

186-220-A (CCTT, TAAA y -2518, respectivamente) se asoció con resistencia a desarrollar a la tuberculosis. **Conclusiones.** Los resultados indican que los individuos portadores de las formas cortas del gen *NOS2A* son más resistentes a desarrollar tuberculosis que aquellos no portadores y corroboran los hallazgos funcionales que han mostrado que los alelos cortos producen menos *NOS2A* que aquellos con formas largas, lo que indica que el exceso de óxido nítrico podría ser nocivo para el control de la infección por micobacterias en humanos.

B41. Caracterización molecular de la respuesta granulomatosa humana al *Mycobacterium tuberculosis* mediante la tecnología de microarreglos de ADN.

Reyes N¹, Reyes I², Geliebter J², Altare F³

¹Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia; ²New York Medical College, New York, United States; ³Institut de Pharmacologie et de Biologie Structurale, Toulouse, France.

La tuberculosis es una de las enfermedades infecciosas que causa más muertes al año en el mundo. El agente causante, *Mycobacterium tuberculosis*, es uno de los patógenos humanos más efectivos, con una tercera parte de la población humana mundial infectada (cerca de 2 billones de personas), la mayoría en países en desarrollo. La enfermedad se transmite, principalmente, por la vía respiratoria; los bacilos inhalados llegan a los alvéolos pulmonares donde se piensa que entran y se replican en los macrófagos alveolares. La producción subsiguiente de citocinas y quimiocinas por los macrófagos pulmonares infectados dispara una respuesta inflamatoria que conduce al reclutamiento de más macrófagos y linfocitos al sitio de la infección. La acumulación celular alrededor del bacilo, conocida como granuloma tuberculoso, es la marca histológica de la enfermedad. Se piensa que el granuloma tuberculoso juega un papel significativo en la defensa del hospedero contra *M. tuberculosis*; sin embargo, no se tiene un entendimiento claro de los mecanismos involucrados en su formación y mantenimiento. Para determinar las interacciones moleculares que ocurren en la respuesta granulomatosa a *M. tuberculosis*, en este estudio colaborativo, estamos utilizando el modelo *in vitro* del granuloma tuberculoso desarrollado por el grupo de Frédéric Altare del Departamento de Mecanismos Moleculares de Infecciones Micobacterianas, del Institut de Pharmacologie et de Biologie Structurale, Toulouse, France. Para esto se analizan los perfiles de la expresión global de ARN derivados de granulomas inducidos por *M. tuberculosis* usando la tecnología de los microarreglos. Los resultados obtenidos se analizan con programas bioinformáticos apropiados con lo que esperamos identificar las vías moleculares involucradas en la respuesta granulomatosa a *M. tuberculosis*. Las alteraciones en la expresión genética para genes relevantes se confirman mediante PCR en tiempo real. Esperamos que la caracterización molecular de la respuesta granulomatosa humana a *M. tuberculosis* proporcione nuevos instrumentos para lograr un mejor entendimiento de la respuesta inmune al bacilo de la tuberculosis y mejorar esta respuesta y tratar de alcanzar el control completo de las infecciones micobacterianas.

B42. Asociación opuesta del polimorfismo C1858T de PTPN22 en autoinmunidad y tuberculosis.

Gómez LM¹, Martín J², Anaya JM¹

¹Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Colombia; ²Instituto de Parasitología y Biomedicina "López-Neyra", Granada, España.

Introducción. La tuberculosis puede ejercer una protección inmunológica para enfermedades autoinmunes ya sea por competencia homeostática, supresión celular o estímulo de receptores tipo *toll*. Al mismo tiempo, la tuberculosis puede ejercer una presión genética selectiva que incrementa el riesgo de desarrollar enfermedades autoinmunes. El gen de la fosfatasa de tirosinas número 22 (*PTPN22*) codifica para la fosfatasa intracelular específica de tejidos linfoides (*Lyp*), la cual posee efectos reguladores negativos sobre la inflamación. El alelo T de este gen ha sido asociado con diversas enfermedades autoinmunes en caucásicos. **Objetivo.** Determinar la influencia del polimorfismo funcional C1858T en pacientes con enfermedades autoinmunes, tuberculosis y controles sanos, todos pertenecientes al mismo grupo étnico antioqueño. **Métodos.** Se analizó el ADN genómico de 479 pacientes con enfermedades autoinmunes (lupus eritematoso sistémico, n = 143; síndrome de Sjögren primario, n = 70; artritis reumatoide, n = 156; diabetes autoinmune tipo 1, n = 110), 113 con tuberculosis, negativos para VIH, y 308 controles sanos pareados por sexo, edad y etnicidad, de los cuales 161 se estratificaron con la prueba de tuberculina. La genotipificación de *PTPN22* se llevó a cabo por PCR en tiempo real y se verificó por RFLP. **Resultados.** No existió estratificación de la población entre pacientes y controles ya que el valor Fst no fue significativamente diferente de 0. El alelo T de *PTPN22* se asoció con

lupus eritematoso sistémico (OR = 2,56, IC95%: 1,44-4,54, p = 0,0007), y con síndrome de Sjögren primario (OR = 2,42, IC95%: 1,17-4,97, p = 0,01). Una tendencia hacia la asociación se observó con diabetes autoinmune tipo 1 (OR=1,83, IC95%: 0,98-3,42, P = 0,06). Cuando se comparó el grupo de tuberculosis y todos los controles, el alelo T fue protector para tuberculosis (OR = 0,3, IC95%: 0,08-1,04, p = 0,04). Esta diferencia fue mayor cuando el grupo de tuberculosis se comparó con individuos positivos para la tuberculina (OR = 0,2, IC95%: 0,05-0,79, p = 0,01). **Conclusión.** El alelo T de *PTPN22* es un factor de protección para adquirir tuberculosis pero es factor de riesgo para desarrollar enfermedades autoinmunes. Estos resultados indican una asociación genética opuesta entre autoinmunidad y tuberculosis, y apoyan la hipótesis que sugiere que las enfermedades autoinmunes son consecuencia de la selección natural de la resistencia a la tuberculosis.

B43. Estudio de la transmisión de *Mycobacterium tuberculosis* en Medellín utilizando genotipificación por RFLP-IS6110.

Del Corral H¹, Realpe T², Correa NE³, Mejía GI^{1,4}, Montes F⁵, Montes C⁵, Robledo R^{2,4}

¹Universidad de Antioquia; ²Corporación para Investigaciones Biológicas; ³Universidad Pontificia Bolivariana; ⁴Escuela de Ciencias de la Salud, Universidad Pontificia Bolivariana; ⁵Liga Antituberculosa Colombiana, Medellín.

La tuberculosis en Medellín es un problema importante de salud pública y presenta tasas de incidencia mayores que las reportadas para el país. La técnica de tipificación molecular RFLP (*restriction fragment length polymorphisms*) se ha utilizado para contribuir a un mejor conocimiento de cómo se transmite la enfermedad en un área y así plantear un mejor control de ésta. **Objetivo.** Determinar las dinámicas de transmisión asociadas a la tuberculosis en Medellín mediante el uso de genotipificación por RFLP y relacionarla con variables geográficas y epidemiológicas. **Materiales y métodos.** Durante el periodo 2003 a 2004 se analizaron 188 pacientes provenientes del área metropolitana de Medellín, con baciloscopia positiva y sin tratamiento previo; se diligenció una entrevista con sus datos demográficos y antecedentes de tuberculosis. Los aislamientos de *Mycobacterium tuberculosis* se procesaron por la técnica de IS6110-RFLP y los resultados se analizaron con el programa *BioNumerics (Applied Maths)* que permite establecer relaciones entre estos aislamientos agrupándolos en conglomerados. También se estudiaron los perfiles de susceptibilidad de *M. tuberculosis* a los diferentes antimicrobianos. **Resultados.** Se estudiaron 188 aislamientos. El 53,2% fueron patrones únicos y 45,7% de los aislamientos se agruparon en 20 conglomerados diferentes. El conglomerado con mayor número de aislamientos fue de 21 y el menor con 2. El promedio de número de bandas por patrón fue de 9. Las comunas de Medellín con mayor número de aislamientos fueron la 03, la 04 y la 02. No se detectó una relación muy significativa entre los patrones de los aislamientos y la comuna de donde provenían pues varios patrones y conglomerados se encontraron dispersos por todas las comunas. La multiresistencia a medicamentos fue del 7,84%. **Conclusiones.** La mitad de los aislamientos tuvieron algún tipo de agrupamiento lo que sugiere alta transmisión. Los conglomerados con más aislamientos se presentaron en las zonas con mayor número de casos. Un número importante de conglomerados es compatible con la familia Haarlem y no se encontró ningún patrón compatible con la familia Beijing. El estudio de transmisión de tuberculosis es necesario para definir dinámicas que respondan a condiciones propias y que permitan con este conocimiento mejorar las medidas de intervención de los programas de control de la enfermedad.

