátricos atendidos en La Fundación Hospital Pediátrico La Misericordia, durante los periodos pre, durante y post-COVID (2018-2024). **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio retrospectivo en pacientes menores de 18 años con complicaciones intra y extracraneales secundarias a otitis media aguda y sinusitis aguda, atendidos en un centro pediátrico de cuarto nivel entre 2018 y 2024. Los pacientes se clasificaron en tres periodos: pre-COVID, COVID y post-COVID. Se analizaron variables demográficas, clínicas, microbiológicas, terapéuticas y desenlaces clínicos. **Resultados.** Se incluyeron 125 pacientes, con un incremento de casos en el periodo post-COVID (68,8%) y mayor severidad en los periodos COVID y post-COVID, con mayor requerimiento de intervenciones quirúrgicas (92%). Se obtuvieron cultivos en el 60,8% de los pacientes, con una tasa de positividad del 25%, siendo mayor durante la pandemia. El género *Streptococcus* fue el más frecuentemente aislado, destacándose *S. pneumoniae* y el grupo *S. anginosus*. El 29,6% de los pacientes requirió ingreso a la unidad de cuidados intensivos. La tasa de mortalidad fue del 3,2%, con todos los desenlaces no favorables presentes en el periodo post-COVID. Sin embargo, ninguna de estas variables tuvo una asociación significativa con los periodos estudiados. **Conclusiones.** Nuestro estudio evidencia un aumento de 3,5 veces de las complicaciones intra y extracraneales asociadas a la otitis media y sinusitis aguda, con tendencia hacia mayor frecuencia y severidad en el periodo post-COVID en la población pediátrica.

TCP-026

Caracterización clínica y microbiológica de las infecciones del sistema nervioso central en una cohorte de niños colombianos: estudio de cohorte retrospectiva en un hospital de referencia

Sierra-Breton M, Marulanda-Gálvis M, Garces-Samudio C, Arteaga-Arteaga A, Vivas-Tróchez R, Gaviria-Jiménez J.
Universidad de Antioquia; Clínica Cardiovid; Hospital San Vicente Fundación.
Enviado
alejand207@gmail.com

Introducción. Las infecciones del sistema nervioso central (SNC) en población pediátrica tienen un alto riesgo de secuelas neurológicas y mortalidad, representando un problema de salud pública a nivel global y especialmente en países de ingresos medios y bajos. **Objetivos.** Caracterizar las condiciones sociodemográficas, microbiológicas, clínicas y paraclínicas una cohorte de pacientes pediátricos (entre 0 día- 14 años) con diagnóstico de neuroinfección en un hospital de alta complejidad de la ciudad de Medellín, en el periodo entre el 2014-2024. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de cohorte descriptiva en pacientes entre 0 y 14 años con diagnóstico de neuroinfección entre 2014 y 2024 en un centro de referencia, incluyendo variables demográficas, clínicas y paraclínicas, se realizó descripción por subgrupos de edad, tipo de infección del SNC, agente etiológico, estado inmunológico y antecedente neuroquirúrgico. **Resultados.** Se incluyeron 536 pacientes, en su mayoría menores de 5 años (65,3%). La meningitis fue la entidad más frecuente (60,3%), la mortalidad global fue del 5,8% y las secuelas neurológicas del 20,9% con un 62,5% de casos con requerimiento de manejo en unidades de cuidado crítico. Se evidenció la heterogeneidad clínica y microbiológica entre cada subgrupo, con una proporción elevada de infecciones por *Mycobacterium tuberculosis*, especialmente en menores de 2 años. La fiebre fue el síntoma más frecuente pero hubo patrones diferenciales en entidades como absceso cerebral y encefalitis. **Conclusiones.** En nuestro conocimiento, nuestra cohorte es una de las más grandes realizadas en Latinoamérica y resalta la alta carga de enfermedad de las infecciones del SNC en países de ingresos medios, y la necesidad de realizar un abordaje individualizado acorde al tipo de neuroinfección, la edad, los antecedentes y el agente etiológico.

TCP-027

Factores de riesgo asociados a candidemia en niños ingresados a la unidad de cuidados intensivos dona pilar Durante el año 2023

Cuello-Díaz M, Pinzon-Redondo H.
Universidad de Cartagena.
Sahagún
mariafcuellod@gmail.com

Introducción. La candidemia representa la principal causa de infecciones fúngicas sistémicas de origen nosocomial con la capacidad de causar enfermedad invasiva grave en pacientes de riesgo y no existen estudios en la costa

caribe colombiana que hayan determinado factores de riesgo para desarrollar una fungemia por *Candida* en la población pediátrica. **Objetivos.** Evaluar los factores de riesgo asociados al desarrollo de candidemia en pacientes pediátricos hospitalizados en la UCI Doña Pilar en el año 2023. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo observacional analítico de casos y controles que incluyó a todos los niños > 1 mes y < 18 años hospitalizados en la UCI Doña Pilar de Cartagena, Colombia, en quienes se aisló *Candida* spp en algún hemocultivo desde el 1 de enero hasta el 31 de diciembre de 2023. Se recolectaron datos de su historial clínico, variables sociodemográficas, presencia de los factores previo a la fecha de obtención del cultivo y el resultado final del paciente. **Resultados.** Se reportaron 227 pacientes con hemocultivos positivos, de los cuales 47 (25,5%) cumplían con los criterios de inclusión. El diagnóstico más frecuente fue la neumonía (22%). Se obtuvo una mediana de estancia hospitalaria de 13 días. La especie más prevalente fue *Candida auris*. El análisis de regresión logística, arrojó que la estancia en UCI se asoció significativamente con la candidemia (OR ajustado: 1,02; 95% CI: 1,01-1,04; p = 0,001), también la nutrición parenteral (OR ajustado: 7,75; 95% CI: 1,77-33,9; p = 0,006), la ventilación mecánica (OR ajustado: 2,75; 95% CI: 1,02-42; p = 0,044 y el uso de antibióticos de amplio espectro > 5 días (OR ajustado: 6,53; 95% CI: 2,25-18,9; p < 0,001). **Conclusiones.** La candidemia en UCI pediátrica en nuestro medio es una complicación de alta prevalencia con factores de riesgo claves que se asocian a su aparición.