VIH/SIDA

C7. Expresión de ARNm de beta-defensinas en mucosa oral, vaginal y endocervical y frecuencia de polimorfismos en el gen *DEFB1* en individuos expuestos al VIH-1 y controles sanos.

Zapata W¹, Quiñones M², Rodríguez B², Lederman M², Zimmerman P², Rugeles MT¹

¹Grupo de Inmunovirología-Biogénesis, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia; ²Center for AIDS Research, Case Western Reserve University, Cleveland, USA.

Objetivo. La epidemia de VIH-1 ha puesto de manifiesto la existencia de mecanismos de resistencia natural, en individuos expuestos seronegativos. Estas personas, a pesar de haber tenido múltiples exposiciones al VIH-1, a través de relaciones sexuales con individuos seropositivos, no muestran evidencia clínica ni serológica de estar infectados. Entre los mecanismos de resistencia se han propuesto algunos factores solubles, secretados durante la respuesta inmune, entre los que se destacan las beta-defensinas

humanas (HBD) 1, 2 y 3. Las HBD son producidas en diferentes mucosas, de forma constitutiva como la HBD-1, o en respuesta a agentes infecciosos y citocinas proinflamatorias como la HBD-2 y 3, cuya producción se ha observado durante la infección por el VIH-1 de células epiteliales humanas orales normales. La actividad anti-VIH-1 ha sido claramente identificada para las HBD 2 y 3. El objetivo del trabajo es, entonces, determinar la participación de las HBD en la resistencia natural a la infección por el VIH-1. **Materiales y métodos.** Se tomaron muestras de sangre periférica, mucosa vaginal, endocervical y oral de 30 individuos expuestos seronegativos, 30 individuos seropositivos y 30 controles sanos. La cuantificación de ARNm para HBD-1, 2 y 3 se realizó mediante RT-PCR en tiempo real y la presencia del polimorfismo A692G en el gen *DEFB-1* que codifica para HBD-1, se determinó mediante la técnica de polimorfismos en la longitud de fragmentos de restricción. **Resultados.** Hasta el momento se han evaluado 17 individuos expuestos seronegativos, 10 individuos seropositivos y 13 controles sanos. Los individuos expuestos seronegativos expresan mayor cantidad de RNAm de HBD-2 en endocervix que los CS y SP y mayor cantidad, de este mismo mensajero, en mucosa vaginal que los SP. Adicionalmente, la frecuencia del polimorfismo A692G en *DEFB-1*, fue significativamente mayor en el grupo de individuos expuestos seronegativos. **Conclusiones.** El aumento en la expresión de RNAm de HBD-2 en individuos expuestos seronegativos puede deberse a una regulación positiva en la producción del péptido como consecuencia del estímulo antigénico constante y puede ser en parte responsable de la protección a la infección exhibida por estos individuos. La mayor frecuencia del polimorfismo A692G en individuos expuestos seronegativos podría sugerir una asociación con el fenómeno de resistencia al VIH-1.

C8. Clonación, expresión, purificación y caracterización del dominio V1/V2 de la glicoproteína 120 del virus de inmunodeficiencia humana tipo 1.

Granados V¹, Martínez M², Claret J¹, Laurent D², Berlier W², Deléay O², Urcuqui S¹, Pinter A³, Riffard S², Genin C²

¹Groupe Immunité des Muqueuses et Agents Pathogènes, Université Jean Monnet, Saint Etienne, France; ²Grupo de Inmunovirología-Biogénesis, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia; ³Laboratory of Retroviral Virology, Public Health Research Institute, Newark, USA.

La glicoproteína 120 (gp120) del virus de inmunodeficiencia humana tipo 1 (VIH-1) es responsable de la entrada del virus a la célula hospedera, pues sus regiones constantes (C1-C5) y variables (V1-V5) se unen a receptores y correceptores, presentes en la membrana celular. Las regiones V1 y V2 (dominio V1/V2) han demostrado ser importantes en la modulación de la eficiencia de replicación, en el mantenimiento del tropismo viral y en la inducción de la respuesta inmune. Tal vez, la mayor importancia fisiológica de este dominio es mediar la interacción de la gp120 con los correceptores para quimiocinas. El objetivo de este trabajo fue optimizar una metodología que permitiera una rápida producción de proteínas V1/V2 en su conformación nativa y glicosilada. Para ello, se amplificó por PCR la secuencia de nucleótidos que codifica para dicho dominio, a partir de un plásmido recombinante que contiene el genoma de un aislamiento viral primario: el producto amplificado fue digerido con las respectivas enzimas de restricción y clonado en un vector de expresión. Las construcciones que contenían el inserto de interés se verificaron por determinación de su secuencia y, finalmente, el ADN plasmídico se utilizó para transfectar células CHO, a partir de las cuales se purificaron las respectivas proteínas. El análisis de la secuencia de las construcciones obtenidas mostró una homología entre el 99% y el 100% con los aislamientos de referencia. La estabilidad de las transfecciones y la expresión de las proteínas se verificó en diferentes tiempos, y no se observó ninguna diferencia en el nivel de expresión de la proteína V1/V2 de cada uno de los subtipos virales. Se utilizó el anticuerpo monoclonal humano anti-V2 697D para verificar el estado de la conformación y la glicosilación de las proteínas purificadas. Se encontró que el anticuerpo reconoce las diferentes proteínas recombinantes, lo que muestra la buena conformación y el estado de glicosilación de las mismas. La disponibilidad de las proteínas recombinantes del dominio V1/V2 nos permitirá, en un futuro próximo, realizar ensayos de neutralización en saliva y en suero de pacientes colombianos con VIH-1, con el propósito de evaluar la presencia de anticuerpos de tipo neutralizante ya que, como se mencionó anteriormente, dicho dominio es importante en la generación de la respuesta inmune de tipo humoral.

C9. Incompatibilidad en el complejo mayor de histocompatibilidad clase I se asocia con expresión de ribonucleasas en placenta y con actividad anti-VIH-1 *in vitro*.

Bedoya V¹, Jaimes FA², Delgado JC³, Rugeles C¹, Úsuga X¹, Zapata W¹, Castaño ME¹, Shearer GM⁴, Rugeles MT¹

¹Grupo de Inmunovirología, Universidad de Antioquia; ²Grupo Académico de Epidemiología Clínica, Universidad de Antioquia;

³CBR Institute for Biomedical Research, Harvard Medical School;

⁴National Institutes of Health, USA.

Objetivo. La incidencia de transmisión vertical del VIH-1 es del 25% al 30% en ausencia de tratamiento antirretroviral. Entre los mecanismos que protegen al bebé se ha postulado que la incompatibilidad en los alelos del complejo mayor de histocompatibilidad, clase I (CMH-I) entre la madre y el bebé tiene un efecto protector que depende de la «dosis». Recientemente propusimos que la estimulación alógena que ocurre durante el embarazo induce la producción de factores solubles que protegen al feto de adquirir infecciones en el útero. Las ribonucleasas (ARNasas) son enzimas reguladoras expresadas por diferentes tejidos, entre ellos, la placenta, de las cuales se ha reportado actividad antiviral. Con este estudio se buscaba determinar si el grado de compatibilidad en el CMH-I entre la madre y el bebé se asocia con la capacidad de producir un factor soluble con actividad anti-VIH-1 (ASF) en cultivos alógenos y con la expresión de ARNasas en placenta. **Materiales y métodos.** Se recolectaron muestras de sangre periférica o de cordón umbilical y de placenta de 60 binomios madre/bebé, cuya madre era seronegativa para VIH-1 y 28 binomios cuya mamá era seropositiva para VIH-1 en el momento del parto. Se realizaron cultivos mixtos de linfocitos (CML) utilizando las células mononucleares de la madre y el bebé: se midió la actividad anti-VIH-1 del sobrenadante del CML en cultivo primario de linfocitos infectados. Además, se determinó la tipificación molecular de los antígenos leucocitarios humanos clase I (HLA-I) y la expresión de tres ARNasas humanas en placenta: EDN, ARNasa 1 y angiogenina, utilizando la técnica de RT-PCR y de Western blot. **Resultados.** El grado de incompatibilidad en los loci A y B del CMH-I se asociaba con la capacidad de producir ASF en cultivos mixtos de linfocitos cuando se usaron las células del bebé como células respondedoras. De igual forma, el grado de incompatibilidad en estos loci se asoció con la producción de ARNasas en placenta. **Conclusiones.** Nuestros resultados sustentan la hipótesis de que la incompatibilidad en el HLA-I induce la expresión en placenta de factores solubles, entre ellos, las ARNasas que contribuyen a la resistencia natural innata que se observa en la transmisión vertical del VIH-1. Estas proteínas eventualmente podrían proteger contra la transmisión vertical de otros patógenos.

C10. Efectividad de la profilaxis para enfermedad tuberculosa en pacientes coinfectados por virus de inmunodeficiencia humana y *Mycobacterium tuberculosis*, Medellín, 2003-2005.

Arbeláez MP¹, Arbeláez A¹, Gómez RD¹, Vélez L¹, Arias SL¹, Nagles J², Peláez LM³, Betancourt G⁴, Velásquez G⁵

¹Universidad de Antioquia; ²Clinica las Américas; ³Clinica Bolivariana; ⁴Comfama; ⁵RIP.

Contexto. La profilaxis para la tuberculosis ha sido aceptada mundialmente para prevenir las formas activas de la enfermedad; sin embargo, en los países de alta prevalencia es aún controvertida su efectividad y sus indicaciones, especialmente en pacientes positivos para VIH. **Objetivos.** Establecer el nivel de efectividad de los esquemas de profilaxis conocidos para la prevención de la tuberculosis, con isoniazida durante 9 meses o pirazinamida/rifampicina durante 60 días continuos, suministrados a pacientes positivos para VIH en forma autoadministrada, independientemente del tratamiento antirretroviral y la respuesta a la tuberculosis (PPD). **Metodología.** Investigación observacional de tipo cohorte. Se conformaron dos grupos de análisis, el primero con 131 pacientes que voluntariamente aceptaron recibir uno de los dos esquemas profilácticos (isoniazida o pirazinamida/ rifampicina si no estaba contraindicada); el grupo control estuvo conformado por 200 pacientes seleccionados retrospectivamente a partir de los registros de un programa de control de pacientes con VIH/SIDA, que consultaron en el segundo semestre de 2003. El seguimiento para ambos grupos se hizo durante dos años, mediante revisión de la historia clínica. **Resultados.** Los grupos no presentaron diferencias estadísticas significativas cuando se compararon sus características demográficas, número de consultas, tratamientos recibidos y tolerancia a los medicamentos. Tampoco hubo diferencias en el estadio de la infección por VIH, ni en el porcentaje que recibía tratamiento, aunque una mayor proporción de pacientes del grupo control tuvieron recuento de CD4 < 200 por ml y carga viral > 100.000. En el grupo con profilaxis, sólo una persona presentó tuberculosis (0,8%), a diferencia del grupo control en el que se presentó en 10 personas (5%) (RR = 0,15; IC95%: 0,02 a 1,18; p = 0,07), la proporción de incidencia en todo el grupo fue de 7,63 por 1.000 pacientes, con una protección observada de la profilaxis de 83%. Esta protección fue independiente de los CD4, CV y HAART; menos del 6% manifestaron efectos adversos. **Conclusiones.** Aunque no hubo diferencias estadísticas significativas, probablemente debidas al tamaño de la muestra, la profilaxis para tuberculosis mostró ser efectiva (83%) en

pacientes positivos para VIH en regiones de alta prevalencia, independientemente del estado inmune (CD4) y virológico (carga viral) de los pacientes y el tratamiento (HAART) recibido.

C11. Detección de anticuerpos dirigidos contra el dominio V1/V2 de la glicoproteína 120 del virus de inmunodeficiencia humana tipo 1 en una cohorte de pacientes colombianos.

Martínez M¹, Granados V², Hernández JC¹, Piedrahita LD¹, García L¹, Velásquez LA¹, Genin C², Riffard S², Urcuqui S¹

¹Grupo de Inmunovirología, Biogénesis, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia; ²Groupe Immunité des Muqueuses et Agents Pathogènes, Université Jean Monnet, Saint Etienne, France.

El dominio V1/V2 de la glicoproteína 120 (gp120) del virus de inmunodeficiencia humana tipo 1 (VIH-1) juega un papel importante en la interacción virus-células blanco, y en el ciclo replicativo viral. Estructuralmente, las regiones V1 y V2 se unen para formar una sola asa dentro de la estructura de la proteína (dominio V1/V2) contrario a lo que sucede con las otras regiones variables que forman aspas independientes. De ahí, la importancia de realizar estudios que permitan determinar la presencia de anticuerpos específicos dirigidos contra dicho dominio en su conjunto, y no solamente contra cada una de las regiones. En el presente trabajo, utilizando una técnica de ELISA semicuantitativa, se determinó la presencia de anticuerpos dirigidos contra el dominio V1/V2 en suero y saliva de parótida, en una cohorte de pacientes expuestos seropositivos para VIH-1, procedentes de Medellín. Para lograr nuestro objetivo, se utilizó una proteína recombinante correspondiente al dominio V1/V2 del subtipo B, producida por nuestro equipo de trabajo. La cohorte (n = 66) estaba conformada por adultos mayores de 30 años, de los cuales el 81,8% eran hombres y 18,2% mujeres. Los pacientes se clasificaron en tres grupos, según el recuento de CD4+: < 200 células/ml (21,2%; n = 14); entre 200 y 400 células/ml (28,8%; n = 19), y > 400 células/ml (50%; n = 33). En suero se encontró que 80,3% y 60,6% de los pacientes presentaron anticuerpos tipo IgG e IgA, respectivamente, dirigidos contra el dominio V1/V2. En saliva, sólo el 36,3% de los pacientes tenían anticuerpos tipo IgA anti-V1/V2. No se encontró una correlación entre el recuento de células CD4 y la presencia de anticuerpos anti V1/V2. Además, no todos los pacientes que tenían anticuerpos en suero, los tenía en saliva, lo que nos hace pensar que los mecanismos que inducen la presencia de este tipo de anticuerpos (en la inmunidad sistémica o humoral) son diferentes. Nuestros resultados sugieren que el dominio V1/V2 de la gp120 es blanco de los anticuerpos presentes en suero y saliva de parótida, a pesar de la condición de inmunosupresión en que se encuentran los pacientes. Aunque ya se han aislado y caracterizado una serie de anticuerpos dirigidos contra las regiones V1 y V2 de manera independiente, lo importante de nuestro trabajo es que estamos demostrando la presencia de anticuerpos dirigidos contra el dominio V1/V2 en su estado nativo de conformación. El paso siguiente es determinar si los anticuerpos presentes en saliva presentan actividad neutralizante.

C12. Las células de la inmunidad innata de individuos infectados con el VIH tienen un fenotipo de activación y responden a la estimulación con CpG ODN.

Montoya CJ¹, Cataño JC¹, Landay AL², Rugeles MT¹

¹Grupo de Inmunovirología, Universidad de Antioquia; ²Department of Immunology, Rush University Medical Center.

Objetivo. El papel que la inmunidad innata juega durante la infección por el VIH es un área de creciente interés, pues varios componentes del sistema innato tienen actividad anti-VIH y células de este sistema se infectan con este virus. Este estudio evaluó el número y la función de las células de la inmunidad innata en individuos infectados por el VIH, para determinar si existen alteraciones que contribuyan al estado de inmunodeficiencia. **Materiales y métodos.** Se evaluaron 60 pacientes infectados por el VIH, clasificados según si recibían terapia antirretroviral y presentaban supresión de la replicación viral. Se determinó por citometría de flujo el número absoluto en sangre periférica de las siguientes células: dendríticas mieloides y plasmacitoides, monocitos, asesinas naturales (NK) y NKT con TCR invariante (iNKT). Se evaluó la expresión de los marcadores de activación CD38 y HLA-DR en linfocitos T, CD86 en células dendríticas mieloides y plasmacitoides y en monocitos, y de CD69 en células NK e iNKT. Finalmente, la función se determinó por la inducción de CD86 y CD69, y por la secreción de citocinas proinflamatorias luego de estimular las células mononucleares con oligodeoxirribonucleótidos con motivos CpG (CpG ODN), agonistas sintéticos del TLR9. **Resultados.** Los pacientes positivos para VIH tenían disminución significativa del número absoluto de células dendríticas mieloides y plasmacitoides, NK e iNKT; esta alteración fue mayor en pacientes sin HAART o en aquéllos

con terapia pero sin control de la replicación viral. Las células de inmunidad innata de sangre periférica de pacientes positivos para VIH tenían una expresión significativamente mayor de CD86 y CD69, particularmente en aquéllos sin control de la replicación viral o sin HAART. La estimulación con CpG ODN indujo una expresión similar de CD86 y CD69 en células de pacientes y controles, así como una secreción similar de TNF- α e IL-6. En contraste, la producción de IFN- α en los pacientes positivos para VIH fue significativamente menor. **Conclusión.** Los pacientes positivos para VIH tienen alteraciones cuantitativas y funcionales en células de la inmunidad innata, fenómeno que puede hacer parte de la deficiencia inmunológica observada durante esta infección. Sin embargo, esas células conservan la capacidad de responder a la estimulación con CpG ODN, hecho que estimula a explorar el uso de agonistas de los TLR en estudios que evalúen la recuperación de la función inmunológica en pacientes infectados por el VIH.