TCP-028

Factores asociados a candidemia en niños en dos hospitales de alta complejidad en el Nororiente de Colombia: un estudio de casos y controles

Manosalva-Arciniegas L, Buitrago-Salazar J, Vargas-Soler J.
Fundación Cardiovascular de Colombia; Universidad CES.
Bucaramanga
laurisabelmanosalva@gmail.com

Introducción. En Colombia, las infecciones por *Candida* spp. son la quinta causa de infecciones asociadas a dispositivos invasivos en unidades de cuidados intensivos en pediatría. En los últimos años se ha observado un cambio epidemiológico relevante, en el que *Candida auris* emerge como una de las principales causas de candidemia, trascendiendo de su rol exclusivo como responsable de brotes, hacia una causa establecida de candidemia. **Objetivos.** Determinar los factores demográficos y clínicos asociados a la presentación de candidemia en población pediátrica en los servicios de pediatría en dos hospitales alta complejidad en el nororiente colombiano entre 2018 al 2023. **Materiales y métodos.** Materiales y métodos: Se realizó un estudio observacional, analítico, retrospectivo de casos y controles, aplicándose un modelo de regresión logística para establecer factores asociados a la presentación de candidemia. **Resultados.** Resultados: Se detectaron 67 casos de candidemia, con una relación caso-control de 1:1. La mediana de edad fue de 4 meses, predominando el sexo masculino (55,2%). Las infecciones por *C. non albicans* fueron más frecuentes (83,6%) en comparación con *C. albicans* (16,4%). Las subespecies más comunes fueron *C. parapsilopsis* (46,2%), seguida de *C. auris* (17,9%) y *C. albicans* (11,6%). Los principales factores asociados fueron: nutrición parenteral total (ORA 6,82; IC 95%: 2,31-20,1), ventilación mecánica (ORA 2,91; IC 95%: 1,08-7,79), patología respiratoria (ORA 3,76; IC 95%: 1,12-12,6) y proceder de la región Caribe (ORA 4,76; IC 95%: 1,26-17,9). **Conclusiones.** Conclusión: La candidemia en población pediátrica ha demostrado cambios a lo largo del tiempo, destacándose *C. auris* como la segunda causa principal. Su creciente incidencia en entornos hospitalarios resalta la necesidad de identificar los factores asociados a esta infección.

TCP-029

Asociación entre los parámetros del hemograma al momento del diagnóstico y el dengue grave en población pediátrica en Bucaramanga, Colombia

Pérez-Lora C, Almeyda-Carreño G, Lisan-Molina J, Consuegra-Méndez B, Serrano-Gómez S, Quiroga-Castañeda S, Mora-Bautista V.
Universidad Industrial de Santander.
Bucaramanga
perezloracarolina@gmail.com

Introducción. El dengue constituye una importante causa de morbimortalidad pediátrica en Colombia, con comportamiento endemo-epidémico y riesgo de progresión a formas graves. La identificación temprana de pacientes de alto riesgo continúa siendo un reto, dada la limitada disponibilidad de

biomarcadores accesibles y costo-efectivos. Parámetros derivados del hemograma como el ancho de distribución eritrocitaria (ADE), la relación neutrófilo-linfocito (RNL) y el volumen plaquetario medio (VPM) han emergido como potenciales marcadores para detectar tempranamente población con riesgo de complicaciones y optimizar decisiones clínicas. **Objetivos.** Establecer la asociación entre la RNL, ADE y VPM al momento del diagnóstico de dengue y la ocurrencia de dengue grave en población pediátrica. **Materiales y métodos.** Estudio analítico de casos y controles (casos: dengue grave; controles: dengue no grave). Se incluyeron 211 pacientes menores de 18 años con dengue confirmado mediante NS1 o IgM positivos, atendidos entre marzo y diciembre de 2025 en dos centros de alta complejidad de Bucaramanga, Colombia. Se excluyeron pacientes sin hemograma basal previo al desarrollo de gravedad o con comorbilidades activas. El desenlace primario fue la ocurrencia de dengue grave. Se realizaron análisis de regresión logística univariada y multivariada. Se evaluó desempeño diagnóstico mediante sensibilidad, especificidad, valores predictivos, razones de verosimilitud y área bajo la curva (AUROC). Estudio aprobado por comités de ética. **Resultados.** De los pacientes incluidos, 49 (23,2%) presentaron dengue grave y 162 (76,8%) dengue no grave. El ADE $\geq 13\%$ mostró asociación con dengue grave (OR=2,36; IC95% 1,10-5,06; p=0,028), mayor para ADE $\geq 15\%$ (OR=10,50; IC95% 1,07-103,35; p=0,044). La RNL $\geq 1,76$ también mostró asociación (OR=2,55; IC95% 1,26-5,16; p=0,009) y discriminación (AUROC=0,759). El VPM no fue predictivo. RNL y ADE presentaron VPN altos (98%). **Conclusiones.** La RNL y el ADE mostraron asociación con dengue grave en población pediátrica, respaldando su potencial utilidad como marcadores de bajo costo para identificación temprana de pacientes con mayor riesgo de progresión clínica.

TCP-030

Zonas urbanas críticas y determinantes socioeconómicos de la diarrea pediátrica: un análisis geoespacial de etiologías en la región cafetera colombiana

Hurtado K, Triviño J, Rodríguez E, Benítez D, López D, Grimaldos J, Patiño V, Favennec L, Lora-Suárez F, Cabeza N, Gómez J.
Universidad del Quindío; Universidad Autónoma de Manizales; Hospital Universitario de Rouen, Francia.
Armenia
katherine.hurtador@uqvirtual.edu.co

Introducción. La enfermedad diarreica aguda (EDA) pediátrica es una causa mayor de morbilidad hospitalaria en centros urbanos tropicales con alta estratificación socioeconómica, como el Eje Cafetero colombiano. **Objetivos.** Caracterizar la distribución etiológica, los determinantes socioeconómicos y los patrones geoespaciales de la EDA pediátrica en Armenia, Quindío, para orientar intervenciones de salud pública. **Materiales y métodos.** Cohorte prospectiva (abril 2022-junio 2025), Hospital Universitario San Juan de Dios, Armenia. De 317 muestras iniciales se incluyeron 249 niños (0-15 años) con EDA (≥ 3 deposiciones líquidas/24h); desenlace primario: identificación etiológica. Se utilizaron tinción de Ziehl-Neelsen modificada, PCR anidada para *Cryptosporidium* spp., BD Phoenix™ M50® para bacterias, regresión logística multivariada, análisis de componentes principales y análisis geoespacial correlacionado con datos pluviométricos del IDEAM. **Resultados.** Se identificó un agente etiológico en 54,9% de los casos. *Cryptosporidium* spp. fue el patógeno predominante (monoinfección: 58,0%); los enteropatógenos bacterianos representaron 26,1%. Los picos de *Cryptosporidium* coincidieron con lluvias (marzo 2024: n=10; marzo 2025: n=7); *Entamoeba histolytica*/dispar mostró agrupación geoespacial en la Comuna 6 (desviación estándar espacial=0,023). La tasa de coinfección fue 33,3%, asociada con mayor proteína C reactiva (mediana 4,1 vs. 2,75 mg/L; p=0,030) y leucocitosis fecal (60,4% vs. 35%; p< 0,001). El régimen subsidiado se asoció con mayor desnutrición (38,4% vs. 14,3%; p< 0,001), hospitalizaciones más prolongadas (media 6,4 vs. 3,8 días; p< 0,001) e hidratación intravenosa más frecuente (94,2% vs. 77,9%; p< 0,001). La asistencia a guardería se asoció independientemente con *Enterobacter* spp. (ORA 2,93; IC 95%: 1,30-6,62; p=0,010). El 63% de prescripciones de ceftriaxona fueron injustificadas; más del 53% de parasitosis no recibieron manejo. **Conclusiones.** La EDA pediátrica en Quindío obedece a infecciones protozoarias y bacterianas con patrones estacionales y geoespaciales definidos, agravados por inequidades socioeconómicas y brechas diagnósticas que exigen intervenciones focalizadas y el fortalecimiento de los programas de optimización del uso de antimicrobianos (PROA). Financiación: Universidad del Quindío (100016837); Minciencias, Convocatoria 22 de 2022.

TCP-031

Desenlaces clínicos y efectos adversos de las diferentes líneas de tratamiento para toxoplasmosis congénita en una cohorte colombiana (2014-2024): datos del mundo REAL

Bustos-Paz M, Bastidas K, Otalvaro-García A, Orejuela M, Sandoval-Calle L, Gómez-Hernández I, Pinilla-Medina C, Patiño-Niño J, Pérez-Camacho P.

Fundación Valle del Lili; Universidad Icesi.

Cali

mario.bustos.p@fvll.org.co

Introducción. La toxoplasmosis congénita (TC) se asocia a morbimortalidad neonatal, secuelas neuro-oftalmológicas. En contextos con acceso limitado a sulfadiazina + pirimetamina, trimetoprim-sulfametoxazol (TMP-SMX) se utiliza como alternativa terapéutica, aunque la evidencia postnatal es escasa. **Objetivos.** El objetivo fue describir los desenlaces clínicos y efectos adversos de diferentes esquemas terapéuticos en pacientes pediátricos con TC en un centro de alta complejidad de Cali, Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo de cohorte retrospectiva realizado entre 2014 y 2024, datos extraídos de historias clínicas. Se incluyeron pacientes pediátricos con diagnóstico confirmado de TC con seguimiento institucional. Los pacientes se clasificaron en cuatro grupos según esquema y predominio terapéutico. Se evaluaron desenlaces clínicos, eventos adversos y respuesta al tratamiento hasta los 24 meses. Se realizó análisis descriptivo, con resumen de las variables según su distribución. **Resultados.** Se incluyeron 49 pacientes, 73% tuvo diagnóstico prenatal y 51% recibió TMP-SMX exclusivo. La coriorretinitis fue la manifestación clínica más frecuente (53%). Se documentaron calcificaciones intracraneales en 29% e hidrocefalia en 14%. Los eventos adversos ocurrieron en 18,3%, con neutropenia en 12% y sin casos de kernicterus. El 51% requirió hospitalización, 6,1% ingreso a la UCIP, 43% presentó secuelas oftalmológicas y 22% neurológicas. La respuesta terapéutica fue adecuada en 98%. **Conclusiones.** La cohorte mostró una carga clínica relevante, especialmente ocular, neurológica y asistencial. TMP-SMX fue utilizado con frecuencia en contexto de acceso limitado al tratamiento estándar, mostrando un perfil de seguridad similar. Estos hallazgos aportan evidencia preliminar local, pero no permiten establecer efectividad comparativa entre esquemas.

TCP-032

PCR digital, secuenciación masiva y CRISPR/Cas12: tecnologías de punta en el apoyo diagnóstico de sífilis congénita en Bogotá

Bossa-Castro A, Olarte-Escobar N, Corredor-Rozo Z, Valderrama-Márquez I, García-Garay D, Abril D, López-Cruz R, Ochoa-Ramírez S, Mojica-Madera J, Ramos-Cabrera P, Castellanos-Corredor J, Garay-Bernal N, Morales-Pertuz C, Escobar-Pérez J.

Universidad El Bosque; Subred Integrada de Servicios de Salud Sur E.S.E. Bogotá

abossac@unbosque.edu.co

Introducción. La sífilis es una enfermedad infecciosa causada por la bacteria *Treponema pallidum* subespecie *pallidum*. La sífilis gestacional (SG) y congénita (SC) son prioridad en salud pública. El diagnóstico es complejo y se realiza utilizando técnicas indirectas serológicas que orientan la conducta terapéutica con alto grado de incertidumbre. La PCR digital (dPCR), la secuenciación masiva (NGS) y CRISPR/Cas12 son técnicas de última generación que permiten la detección directa del ADN bacteriano con una mayor sensibilidad y pueden contribuir significativamente a mejorar el diagnóstico. **Objetivos.** Evaluar el desempeño de estas tres técnicas moleculares en el apoyo diagnóstico de la SG y SC. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional, prospectivo, transversal; analizando 37 binomios madre-neonato diagnosticados como SG y SC mediante pruebas serológicas y criterios clínicos. Se evaluó la detección de *T. pallidum* en diferentes muestras clínicas: sangre, placenta y líquido cefalorraquídeo (LCR). **Resultados.** Se cuantificó la bacteria en las muestras clínicas a partir de las tres técnicas. No se encontró correlación entre los títulos de la prueba serológica VDRL y las copias/μl, lecturas mapeadas o unidades de fluorescencia (RFU) detectadas. Para destacar, en sangre y LCR de neonato con VDRL no reactivos se identificó carga bacteriana, sugiriendo la presencia del patógeno. En LCR, se detectaron hasta 42 copias/μl por dPCR, 164 lecturas mapeadas por NGS y 9,900 RFU por CRISPR/Cas12. **Conclusiones.** La dPCR, NGS y CRISPR/Cas12 tienen la capacidad de detectar y cuantificar *T. pallidum* en muestras clínicas de sangre y LCR, incluso en pacientes con pruebas serológicas no reactivas. La detección de *T. pallidum* en LCR muestra

el potencial de estas plataformas para el diagnóstico de neurosífilis congénita, una condición difícil de identificar con los métodos serológicos actuales. Los resultados obtenidos pueden servir de base para analizar la actualización nacional y regional de las guías de manejo para SG y SC.