Virología básica

A1. La síntesis y distribución de la fosfoproteína del virus de rabia son alteradas por el factor de crecimiento nervioso en neuronas sensoriales infectadas.

Castañeda NY¹, Chaparro J², Acosta O³, Castellanos JE¹

¹Instituto de Virología, Universidad El Bosque; ²Laboratorio de Bioquímica, Instituto Nacional de Salud; ³Laboratorio de Biología Molecular de Virus, Universidad Nacional de Colombia.

Las infecciones por virus de rabia continúan siendo un problema de salud pública en los países subdesarrollados. La proteína P del virus de rabia participa como factor regulador en los eventos de transcripción y replicación viral; su interacción con una proteína celular implicada en el transporte retrógrado, sugiere que ésta también participa en algunos mecanismos fisiopatológicos. En estudios recientes en nuestro laboratorio se encontró un efecto anti-transcripcional y anti-replicativo del nerve growth factor (NGF) y la neurotrofina-3 (NT-3) en cultivos de neuronas del ganglio de la raíz dorsal infectados con el virus de rabia. El objetivo del presente trabajo fue indagar sobre la participación de la proteína P en la replicación viral, usando como estrategia experimental la expresión de la proteína P recombinante y la producción de un anticuerpo policlonal anti-P. Se evaluó la síntesis de P por un ensayo de cell-ELISA fluorométrica en cultivos primarios de neuronas de ganglio de la raíz dorsal de ratón adulto, infectados con el virus de rabia y tratados con NGF y NT-3; además, su distribución subcelular por microscopía de fluorescencia a las 16, 26 y 36 horas después de la infección. Los resultados mostraron que el NGF, pero no la NT-3, causaba un aumento significativo en la cantidad de proteína P y, adicionalmente, una acumulación de la proteína en los cuerpos neuronales, evidenciándose una disminución en el transporte hacia los procesos neuríticos. Por tanto, se puede concluir que la expresión y distribución de la proteína P es modulada por el efecto del NGF.

A2. Cambios en la expresión génica en una línea neuronal humana por la exposición a virus dengue.

Neissa JI^{1,2}, Rincón V¹, Castellanos JE^{1,3}

¹Instituto de Virología, Universidad El Bosque; ²Facultad de Medicina, Fundación Universitaria San Martín; ³Facultad de Odontología, Universidad Nacional de Colombia.

Durante la infección por virus dengue se puede producir compromiso neurológico, que, aunque poco frecuente, es indistinguible de una encefalitis viral típica. El compromiso nervioso ha sido documentado, incluso en Colombia, en casos letales de dengue; sin embargo, no se conocen los factores del virus o el hospedero implicados en estas manifestaciones. En este estudio, células fenotípicamente neuronales SH-SY5Y obtenidas de un neuroblastoma humano fueron expuestas al virus dengue tipo 2 y se analizaron las proporciones de infección, la viabilidad celular con azul de tripano y la expresión de los mRNA para las citocinas proinflamatorias TNF- α , IL-1 beta, IL-6, IL-8 y el gen anti-apoptótico Bcl-2, utilizando la técnica de PCR en tiempo real. A pesar de la baja multiplicidad de infección mostrada por las neuronas, se encontró un incremento significativo en la mortalidad celular por la exposición al virus. Además, se evidenció un aumento de 24,5 veces en la expresión de TNF- α y una disminución de 12,5 veces en la expresión de Bcl-2, lo cual podría estar relacionado con la muerte celular observada. Nuestros resultados sugieren que la presencia de virus dengue induce cambios en la expresión génica de células humanas que pueden estar implicados en la patogénesis de la encefalitis viral.

A3. Efecto de la expresión transitoria de la proteína core del virus de la hepatitis c en el ARNm de p53 en la línea de hepatoma humano HepG2.

Mira CM, Estrada JE, Henao FH, Yepes JY, Navas MN
Universidad de Antioquia.

El virus de la hepatitis C (VHC) se considera un importante problema de salud pública a nivel mundial. Del 50% al 80% de los pacientes infectados desarrollan infección persistente de evolución variable, de los cuales, cerca del 20% de los casos de infección crónica progresan a cirrosis, principal factor de riesgo para el desarrollo de carcinoma hepatocelular. Aunque el mecanismo oncogénico del VHC no se conoce totalmente, los estudios realizados en distintas líneas celulares sugieren la acción moduladora de la proteína de la cápsida del VHC (*core*) en la expresión del gen supresor de tumor p53. En particular, se ha demostrado que la proteína *core* puede aumentar o disminuir la expresión de p53, dependiendo de la línea celular y el vector de transfección utilizados. Con el propósito de dilucidar el efecto de la expresión de *core* en la transcripción del ARNm de p53, se utilizó el sistema de expresión del virus Semliki Forest (SFV), que ha demostrado ser una herramienta eficiente para la transferencia de genes a varios tipos celulares, incluida la línea celular HepG2 (línea celular humana de hepatocarcinoma). Cinco millones de células HepG2 fueron transducidas con partículas virales recombinantes rSFV-GFP y rSFV-Core (MOI 0,5). Se usaron como control células HepG2 no transducidas. Posteriormente, se obtuvo el ARN de los cultivos celulares, luego de 24 horas postransducción, por el método de TRIzol y se procedió a realizar RT-PCR usando primer OligodT. La amplificación de los ADN copia (ADNC) se hizo utilizando iniciadores interexónicos correspondientes al exón 4 y al exón 7 del gen p53 con el propósito de excluir la posible amplificación de ADN genómico. El nivel de ARNm de p53 se cuantifica comparando su expresión con el gen constitutivo -actina por medio del análisis de densitometría de los geles electroforéticos. Los resultados de este estudio permitirán esclarecer los efectos de la proteína viral en la expresión de p53 en células de hepatocarcinoma (HepG2) contribuyendo a dilucidar uno de los posibles mecanismos de la proteína *core* en la carcinogénesis hepática.

A4. El virus de rabia promueve la supervivencia neuronal en cultivos purificados de neuronas sensoriales de ganglios espinales.

García JC, Leal M, Martínez M, Velandia M, Castellanos JE
Instituto de Virología, Universidad El Bosque.

Recientemente, se ha demostrado en el virus de la rabia regula la respuesta antiviral en el sistema nervioso central (SNC) inhibiendo la apoptosis neuronal mediante la regulación aumentada de Bcl-2 o induciendo la muerte celular de los linfocitos T por la vía Fas/FasL. Se conoce que el virus de la rabia es capturado y transportado desde la periferia hasta el SNC por las terminaciones sensoriales de los ganglios espinales, cumpliendo así un importante papel en la dispersión del virus. En este trabajo nos propusimos evaluar la expresión de moléculas pro y antiapoptóticas en neuronas sensoriales en cultivo durante la infección por virus de la rabia. Los cultivos de ganglios espinales de ratones adultos se purificaron con citosina arabinofuranosido (inhibidor de mitosis) y, luego, se infectaron con la cepa *Challenge Virus Standard* obtenida en cerebros de ratón. Las células se fijaron y procesaron para inmunohistoquímica a diferentes tiempos después de la infección. Se encontró un aumento significativo en el número de neuronas sensoriales que expresan Bcl-2 y FasL en los cultivos infectados, mientras que la proporción de neuronas que expresan el receptor Fas disminuyó. Estos resultados permiten sugerir que el virus de la rabia induce, por un lado, la expresión de proteínas antiapoptóticas en las neuronas sensoriales infectadas de ganglios espinales, mientras que, por otro lado, regula la expresión de moléculas pro-apoptóticas que, posiblemente, inducen la muerte de las poblaciones no neuronales como las células de la glía, las células de soporte o las células del sistema inmune.

A5. Detección de poliovirus en aguas residuales del municipio de Armenia, Colombia.

González MM¹, Sarmiento L², Castaño JC¹, Giraldo AM¹, Salazar A³, Muñoz, NJ³
¹Centro de Investigaciones Biomédicas; ²Instituto Pedro Kouri; ³Fundación Semillas de Vida.

Las cepas de poliovirus vacunal al replicarse en el tracto intestinal y circular en la población tienden a revertir a las cepas salvajes que les dieron origen. De esta forma, podrían producirse brotes epidémicos producido por cepas "modificadas" originadas de las vacunales. La detección de poliovirus en aguas residuales brinda una información sobre la circulación de estos virus en la comunidad pues cantidades abundantes de poliovirus son excretadas en las heces de las personas inmunizadas y las aguas residuales actúan como vehículo de infección con las cepas vacunales. Describimos un método de recuperación viral a partir de aguas residuales y la identifica-

ción viral mediante métodos moleculares. Recolectamos 18 muestras de aguas residuales en los sitios finales de descarga del alcantarillado de Armenia. La recuperación y concentración de virus se hizo según el método de Sobsey *et al.* Se identificaron 4 poliovirus tipo 1 y 2 poliovirus tipo 3. En una de las 5 muestras que resultaron positivas a poliovirus se identificó la presencia de mezcla de los serotipos 1 y 3. No se encontró poliovirus tipo 2 en ninguna de las muestras estudiadas. Observamos efectos citopáticos en las células L20B en las 6 muestras con amplificación por RT-PCR, así como en una muestra con amplificación negativa; finalmente, en otra muestra hallamos efecto citopático en células Vero. Las muestras se recolectaron en agosto por corresponder al periodo seco de Armenia. La detección de poliovirus mediante RT-PCR y cultivo celular en L20B y Vero en 7 de las 18 (38,9%) muestras indica que el sistema de vigilancia a partir de las aguas residuales puede ser un método sensible para la detección de la circulación de poliovirus. Nuestros hallazgos indican la alta sensibilidad del sistema de vigilancia a partir de las aguas residuales para la detección de poliovirus, lo que permite considerar a las aguas residuales como importantes herramientas a emplear en las áreas del país.

A6. Detección por inmunohistoquímica de la proteína *core* del virus de la hepatitis C y de la proteína p53 en casos de carcinoma hepatocelular.

Alvarez CM¹, Yepes JO¹, Henao LF¹, Correa G¹, Osorio G¹, Restrepo JC¹, Jaramillo S², Bravo LE³, Hoyos S¹, Navas MC¹

¹Grupo de Gastrohepatología, Universidad de Antioquia; ²Hospital Pablo Tobón Uribe; ³Universidad del Valle, Registro Poblacional de Cáncer de Cali.

El carcinoma hepatocelular es el principal tipo del cáncer primario de hígado; su incidencia varía según la localización geográfica, con las mayores tasas de incidencia en África y Asia y las menores en América, el norte de Europa y Australia. Aproximadamente, el principal factor de riesgo del carcinoma hepatocelular en 80% de los casos es la infección con el virus de la hepatitis B (VHB) o el virus de la hepatitis C (VHC). Otros factores de riesgo asociados al desarrollo de carcinoma hepatocelular son el consumo en la dieta de aflatoxina B1, el tabaquismo y el consumo de alcohol. El objetivo de este estudio fue detectar la expresión de la proteína *core* del VHC y la expresión aumentada de la proteína p53 en pacientes con diagnóstico de carcinoma hepatocelular, utilizando la inmunohistoquímica como método de detección. Las muestras de tejido hepático se obtuvieron de los departamentos de patología de la Universidad de Antioquia y el Hospital Pablo Tobón Uribe en Medellín, y del Hospital Evaristo García en Cali en el periodo 1995-2004. La expresión de las proteínas *core* del VHC y p53 se realizó mediante la técnica de inmunohistoquímica, usando el anticuerpo monoclonal humano anti-*core* B12.F8 (donado por Mario Mondelli, Universidad de Pavia, Italia) y el anticuerpo anti-p53 DO7 (Novocastra, UK), respectivamente. Se identificaron 138 casos de carcinoma hepatocelular, con un rango de edad de 13 a 87 años; se encontró que 48% de los casos correspondía a pacientes mayores de 60 años. De los 138 casos hallados, se procesaron 63 muestras de tejido hepático tumoral incluidas en parafina, por inmunohistoquímica para la detección de la proteína *core* del VHC y p53. Se demostró la expresión de la proteína *core* del VHC en 16% de los casos y expresión aumentada de la proteína p53 en 46% de los casos. De acuerdo con los resultados, el número de casos de carcinoma hepatocelular asociados al VHC descrito en este estudio, corresponde al número esperado, considerando el perfil epidemiológico de la infección por el VHC y VHB en Colombia. La alta frecuencia en la expresión aumentada de la proteína p53 es similar a la reportada en la literatura. Es importante anotar que se están realizando ensayos para analizar el nivel de expresión del ARNm para p53 usando el método de RT-PCR semicuantitativa.

Virología clínica

B14. Prevalencia de anticuerpos contra VPH-16, -18, -31, -45 y -58 en una cohorte de mujeres de Bogotá, Colombia.

Duarte DF¹, Cómbita AL¹, Molano M¹, Muñoz N², Touzé A³, Coursaget P³, Bravo MM¹

¹Grupo de Investigación en Biología del Cáncer, Laboratorio de Inmunología, Instituto Nacional de Cancerología, Bogotá, Colombia; ²Unit of Field and Intervention Studies, International Agency for Research on Cancer, Lyon, Francia; ³Laboratoire «Virus, vectorisation et Imagerie de ciblage», Faculté des Sciences Pharmaceutiques Ph. Maupas, Université de Tours, France.

Dentro de las enfermedades de transmisión sexual, las infecciones por virus del papiloma humano (VPH) son las más frecuentes en adultos

jóvenes y adolescentes sexualmente activos; no obstante, la mayoría de estas infecciones son transitorias. Los factores que determinan que una infección sea eliminada o persista en el tiempo son aún desconocidos. Se ha sugerido que el sistema inmune tiene un papel importante en su control. En este estudio se examinó la respuesta inmune humoral hacia VPH y su asociación con factores de riesgo sociodemográficos en un grupo de mujeres de la población colombiana. Se incluyeron 1.003 sueros de mujeres de la población general participantes de un estudio de cohorte sobre la historia natural de la infección por VPH. Los anticuerpos IgG e IgA hacia VLP (virus like particles o virus similares) de VPH-16, -18, -31, -45 y -58 se analizaron mediante ELISA. La prevalencia de anticuerpos IgG a VPH-16, -18, -31, -45 y -58 fue de 9%, 4,5%, 5,7%, 5,3% y 6,5%, respectivamente, mientras que para IgA hacia los mismos tipos virales fue de 3,5%, 1,9%, 2,5%, 3,2% y 3,6%, respectivamente. Se observó asociación entre presencia de anticuerpos IgG a VPH-16 y VPH-58 ($P = 0,000$), VPH-31 y -58 ($P = 0,033$) y VPH-16 y -45 ($P=0,002$). Se observó poca asociación entre seropositividad IgG y presencia de ADN de VPH; un bajo porcentaje de mujeres positivas para ADN de VPH-16, -31 y -58 fueron igualmente positivas para anticuerpos; esta asociación fue significativa para VPH-31 ($P = 0,000$). Para IgA sólo se observó asociación entre presencia de anticuerpos a VPH-16 y -58 ($P = 0,027$) y VPH-18 y -45 ($P = 0,031$); no se observó asociación con presencia de ADN de VPH. Se observó asociación entre el número de compañeros sexuales habituales, las relaciones sexuales ocasionales y el uso de anticonceptivos orales con presencia de anticuerpos IgG a VPH-16, -18 y -31, mientras que para IgA, la presencia de infecciones por *Chlamydia trachomatis* y el número de compañeros habituales se asociaron con el desarrollo de anticuerpos a VPH-31. En general, los anticuerpos IgG fueron más prevalentes que los IgA. Se observó asociación de la presencia de anticuerpos principalmente entre los tipos filogenéticamente cercanos VPH-16, -31 y -58. La asociación observada entre anticuerpos IgG VPH-16 y -45 pudo ser debida a infecciones múltiples.