Inmunosuprimidos no VIH

TCP-033

Posaconazole versus Fluconazole as antifungal prophylaxis in Allogeneic Hematopoietic stem cell transplant recipients: a real-world experience in a Latin American center

Moncada-Vallejo P, Rey-Henao L, Arias-Correal J, Ramos-Ospina N.

Fundación Valle del Lili.

Cali

lauramariarey97@gmail.com

Introduction. Invasive fungal infections (IFIs) are a leading cause of early morbidity and mortality after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT). Evidence on mould-active prophylaxis derives mainly from high-income settings; real-world Latin American data are scarce. **Objectives.** To compare posaconazole versus fluconazole as primary prophylaxis against IFI during the first 180 days after allo-HSCT in a high-complexity Latin American center. **Materials and methods.** Materials and methods. Retrospective observational cohort study at Fundación Valle del Lili (Cali, Colombia) in adults (≥ 18 years) with hematologic malignancies who underwent allo-HSCT between 2012 and 2020 and received prophylaxis with fluconazole or posaconazole. Patients receiving both agents, lacking microbiological records, with undeterminable prophylaxis duration, or with baseline proven/probable IFI were excluded. Primary outcome: proven or probable IFI (EORTC/MSGERC) within 180 days; secondary outcome: 100-day all-cause mortality. Categorical variables were compared with chi-square/Fisher tests and continuous variables with Wilcoxon-Mann-Whitney (R software). **Results.** Results. Of 194 allo-HSCT, 179 met eligibility (posaconazole $n = 164$; fluconazole $n = 15$). Median age 35 years (IQR 25–47), 53% male; acute leukemias predominated (lymphoblastic 44.1%; myeloid 40.2%). IFI occurred in 3.05% of posaconazole versus 13.3% of fluconazole recipients ($p = 0.11$; NNT 9.72, 95% CI 2.53–18.82). Isolated pathogens were *Aspergillus* spp. (57.1%), *Candida glabrata* (28.6%), and *Fusarium* spp. (14.3%). All-cause 100-day mortality was 20.7%, with one death attributable to invasive pulmonary aspergillosis. **Conclusions.** Conclusion. In this allo-HSCT cohort, posaconazole prophylaxis was associated with a lower IFI incidence than fluconazole, supporting its consideration as first-line mould-active prophylaxis, though larger studies are needed to confirm a statistically significant benefit.

TCP-034

Efecto de la profilaxis con Trimetoprim Sulfametoxazol en pacientes con neoplasias hematológicas de riesgo para neumonía por *Pneumocystis jirovecii* en un centro de alta complejidad durante el periodo 2012-2023

Calvache-Sandoval D, Moreno-Turriago M, Parra J, Cardozo M, Castrillón A, García-Goez J.

Universidad Icesi; Fundación Valle del Lili.

Cali

decs.infectomd@gmail.com

Introducción. La neumonía por *Pneumocystis jirovecii* ha aumentado en pacientes con neoplasias hematológicas sin VIH, generando elevada morbimortalidad. El riesgo varía según la enfermedad y factores adicionales como inmunosupresión intensa, ciertos esquemas de quimioterapia, corticosteroides y trasplante. La profilaxis con TMP/SMX reduce significativamente la incidencia y mortalidad. Este estudio busca determinar la incidencia local de NPJ y su relación con el uso profiláctico de TMP/SMX. **Objetivos.** Evaluar el impacto de la profilaxis con TMP/SMX sobre la incidencia de neumonía por *Pneumocystis jirovecii* en pacientes con neoplasias hematológicas de alto riesgo. Además, describir sus características clínicas, estimar incidencia y mortalidad, comparar profilaxis óptima versus subóptima, identificar causas de incumplimiento y calcular el número necesario a tratar (NNT). **Materiales y métodos.** Estudio observacional retrospectivo en adultos con neoplasias hematológicas y VIH negativo atendidos entre 2012-2023. Se definió NPJ mediante confirmación microscópica en lavado broncoalveolar y se clasificó la profilaxis con TMP/SMX

como óptima, subóptima o ausente. Se estimaron incidencia, mortalidad, letalidad y NNT, además de describir características clínicas y factores asociados al incumplimiento profiláctico. **Resultados.** Se identificaron 2432 pacientes con neoplasias hematológicas o condiciones de riesgo para NPJ, documentándose 9 casos (0,49%). La incidencia fue mayor en EICH y TMO. La mortalidad a 30 días y la letalidad fueron elevadas. El 69% de los pacientes no recibió profilaxis y solo el 8,5% recibió TMP/SMX en dosis óptimas. El NNT estimado fue de 424 pacientes. **Conclusiones.** A pesar del bajo uso de TMP/SMX en dosis profilácticas óptimas, la incidencia de NPJ fue baja en pacientes con neoplasias hematológicas. La mortalidad aumentó en receptores de TMO y pacientes con EICH. No fue posible evaluar la eficacia de la profilaxis. Se requieren estudios prospectivos; entretanto, se recomienda mantener la profilaxis en poblaciones de riesgo según las guías vigentes.