B15. Detección del virus del papiloma humano (VPH) en pacientes con citología anormal.

Mantilla LE¹, Porras GL², Beltrán L², Henao J², Sepúlveda JC³
¹Joven investigadora, Colciencias; ²Laboratorio de Genética Médica, Universidad Tecnológica de Pereira; ³Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira.

El cáncer de cuello uterino es una de las formas más comunes de cáncer entre mujeres a nivel mundial, con 500.000 casos nuevos cada año. Su desarrollo es un proceso multifactorial. Sin embargo, los virus del papiloma humano VPH de alto riesgo se han asociado con su etiología. El objetivo del presente trabajo fue determinar la prevalencia de la infección con VPH en pacientes con citología anormal que consultaron al hospital de Kennedy en Pereira. Se seleccionaron 133 pacientes con edades entre 17 y 65 años en el período de octubre a diciembre de 2005. Todas las pacientes se refirieron para colposcopia por presentar una citología anormal. Luego de firmar el consentimiento informado, se procedió a la toma de citología con citocepillo bajo colposcopia. El citocepillo se envió al Laboratorio de Genética Médica para extracción de ADN mediante lisis con proteinasa K y precipitación con etanol-acetato de sodio. El ADN obtenido se evaluó para detectar la presencia de VPH mediante PCR, empleando los iniciadores MY09/11 y GP5+/GP6+. Los productos de amplificación se visualizaron por electroforesis en geles de agarosa. Bajo nuestras condiciones experimentales, la prevalencia de infección con VPH fue de 22,6%. Se detectó la presencia de VPH en 17,8% de las pacientes mediante ASCUS, 28,3% de las pacientes con NICI, 10% de las pacientes con NICII y 66% de las pacientes con NICIII. Hemos determinado la secuencia, hasta el momento, de 4 amplificadas de pacientes (3 VPH-16 y una VPH-6). Actualmente, se está determinando la prevalencia de VPH en 50 pacientes con citología anormal.

B16. Serotipos de dengue circulantes y la evaluación de la IL10 e interferón gamma en el municipio de Armenia, Quindío.

Giraldo AM, Castaño JC, Padilla L
 Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío.

Introducción. El dengue es una enfermedad febril aguda viral que se caracteriza por fiebre, dolores musculares y articulares, cefalea, dolor retroorbitario y linfadenopatías; puede evolucionar a una forma hemorrágica complicada. **Metodología.** Los sueros de los pacientes con diagnóstico clínico de dengue se procesaron para determinar las interleucinas BD OptEIA ELISA KIT IL-10 y BD OptEIA ELISA KIT IFN GAMMA; la prueba es una ELISA sándwich en fase sólida en la que se utiliza un anticuerpo monoclonal específico para interferón gamma fijado a una placa de 96 pozos; además, se realizó determinación de IgM específica

contra dengue con el kit de Pambio. La presencia de virus dengue en el suero se determinó mediante RT-PCR utilizando iniciadores específicos para cada serotipo. A todos los pacientes se les hizo una encuesta epidemiológica y se les practicó cuadro hemático. En 16 pacientes con diagnóstico de dengue se han realizado las pruebas de IgM anti-dengue, IL10, INF gammaRT-PCR para dengue y cuadro hemático. **Resultados.** Los 16 pacientes presentaron IgM positiva, 7 RT-PCR positivos, 9 niveles séricos de INF gamma con un valor promedio de 25,2 pg/ml (rango: 0,28 a 74,3 pg/ml), 12 niveles séricos detectables de IL10 con un valor promedio de 80,3 pg/ml (rango: 2,5 a 280 pg/ml); los valores de hemoglobina variaron entre 9,8 y 16 g% (promedio: 13,6 g%), el hematocrito entre 29,6 y 48,9% (promedio: 40,7%), leucocitos entre 2.300 y 19.600 por ml (promedio: 5.842/ml); el recuento de plaquetas osciló entre 8.600 y 338.000 por ml (promedio: 104.328/ml). No se detectaron niveles séricos de INF gamma en 80% ni IL-10 en el 100% de los pacientes con RT-PCR, respectivamente. Llama la atención que en el paciente con valores más bajos de plaquetas (8.600/ml), los niveles de INF gamma fueran negativos, mientras que los valores de IL-10 fueron de 140,7 pg/ml, y en los pacientes con valores normales de plaquetas tanto los valores de IL-10 como de INF gamma fueron negativos. **Conclusión.** La determinación de los valores séricos de IL10 e INF gamma se perfilan como herramientas diagnósticas de apoyo en el seguimiento de los pacientes con dengue.

B17. Evaluación de una prueba de inmunocromatografía para el diagnóstico temprano del dengue.

Martínez RA, Villar LA, Díaz FA
 Centro de Investigaciones Epidemiológicas, Universidad Industrial de Santander.

Introducción. Las pruebas convencionales para el diagnóstico de dengue suelen ser de escasa utilidad durante los primeros días de la enfermedad, debido al tiempo que requiere su realización, sus complejidades técnicas o su baja sensibilidad. **Objetivo.** Evaluar una prueba de inmunocromatografía para el diagnóstico temprano del dengue. **Materiales y métodos.** De una cohorte prospectiva de 129 pacientes con síndrome febril agudo, captados en el área metropolitana de Bucaramanga entre abril y agosto de 2003, se identificaron 72 casos de dengue, diagnosticados mediante aislamiento viral o pruebas de IgM pareadas (MAC-ELISA). Se evaluó la prueba de inmunocromatografía (Panbio de casete) en suero de la convalecencia (tomado después del séptimo día de enfermedad) de estos pacientes y de 35 con síndrome febril agudo de otra etiología diferente de dengue. Además, se evaluó en suero obtenido entre las 48 y 96 primeras horas del síndrome febril agudo de 71 pacientes con dengue y de 33 con síndrome febril agudo diferente de dengue. **Resultados.** En la convalecencia, la prueba mostró una sensibilidad (S) de 77,78%, una especificidad (E) de 77,14%, un valor pronóstico positivo (VPP) de 87,5% y un valor pronóstico negativo (VPN) de 62,79%. En la fase aguda, la prueba exhibió: S de 50,7%, E de 84,85%, VPP de 87,8% y VPN de 44,44%. La sensibilidad de la prueba fue significativamente mayor cuando la muestra se tomó entre las 72 y 96 horas de la enfermedad, comparada con la tomada entre las 48 y 72 horas (60,78% Vs. 25%; $p = 0,007$). Su especificidad no varió significativamente entre estos dos momentos de toma de muestra (80% Vs. 88,89%, respectivamente; $p = 0,48$). **Conclusiones.** La prueba de inmunocromatografía para el diagnóstico rápido de dengue muestra una buena especificidad y una sensibilidad adecuada después de las primeras 72 horas de enfermedad.

B18. Seroprevalencia del virus herpes simple tipo 2 y factores asociados a la infección, en las mujeres mayores de 15 años de edad de Pueblorrico, Antioquia, 2003.

Rojas C¹, Arbeláez MP¹, Sánchez G², Bedoya A², París S²
¹Facultad Nacional de Salud Pública, Universidad de Antioquia;
²Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia.

Introducción. Las infecciones de transmisión sexual están en aumento y, entre ellas, el virus herpes simple tipo 2 (VHS-2) que ha sido reconocido como la causa más común de úlcera genital en el mundo. La seroprevalencia del VHS-2 se ha incrementado significativamente en el mundo en los últimos años, constituyéndose en un problema de salud pública por su interacción con el VIH, y por su posible interacción con el virus del papiloma humano (VPH) en la génesis del cáncer de cuello uterino. Se desconoce la prevalencia de infección en población sexualmente activa. **Objetivo.** Estimar la seroprevalencia e identificar los factores asociados a la infección por el virus herpes simple tipo 2 en mujeres mayores de 15 años de edad, del municipio de Pueblorrico (Antioquia) en el 2003. **Metodología.** Se realizó un estudio de corte; el tamaño de la muestra fue de 946 mujeres, seleccionadas probabilísticamente. La presencia de anticuerpos contra el VHS-2 se determinó utilizando una prueba inmunológi-

ca, ELISA. Para la recolección de la información de los factores asociados se realizó una entrevista personal aplicando una encuesta previamente validada por la IARC. Se determinó la seroprevalencia general del VHS-2 en función de cada una de las variables estudiadas. La medida de asociación utilizada fue la oportunidad relativa (OR). Se hizo análisis estratificado y regresión logística. **Resultados.** La seroprevalencia del VHS-2 en las mujeres de Pueblorrico fue de 19,8% (IC95% 17,22 a 22,39). La OR de las mujeres que tuvieron entre 2 y 3 compañeros sexuales en toda la vida fue de 2,46 (IC95%: 1,61 a 3,76) y, a medida que aumentaba el número de compañeros sexuales, la OR se incrementó. La OR entre las mujeres que vivían en el área urbana fue de 1,80 (IC95%: 1,23 a 2,63) mayor a la que se obtuvo para las mujeres que vivían en el área rural. La OR entre las personas que utilizaban el condón con los compañeros regulares fue de 0,48 (IC95%: 0,32 a 0,74). La OR entre las mujeres que emplean como método anticonceptivo el ritmo fue de 0,47 (IC95%: 0,29 a 0,75). **Conclusiones.** La seroprevalencia del VHS-2 en las mujeres del municipio de Pueblorrico es baja comparada con las estimadas en mujeres con cáncer de cuello uterino en los estudios de casos y controles llevados a cabo en el país; igualmente es baja comparada con las prevalencias de otros países latinoamericanos. La presencia de anticuerpos contra el VHS-2 se encuentra asociada al número de compañeros sexuales, a la edad, al área de residencia, al uso del condón y al método anticonceptivo del ritmo.

B19. Hallazgos inmunofenotípicos y respuesta al tratamiento de la paraparesia espástica tropical.

Klinger JC, Díaz ML, Ávila GI, Jácome M
Laboratorio de Investigaciones en Enfermedades Inmunológicas e Infecciosas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca.

Introducción. La paraparesia espástica tropical es inducida por HTLV-1, aún sin tratamiento. **Objetivo.** Estudio descriptivo de inmunofenotipos de pacientes con paraparesia espástica tropical y respuesta terapéutica. **Pacientes.** Se estudiaron 5 pacientes: 3 mujeres (54, 19, 43 años de edad) y 2 hombres (41 y 62 años) con paraparesia espástica tropical, ELISA para HTLV-1 (+) y VIH (-); 3 con menos de 2 años con paraparesia espástica tropical y 2 con 6 y 13 años, que deseaban tratamiento y dieron su consentimiento. **Materiales y métodos.** Se usó un citómetro FACS Calibur (Becton Dickinson, San José, CA). Se procesó sangre de cada paciente en 3 tubos con anticuerpos fluorescentes: anti-CD4 FITC/CD8 PE para ver la relación CD4/CD8, anti-CD3 FITC/HLA-DR PE (linfocitos T activados) y CD19FITC/CD5PE (linfocitos B1 productores de autoanticuerpos); la terapia se diseñó según los resultados. **Resultados.** Cuatro pacientes presentaron: 1) relación CD4/CD8 < 1 (X = 0,83, normal = 1,5) lo cual indica actividad inmune antiviral; 2) linfocitos T activados, X = 53% (normal < 8%), lo que indica gran activación, y 3) linfocitos B1, X = 36,3% (normal < 5%), sugestivos de autoinmunidad. Con estos resultados, se formuló ciclofosfamida (elimina linfocitos B1) y Trizivir®. El inmunofenotipo de dos pacientes, dos meses después mostró: relación CD4/CD8 = 1, con 5 linfocitos activados y linfocitos B1 de 18%. Los tres pacientes con paraparesia espástica tropical de menos de 2 años de evolución se normalizaron neurológicamente, y dos pacientes no mejoraron: la paciente con 6 años de evolución cuyo inmunofenotipo fue similar a los anteriores (relación CD4/CD8 de 0,7, linfocitos activados de 43% y linfocitos B1 de 44%) y la paciente de 13 años de evolución cuya relación CD4/CD8 fue normal (1,7), 32% de linfocitos T activados y 15% de linfocitos B1. Los pacientes que respondieron tienen un año de tratamiento con 6 pulsos de ciclofosfamida y Trizivir®; actualmente dudamos si interrumpir el tratamiento. **Conclusión.** Lo anterior indica activación inmune antiviral y autoinmune en la paraparesia espástica tropical y es posible recuperar en fases tempranas los pacientes con ciclofosfamida y antirretrovirales. Se plantea la necesidad de adelantar más estudios en los que se incluya la carga viral, entre otras determinaciones.

B20. Factores de riesgo asociados a la infección por hepatitis C crónica en niños después del tratamiento de cáncer.

Valderrama SL¹, Cuervo SI^{1,2}, Cortés JA^{1,2}, Sánchez R
¹Universidad Nacional de Colombia; ²Instituto Nacional de Cancerología.

La hepatitis C crónica afecta más de 170 millones de personas y causa el 22% de los cánceres hepáticos en el mundo. Los factores de riesgo que llevan a los niños con antecedente de cáncer a presentar hepatitis C crónica no han sido ampliamente estudiados; el objetivo de este estudio fue identificar los factores de riesgo de este grupo de niños para desarrollar hepatitis C crónica. **Métodos.** Estudio de casos y controles en un hospital universitario de cáncer en Colombia de 1982 a 2004. Los casos fueron

pacientes con infección por virus de hepatitis C (VHC) crónica y antecedente de cáncer, y los controles fueron pacientes sin infección por VHC crónica y antecedente de cáncer. **Resultados.** Se incluyeron en el estudio 41 casos de hepatitis C crónica y 164 controles. En el análisis multivariado se identificó como factor de riesgo para hepatitis C crónica el mayor número de episodios de neutropenia (*odds ratio* = 1,80; IC95%: 1,38 a 2,34, p = 0,000). El número de transfusiones recibidas antes de 1993 no alcanzó significación estadística (OR=5,50; IC95%: 0,66 a 45,75, p = 0,115). **Conclusiones.** El factor de riesgo más importante para desarrollar hepatitis C crónica en niños con antecedente de cáncer es la neutropenia como reflejo de su inmunosupresión, producto de su enfermedad de base y del tratamiento con quimioterapia.

TRABAJOS EN POSTER

EPIDEMIOLOGÍA HOSPITALARIA

P36. Descripción de un brote por *Citrobacter koseri* en la unidad de recién nacidos de la Clínica Palermo, enero a marzo de 2005.

Torres M, Sussmann O, Suárez F, Guzmán M, López E
Clínica Palermo.

Introducción. *Citrobacter koseri* es un microorganismo con capacidad para producir brotes en las unidades de cuidado intensivo de neonatos. Se describe la aparición de este germen en la Clínica Palermo. **Objetivos.** Caracterizar las circunstancias asociadas con el aislamiento de *C. koseri*, así como las medidas y acciones realizadas para la contención de su propagación en la Unidad de Recién Nacidos. **Materiales y métodos.** Se siguió la metodología de estudio de brotes desarrollada por la Secretaría Distrital de Salud, para identificar y disminuir la probabilidad de nuevos casos en los pacientes de la Unidad de Recién Nacidos. **Resultados.** Entre enero y marzo del 2005 se aisló *C. koseri* en cinco casos: dos coprocultivos, un líquido cefalorraquídeo, una secreción ocular, una bacteriemia; se presentó en recién nacidos de sexo femenino, con variedad en la edad gestacional y el peso; 1 neonato falleció como consecuencia de la infección. No se identificó una fuente común. Se logró contener la aparición de nuevos aislamientos con medidas básicas para el control de la infección. **Discusión.** No hubo un nexo epidemiológico definido y claro para la aparición de *C. koseri* en la Unidad de Recién Nacidos. En la literatura revisada no se observaron casos con estas características.

P38. Caracterización de la flora bacteriana hospitalaria en el Hospital San Rafael, ESE, de El Espinal, Tolima, 2004- 2005.