TCP-035

Características sociodemográficas, clínicas y microbiológicas asociadas a mortalidad en pacientes con neoplasias hematológicas que desarrollaron neutropenia febril postquimioterapia en instituciones de alta complejidad de Pasto, Colombia, 2022-2024

Dominguez-Cárdenas A, Ordoñez-Ordoñez Y, Paredes J, Paz-Egas C, Rodríguez G.
Universidad de Nariño; Hospital Departamental de Nariño.
Pasto
y.soo.150800@gmail.com

Introducción. Introducción: La neutropenia febril postquimioterapia es una emergencia oncológica asociada a elevada morbimortalidad; sin embargo, existe escasa información regional sobre los factores asociados a mortalidad en pacientes con neoplasias hematológicas. **Objetivos.** Identificar las características sociodemográficas, clínicas y microbiológicas asociadas con mortalidad en pacientes adultos con neoplasias hematológicas que desarrollaron neutropenia febril postquimioterapia. **Materiales y métodos.** Materiales y métodos: Estudio observacional, analítico, transversal y retrospectivo realizado en dos instituciones de alta complejidad de Pasto, Colombia, entre 2022 y 2024. Se incluyeron 43 pacientes mayores de 18 años con neoplasias hematológicas y neutropenia febril postquimioterapia, con seguimiento desde el inicio de la fiebre hasta el último registro clínico. El desenlace principal fue la mortalidad asociada. Se realizaron análisis descriptivos, curvas de Kaplan-Meier y regresión de Cox. **Resultados.** Resultados: La mediana de edad fue de 52 años (RIQ: 25-75); el 65,1% procedía de zonas rurales. La neutropenia grave ocurrió en el 76,7% y el 83,8% presentó infección clínica o microbiológicamente documentada. Los hemocultivos fueron positivos en el 41,4% de los casos. Predominaron los bacilos gramnegativos, principalmente *Escherichia coli* (36%), con resistencia a quinolonas en el 50% de los aislamientos, y *Klebsiella pneumoniae* (32%), de la cual el 71,4% produjo carbapenemasas. La mediana de supervivencia fue de 148 días y la supervivencia disminuyó de 88,4% al día 1 a 67,4% al día 6. La quimioterapia de inducción se comportó como factor protector (HR ajustado: 0,017; IC95%: 0,001-0,235; p=0,002). **Conclusiones.** Conclusión: La neutropenia febril postquimioterapia continúa siendo una condición de alto riesgo, caracterizada por elevada mortalidad temprana, especialmente durante la primera semana, asociando el predominio de bacilos gramnegativos multirresistentes, hallazgo que resalta la importancia de la vigilancia microbiológica local y de optimizar las estrategias de tratamiento antimicrobiano empírico.

TCP-036

Clinical outcomes of chlorhexidine bathing versus ciprofloxacin prophylaxis in adults with neutropenia undergoing autologous hematopoietic stem cell transplantation at a high-complexity hospital in Colombia

Rey-Henao L, Arias-Correal J, Jaramillo-Cárdenas M, Parra-Villamil J, Moncada-Vallejo P.
Fundación Valle del Lili.
Cali
lauramariarey97@gmail.com

Introduction. Autologous hematopoietic stem cell transplant (HSCT) recipients are at high infection risk during neutropenia, making it essential to define non-pharmacological prevention strategies that limit antimicrobial resistance. **Objectives.** To compare infection rates, causative pathogens, and resistance profiles between neutropenic adults undergoing autologous HSCT who received ciprofloxacin prophylaxis versus daily 2% chlorhexidine bathing. **Materials and methods.** Descriptive observational study at Fundación Valle del Lili, a tertiary-care hospital in Cali, Colombia (January 2012–December 2022).

All adults with neutropenia undergoing autologous HSCT were included; allogeneic recipients were excluded. Two cohorts were compared by prevention strategy. Outcomes were type of infection, microorganisms, antimicrobial resistance, ICU admission, and mortality. **Results.** Of 202 patients (mean age 56 years, SD 16; 59.4% male), 75 received ciprofloxacin and 127 chlorhexidine. Overall, 52.9% developed an infection, predominantly bacterial (70.1%). Bacterial infections were more frequent with ciprofloxacin (86.5% versus 61.4%; $P < 0.001$). Bloodstream infections were less frequent with chlorhexidine (34.5% versus 62.2%; $P = 0.016$). Carbapenemase-producing *Klebsiella* spp. (KPC, 2.9%) and ESBL-producing Enterobacteriales (17.0%) did not differ between groups ($P = 0.128$ and $P = 0.58$). Mortality (14.2% versus 12.3%; $P = 0.713$) and ICU admission (17.3% versus 13.3%; $P = 0.453$) did not differ. **Conclusions.** Daily 2% chlorhexidine bathing was associated with fewer bloodstream infections without an adverse impact on antimicrobial resistance, supporting its inclusion among infection-prevention measures in autologous HSCT recipients.

TCP-037

Evaluación del impacto en la adherencia a la guía de práctica clínica para el manejo de la neutropenia febril en pacientes con leucemia linfoblástica aguda en un hospital pediátrico

Martínez-Tarazona S, Aguilar-Mejía J, Pardo-González C, Camacho-Moreno G, Echavez A, Aponte-Barrios N.
Universidad Nacional de Colombia; Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia.
Medellín
suly930106@gmail.com

Introducción. La Neutropenia Febril es una complicación frecuente y potencialmente mortal en pacientes pediátricos con leucemia linfoblástica aguda. La administración oportuna de antibióticos en los primeros 60 minutos desde el ingreso —conocida como “Hora Dorada” (HD)— se ha asociado con mejores desenlaces clínicos. Por lo anterior se realizó este estudio con miras a mejorar desenlaces. **Objetivos.** Evaluar el cambio en la adherencia a la guía para el manejo de neutropenia febril en niños con LLA que consultan al servicio de urgencias de la Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia, antes y después de una intervención. **Materiales y métodos.** Estudio cuasiexperimental ambispectivo Población del estudio: pacientes con diagnóstico de LLA con quimioterapia activa y que consultaron a urgencias por neutropenia febril. Se implementó una intervención educativa y operativa al personal médico y de enfermería, en febrero de 2025. Se compararon los indicadores de adherencia a la guía institucional de manejo de neutropenia febril tales como el tiempo puerta antibiótico e indicación de estudios de análisis microbiológico, entre otros, evaluando esto antes y después de la intervención. Posteriormente se realizó un modelo de regresión logística. **Resultados.** La adherencia postintervención aumentó del 46,3% al 68,5% y el tiempo puerta-antibiótico se redujo en promedio 31,5 minutos en los 4 meses evaluados, ($p < 0,001$). La solicitud de estudios microbiológicos adecuada superó el 94% y el uso empírico de antibiótico en el 100% de los casos tras la intervención. **Conclusiones.** Las intervenciones educativas sobre la implementación de la estrategia Hora Dorada, impacta significativamente en adherencia a los lineamientos establecidos, mejorando la calidad de la atención de los episodios en urgencias, optimizando el tiempo puerta antibiótico, así como la prescripción de estudios microbiológicos, lo que lo hace una estrategia efectiva y oportuna, en la búsqueda de la reducción de la morbimortalidad.

Innovación en enfermedades infecciosas

TCP-038

Diseño y validación de una estrategia automatizada de vigilancia y predicción de resistencia antimicrobiana basada en aprendizaje automático: Manizales, Colombia

Salazar-Ospina J, Aguirre-García L, Mendoza-Zuluaga J, Loaiza-Betancurt S, Hernández-Botero J, Cárdenas-Gálvis J, Gómez-Montes J.
Universidad de Caldas - Gram.
Manizales
juan9508182@gmail.com

Introducción. La resistencia antimicrobiana es una amenaza prioritaria para la salud pública; su vigilancia se apoya en WHONET mediante procesos manuales, con limitaciones para estandarizar fenotipos, manejar resulta-

dos en zona de incertidumbre técnica y realizar análisis predictivo. **Objetivos.** Diseñar y validar internamente una estrategia automatizada, basada en datos WHONET y aprendizaje automático, para optimizar la interpretación y el análisis de la sensibilidad y pronosticar a corto plazo las tasas agregadas de los fenotipos prioritarios. **Materiales y métodos.** Estudio de desarrollo y validación interna sobre una base retrospectiva de cerca de 83.000 antibiogramas (Manizales, 2019–2025); tras la exclusión de hisopados y deduplicación automática (un aislamiento por paciente y especie, CLSI M39) se analizaron 50.105 aislamientos únicos. La interpretación siguió CLSI M100-2025, con normalización de concentraciones inhibitorias mínimas y reglas para resultados limítrofes. Se construyeron los fenotipos prioritarios y se compararon modelos de pronóstico (persistencia, suavizado exponencial, SARIMA, Ridge, XGBoost y regresión beta) a escala mensual y trimestral, con validación de origen móvil (walk-forward) hasta 2025. **Resultados.** La no-susceptibilidad varió entre 5,2% (*Pseudomonas aeruginosa* de difícil tratamiento) y 36,9% (*Staphylococcus aureus* resistente a meticilina). A escala mensual, ningún modelo superó a la persistencia; con la agregación trimestral, el mejor modelo del panel la superó en los fenotipos prioritarios, sin que ningún algoritmo dominara, y la regresión beta aportó los intervalos mejor calibrados. **Conclusiones.** Una estrategia automatizada y reproducible sobre datos WHONET reduce la intervención manual y habilita el pronóstico poblacional trimestral de la resistencia, replicable previa recalibración local.

Resistencia bacteriana

TCP-039

Factores de riesgo asociados a colonización por microorganismos productores de carbapenemasas en pacientes remitidos a un hospital de referencia en Bogotá

Sánchez-Fandiño L, Enríquez-Santander L, Nocua-Báez L, Cortés J.
Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia.
Bogotá
lacsanchezf@unal.edu.co

Introducción. La colonización por microorganismos productores de carbapenemasas (MPC) aumenta el riesgo de infecciones complejas, prolonga la estancia hospitalaria y se asocia con mayor mortalidad. **Objetivos.** Identificar los factores de riesgo asociados a la colonización por MPC en pacientes que ingresan remitidos a un hospital universitario de referencia y describir la distribución geográfica de estos mecanismos de resistencia en Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio de casos y controles entre noviembre del 2023 y agosto del 2024. Los casos correspondieron a pacientes colonizados con MPC, detectados mediante tamizaje rectal con la técnica RT-PCR (BD Max®, Becton Dickinson, USA) en las primeras 24 horas de su ingreso, y fueron emparejados en una proporción 2:1 con pacientes con resultado negativo. Los factores de riesgo para la colonización por MPC se evaluaron mediante regresión logística multivariable y se determinó la procedencia geográfica, según su unidad administrativa de origen. **Resultados.** Se identificaron 331 pacientes colonizados, procedentes de 17 unidades administrativas de Colombia, y se compararon con 623 controles. En el análisis multivariable, el antecedente de cirugías recientes (OR 3,11), falla cardíaca (OR 2,35), enfermedades cardiovasculares (OR 1,43), así como la necesidad de intervenciones quirúrgicas (OR 2,00), la estancia en servicios de hospitalización (OR 2,00), la exposición a antimicrobianos (OR 1,98) y una mayor duración de la estancia en el sitio de ingreso (OR 1,03) se identificaron como factores de riesgo. La codetección de genes en un mismo individuo fue del 29,3%. **Conclusiones.** Se deben implementar estrategias del uso prudente de antimicrobianos y fortalecer las medidas de control de infecciones a nivel hospitalario en todos los niveles de atención en Colombia. Financiación: Universidad Nacional de Colombia mediante – Código: 66157 Hospital Universitario Nacional de Colombia – Código: HUN950.

TCP-040

Perfil de resistencia antimicrobiana de *Neisseria gonorrhoeae* en aislamientos de la red de laboratorios de Antioquia, 2020-2025

Jiménez-Henao L, Ospina S, Rivera S, Vélez C, Paniagua L.
Laboratorio Departamental de Salud Pública de Antioquia; Universidad EIA.
Medellín
lauralorenajimenez@gmail.com

Introducción. La infección por *Neisseria gonorrhoeae* es un grave problema de salud pública debido a su alta incidencia y creciente resistencia antibiótica. Ante la pérdida de eficacia de los tratamientos habituales, este estudio determinó el perfil de resistencia bacteriana en Antioquia durante el período 2020-2025. **Objetivos.** Describir el perfil de resistencia antimicrobiana de *Neisseria gonorrhoeae* en los aislamientos remitidos por la red de laboratorios de Antioquia al Laboratorio Departamental de Salud Pública entre 2020 y 2025. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo con aislamientos de *N. gonorrhoeae* de Antioquia. La confirmación de la identificación se realizó por VITEK® y MALDI-TOF. La susceptibilidad se evaluó por Kirby-Bauer y Etest® en el laboratorio de referencia nacional bajo criterios CLSI. Se determinaron frecuencias y porcentajes de sensibilidad y resistencia a antimicrobianos. **Resultados.** Entre 2020 y 2025 se analizaron 448 aislamientos de *N. gonorrhoeae* de la red de laboratorios de Antioquia. El 83,3% de los casos correspondió a hombres, concentrados en población adulta joven. El 33,3% de los casos femeninos afectó a la población pediátrica (0-14 años). La secreción uretral fue la muestra predominante (77,9%), detectándose también un 2,0% en líquido articular. El perfil de susceptibilidad por Kirby-Bauer y CIM reveló 100% de sensibilidad a ceftriaxona y cefixima. La resistencia a azitromicina alcanzó el 11,7%-12,7%. Para los demás antibióticos, se observaron niveles de resistencia del 81% para ciprofloxacina, 90,9% para tetraciclina y hasta 98,8% para penicilina, consolidando altas tasas de susceptibilidad disminuida frente a las terapias tradicionales. **Conclusiones.** La vigilancia de *N. gonorrhoeae* en Antioquia evidenció sensibilidad del 100% a ceftriaxona, cefixima y espectinomicina. La pérdida de eficacia de ciprofloxacina, penicilina y tetraciclina, junto a la alerta por resistencia a azitromicina (11,7%), reduce el margen terapéutico empírico, haciendo indispensable el monitoreo continuo de la resistencia y de las fallas clínicas en la población.

Economía de la salud y salud pública

TCP-041

Microbiological evaluation of bovine milk across different processing levels: quality indicators and microorganisms of interest, including *Mycobacterium tuberculosis* complex

López-Correa M, Joya-Morales A, Cabrera-Orrego R, Botero-Palacio L, Ríos-Tobón S, Álvarez-Zuluaga N, Gutiérrez-Builes L.
Universidad Pontificia Bolivariana; Universidad de Antioquia.
Medellín
ruthco12@gmail.com

Introduction. Milk is a nutritionally important food; however, it may harbor foodborne microorganisms, including members of the *Mycobacterium tuberculosis* complex (MTBC). These pathogens pose significant public health risks and contribute to zoonotic diseases such as bovine tuberculosis. **Objectives.** To evaluate microbiological quality indicators and pathogens of public health importance, including MTBC species, in raw and heat-treated bovine milk from Antioquia, Colombia. **Materials and methods.** A descriptive study using convenience sampling was conducted between January and July 2024. Twenty-one milk samples were analyzed, including raw (n = 7), mildly heat-treated (n = 7), and highly heat-treated (n = 7) milk obtained from a dairy processing plant. Standardized microbiological methods (AFNOR and VIDAS®) were used to evaluate quality indicators and common foodborne pathogens. MTBC detection was performed using culture-based methods (MGIT and Löwenstein-Jensen media) and conventional PCR targeting the IS6110 and mpb70 markers. **Results.** No MTBC growth was detected by culture, and all samples tested negative for IS6110 and mpb70 by PCR. Raw milk showed high microbial loads, with median counts of 2,900,000 CFU/mL for aerobic mesophilic bacteria, 270,000 CFU/mL for total coliforms, 8,500 CFU/mL for *Escherichia coli*, and 2,252 CFU/mL for yeasts and molds. *Staphylococcus aureus* was detected at a median concentration of 1,450 CFU/mL. *Bacillus cereus* was present in 66.7% of samples, sulfite-reducing *Clostridium* spores and *Listeria monocytogenes* in 100%, and *Salmonella* spp. in 8.3%. No pathogenic microorganisms were detected in heat-treated milk. **Conclusions.** Conclusion: Although MTBC species were not detected, the microbial burden and presence of foodborne pathogens in raw milk highlight the importance of microbiological surveillance and thermal processing to ensure food safety and protect public health. Funding: Universidad Pontificia Bolivariana (CIDI-UPB) and Universidad de Antioquia (Faculty of Public Health).

Infectología de adultos

TCP-042

Características clínicas, sociodemográficas, radiológicas y de laboratorio de pacientes con tuberculosis pleural en Manizales, Colombia: estudio epidemiológico descriptivo, 2020-2025

Rojas-Arias W, García-Muñoz H, Sierra-Gaber M, Arango-Gómez F.
Universidad de Manizales; E.S.E. Hospital Universitario de Caldas.
Manizales
wennay15@gmail.com

Introducción. La tuberculosis pleural es una de las formas extrapulmonares más frecuentes de tuberculosis y representa un importante desafío diagnóstico debido a su naturaleza paucibacilar y a la ausencia de manifestaciones clínicas, radiológicas y microbiológicas específicas. En Colombia existe información limitada sobre las características de esta entidad, especialmente en contextos locales. **Objetivos.** Caracterizar sociodemográfica y clínicamente a los pacientes diagnosticados con tuberculosis pleural en las instituciones participantes. Identificar las características radiológicas y de laboratorio de la población objeto de estudio. Describir la evolución clínica de los pacientes con tuberculosis pleural de las instituciones participan. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo, retrospectivo y de corte transversal. Se incluyeron pacientes adultos con diagnóstico de tuberculosis pleural atendidos en el SES Hospital Universitario de Caldas y el Hospital Departamental Universitario Santa Sofía de Caldas. La información fue obtenida a partir de historias clínicas, registros de laboratorio e imágenes diagnósticas. El análisis se realizó mediante estadística descriptiva utilizando Stata® 16.1. **Resultados.** Se incluyeron 34 pacientes, de los cuales el 67,6% correspondió a hombres. La mediana de edad fue de 37 años. Las comorbilidades más frecuentes fueron tuberculosis previa, infección por VIH y malignidad. Los síntomas predominantes fueron tos, dolor pleurítico y disnea. El líquido pleural correspondió a un exudado en el 88,2% de los casos y presentó predominio linfocítico en el 73,5%. La histopatología pleural constituyó el método diagnóstico definitivo más frecuente, seguida de la reacción en cadena de la polimerasa para *Mycobacterium tuberculosis*. En los estudios de imagen predominó el derrame pleural unilateral y libre, asociado frecuentemente con engrosamiento pleural difuso, adenomegalias mediastinales y compromiso parenquimatoso pulmonar concomitante. La mayoría de los pacientes requirió manejo quirúrgico mediante decorticación pulmonar y la mortalidad observada fue del 5,9%. **Conclusiones.** Estos hallazgos aportan evidencia local que puede contribuir a optimizar la sospecha diagnóstica y el abordaje clínico de esta enfermedad.

TCP-043

Valor pronóstico en mortalidad del índice de gravedad de la neumonía (PSI) pacientes inmunosuprimidos con neumonía adquirida en la comunidad en Una institución en el Caribe Colombiano

Oviedo-Cali M, Correa-Guerrero J, Skupin-Rueda N, Oviedo-Cali C.
Universidad de Cartagena; Clínica Salud Social.
Cartagena
marlyoviedocali@gmail.com

Introducción. La neumonía adquirida en la comunidad (NAC) es la principal causa de muerte de origen infeccioso [1]. Se estima que aproximadamente el 18% de los pacientes atendidos con NAC están inmunosuprimidos [2]. En la población general, herramientas pronósticas se usan ampliamente para estratificar el riesgo [3]. La validez de estas escalas en pacientes inmunosuprimidos es incierta, por heterogeneidad en la presentación, la etiología y la respuesta inflamatoria [4]. En este contexto, es clave evaluar la utilidad del índice de gravedad de la neumonía (PSI) en pacientes hospitalizados por NAC inmu-

nosuprimidos, para determinar su capacidad predictiva. **Objetivos.** Evaluar la capacidad pronóstica del puntaje PSI para predecir mortalidad hospitalaria en una población inmunosuprimida con diagnóstico de NAC. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte retrospectivo en pacientes con NAC inmunosuprimidos atendidos en la E.S.E. Hospital Universitario del Caribe en Cartagena/Colombia, entre 2022 y 2025. Se evaluaron las características sociodemográficas, clínicas, de laboratorio e imágenes, el puntaje PSI y su relación con desenlaces clínicos: necesidad de ventilación mecánica y muerte. **Resultados.** Se obtuvo una muestra de 208 pacientes, el 52,8% de las causas de inmunosupresión correspondía a infección por Virus de inmunodeficiencia humana; 20,7% uso de glucocorticoides, 18,3% a inmunosupresión por cáncer en quimioterapia y 2,9% uso de otros fármacos inmunosupresores. La tasa de mortalidad fue de 23,1%. Los pacientes con ≥ 65 años presentaron una mortalidad del 50%, (OR: 3,95; IC 95%: 1,55–10,05), el principal factor independiente de mortalidad fue la necesidad de VMI (OR 7,22; IC 95%: 2,92–17,86). El punto de corte del PSI ≥ 98 mostró una sensibilidad del 85,4%, especificidad del 63,1%, VPP: 41%, VPn del 93,1%, OR: 10 para valorar mortalidad. **Conclusiones.** El PSI aplicado en NAC en pacientes inmunosuprimidos es útil para descartar mortalidad, seleccionar pacientes que pueden beneficiarse de manejo de baja complejidad.

TCP-044

Caracterización y evolución de la resistencia antimicrobiana en ancianos hospitalizados en Manizales (2019–2024)

Aguirre-García L, Salazar-Ospina J, Loaiza-Betancurt S, Hernández-Botero S, López-Velásquez S, Vallejo-Portilla A, Bolaños-Mompotes K.
Universidad de Caldas; Universidad de Manizales.
Manizales
aguirregarcialuis@gmail.com

Introducción. Las personas mayores de 65 años concentran la mayor carga de infecciones graves, pero los perfiles de resistencia antimicrobiana específicos para este grupo etario son escasos; la evidencia disponible sugiere un deterioro progresivo de la susceptibilidad que reduce las opciones terapéuticas en una población con menor reserva fisiológica. **Objetivos.** Caracterizar el perfil microbiológico y la evolución de la resistencia antimicrobiana en pacientes mayores de 65 años hospitalizados en instituciones de salud de Manizales (Caldas, Colombia) durante el periodo 2019–2024. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo de corte transversal. Se analizaron aislamientos clínicos (un aislamiento por paciente) de pacientes mayores de 65 años hospitalizados en Manizales entre enero de 2019 y diciembre de 2024, procesados con WHO-NET 5,6 (CLSI 2024). Patógenos seleccionados por lista prioritaria OMS: *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Staphylococcus aureus*. Tendencias evaluadas con GLM binomial y prueba de Cochran-Armitage. **Resultados.** Se analizaron 9.823 aislamientos (41% orina, 22% sangre). *E. coli* fue el más frecuente (n=2.744), seguida por *K. pneumoniae* (n=1.265), *P. aeruginosa* (n=729) y *S. aureus* (n=469). En *E. coli* se observaron incrementos significativos en cefalosporinas de 3.ª y 4.ª generación (ceftriaxona: 15,4% a 23,2%, p=0,001; cefepime: 6,7% a 10,4%, p=0,009); carbapenémicos se mantuvieron estables (< 2,5%). *K. pneumoniae* mostró el patrón más preocupante: aumentos en β -lactámicos (piperacilina/tazobactam: 22,6% a 33,1%, p=0,006) y en carbapenémicos (ertapenem: 8,9% a 20,3%; meropenem: 11,9% a 19,3%; p< 0,05). *P. aeruginosa* mostró estabilidad con reducción significativa de resistencia a ciprofloxacina (13,8% a 7,4%, p=0,04). *S. aureus* presentó aumento progresivo de SARM (oxacilina: 26,2% a 36,9%), sin resistencia a vancomicina. **Conclusiones.** La resistencia antimicrobiana en personas mayores hospitalizadas en Manizales muestra tendencia ascendente en los principales patógenos gram negativos; *K. pneumoniae* concentra el mayor deterioro del perfil de susceptibilidad, lo que subraya la necesidad de vigilancia y programas de optimización de antimicrobianos adaptados al envejecimiento.

SAVE THE DATE

18^º CONGRESO COLOMBIANO DE ENFERMEDADES INFECCIOSAS

40 Años

1987-2027



ACIN
ASOCIACIÓN COLOMBIANA
DE INFECTOLOGÍA

*Ciencia frente a las infecciones:
40 años transformando el presente
y construyendo el futuro.*



BOGOTÁ
COLOMBIA



Hotel
Grand Hyatt



15 al 18
de **septiembre** 2027



**V ENCUESTRO
LATINOMERICANO**
de investigación e innovación
en enfermedades infecciosas

**3 al 5 de
septiembre**

2026

XV
ENCUESTRO NACIONAL
de investigación
e innovación
en enfermedades
Infecciosas
2026

Patrocinadores

Oro



Plata



Vitalis



General



**FRESENIUS
KABI**



Abbott



STEINCARES



DSC services



CiB Corporación para
Investigaciones
Biológicas
La ciencia al servicio de la vida

**Hotel
Hilton Garden Inn
Barranquilla**