Castro O, García H
Hospital San Rafael, ESE, El Espinal, Tolima

El presente trabajo de investigación es un estudio descriptivo retrospectivo realizado en un hospital de segundo nivel de atención que analiza la información de la base de datos del Laboratorio de Microbiología, en el periodo comprendido entre noviembre de 2004 y noviembre de 2005, y que pretende describir y determinar la prevalencia de la flora bacteriana a nivel institucional, por servicio asistencial, según la procedencia anatómica de la muestra y según sexo y edad. Además, la presente investigación tiene como objetivo conocer la sensibilidad y la resistencia de los microorganismos aislados con mayor prevalencia, en relación con los antibióticos utilizados con mayor frecuencia en nuestra institución. Hasta la fecha, tenemos los siguientes datos preliminares: 56% de las muestras analizadas corresponde a urocultivos; 19,7%, a hemocultivos; 16,7%, a secreciones y líquidos corporales, y 7,2% a coprocultivos, piezas y heridas quirúrgicas y cultivos de punta de catéter. La positividad de las siembras se distribuyó de la siguiente manera: a las 24 horas de incubación a 37°C correspondió 24,1% de positividad; a las 48 horas de incubación a 37°C, 6,2% de positividad; a las 72 horas de incubación a 37°C, 1,7% de positividad. En los cultivos calificados como positivos (20,9%), la recuperación de bacterias potencialmente patógenas se distribuyeron así: *Escherichia coli*, 20,5%; *Staphylococcus epidermidis*, 6,0%; *Staphylococcus aureus*, 1,3%; *Pseudomonas* spp., y 0,5%; otras enterobacterias, 3,8%. En general, los antibióticos de mayor sensibilidad *in vitro*, sumados los usos de frecuencia, fueron: ciprofloxacina, 13,5%; norfloxacina, 15,0%; amikacina, 7,3%. En general, los antibióticos de mayor resistencia *in vitro*, sumados los usos de frecuencia, fueron: ampicilina más sulbactam, 8,7%; penicilina, 8,1%; trimetoprim-sulfametoxazol, 7,1%; ampicilina, 6,8%. *Escherichia coli*, como germen con mayor frecuencia de aislamiento en las siembras, representó el 79,4% de positividad en las muestras de orina y el 16,27% en las secreciones de heridas.

P67. Absceso de tejidos blandos y osteítis costal por bacilo de Calmette-Guérin.Valderrama SL¹, Gualtero SM¹, Álvarez CA¹, Osorio JV¹, Porras TB³, Guerrero MI³, León CI³, Carrillo J³, Ojeda P⁴¹Universidad Nacional de Colombia; ²Instituto Nacional de Cancerología; ³Instituto Nacional de Salud; ⁴Hospital Santa Clara.

La vacuna de BCG se encuentra dentro del plan ampliado de inmunizaciones de nuestro país. Se ha demostrado su eficacia en la prevención de tuberculosis, especialmente en las formas diseminadas en la infancia; los efectos adversos de la vacuna son infrecuentes (0,01-0,24%) y el beneficio de la vacuna supera el riesgo de la vacunación. Describimos la aparición de un absceso y osteítis en una niña de 17 meses, en quien se planteó inicialmente la posibilidad de una lesión tumoral, pero posteriormente, con el apoyo de microbiología, patología y técnicas de biología molecular, se hizo el diagnóstico definitivo de absceso y osteítis por bacilo de Calmette-Guérin.

P68. Síndrome de choque tóxico asociado a un síndrome de Kawasaki.Beltrán NE¹, Accini JL², Meza H¹¹Medicina Interna, Universidad Libre, Barranquilla; ²Secretaría de Salud Departamental, Atlántico.

Se trata de un paciente de sexo masculino, de 18 años, de raza negra, ayudante de albañilería, quien consulta a urgencias por fiebre y postración de 6 días de evolución, acompañadas de escalofríos, dolor lumbar, artralgias, mialgias y deposiciones acuosas verdes. El facultativo lo medica con acetaminofén, antiinflamatorio no esteroideo, descongestionantes y gentamicina, sin mejoría. Tres días antes presentaba dolor y edema del muslo y de la pierna izquierdos que le dificultaba la marcha, y dolor y edema en el brazo izquierdo. Empeoró, con deterioro del estado general, intolerancia a la vía oral (vómitos) y oliguria. Como antecedente refirió la caída de una bicicleta una semana antes. Al ingreso presentaba: mal estado general, con apariencia tóxica; tensión arterial de 80/50 mm Hg, frecuencia cardíaca de 132 por minuto, frecuencia respiratoria de 40 por minuto y se sentía febril al tacto; presentaba ictericia, deshidratación, cuello móvil sin adenopatías; en el sistema cardiopulmonar, se auscultaban estertores del final de la inspiración en las bases pulmonares y taicardia; el abdomen, normal; coluria; en las extremidades, edema bimalear, rubor, calor y dolor más acentuado en el antebrazo y el muslo izquierdos. Se practicó una punción y no se obtuvo pus; la radiografía de pierna no mostró gas en los tejidos blandos. No había dolor a la palpación en las pantorillas. En los exámenes de laboratorio se encontró: hemograma con ligera leucocitosis, plaquetas normales, glucemia normal, BUN de 60,7 mg%, creatinina de 7,1 mgr, T_p y PTT normales, fosfatasa alcalina normal, hiperbilirrubinemia (3 mg/dl), ligera elevación de las transaminasas, GPT 140 UI, GOT 80 mg UI, parcial de orina con sedimento telescopado (proteinuria, hematuria, cilindruuria). Desarrolló exantema tipo quemadura solar, queilitis angular y lengua con aspecto de frambuesa. Se diagnosticó síndrome de choque tóxico e insuficiencia renal aguda. Se manejó en la unidad de cuidado intensivo con cristaloides, dopamina (9,5 µg/kg por minuto), prostafilina (2 g cada 4 horas), clindamicina (600 mg cada 8 horas), profilaxis para trombosis venosa y profilaxis gástrica. Al tercer día de hospitalización presentó elevación del segmento ST (>5 mv) (¿miopericarditis?). Sin embargo, la troponina I fue negativa y el ecocardiograma mostró ligera hipocinesia del ventrículo izquierdo, fracción de eyección del 58%. Se encontró frémito en la región supraclavicular izquierda, atribuido al estado hiperdinámico, y crépitos basales izquierdos y derrame pleural derecho. En la piel, después del exantema, desarrolló descamación fina y, posteriormente, confluyente, sin ampollas, de base limpia, en todo el cuerpo y en palmas y plantas. Se consideró que se trataba de un síndrome de choque tóxico asociado a un síndrome de Kawasaki. Se agregó ácido acetilsalicílico, 1 g cada 6 horas y se dió de alta. El caso se documenta con fotos y se revisa el tema.

P69. Infección espúrea por larva de la mosca de las flores.Vásquez LR¹, González R², Escobar VM³,¹Universidad del Cauca; ²Universidad del Valle; ³Hospital de Piendamó, Cauca.

Introducción. La miasis es una patología causada por estadios larvarios de moscas de diversas familias, entre las cuales se destacan Calliphoridae, Sarcophagidae y Muscidae, por nombrar algunas. Estas infecciones son de importancia médica y veterinaria, ya que las formas adultas pueden ser vectores de agentes infecciosos y los estadios larvarios pueden causar mutilaciones; sin embargo, en la actualidad, se están utilizando como

ayuda clínica. **Objetivos.** Se presenta el caso clínico de una paciente de 37 años, procedente del municipio de Piendamó, Cauca, con presencia de larvas en el tracto urogenital; la paciente no refirió ningún síntoma ni signo clínico. **Metodología.** Las larvas fueron enviadas al Laboratorio de Microbiología y Parasitología del grupo de investigación CEMPA, en donde se describieron como larvas de la familia Syrphidae. **Resultados.** Se hizo la determinación taxonómica de larvas del género *Eristalis* spp. con el apoyo del Grupo de Entomología de la Universidad del Valle. **Conclusiones.** Este es el primer hallazgo que se describe para Colombia y para el departamento del Cauca de una infección espúrea de larvas de la familia Syrphidae. Se deben realizar campañas educativas en la población caucana para evitar este tipo de infecciones.

P70. Candidemia en pacientes con cáncer en el Instituto Nacional de Cancerología, 1999-2006.Cortés J^{1,2}, Cuervo S^{1,2}, Rivas P¹, Arévalo M²¹Instituto Nacional de Cancerología; ²Universidad Nacional de Colombia.

Objetivo. Evaluar las características clínicas y microbiológicas, la resistencia a los antimicrobóticos y el desenlace de los pacientes con cáncer y candidemia atendidos en el Instituto Nacional de Cancerología entre 1999 y 2006. **Materiales y métodos.** Se conformó una cohorte retrospectiva de pacientes con cáncer y candidemia, entre enero de 1999 y enero de 2006. Se evaluaron los hallazgos clínicos y microbiológicos, el tratamiento y los desenlaces clínicos más importantes. Se realizó un análisis logístico multivariable para determinar las variables independientes que podrían predecir la mortalidad. **Resultados.** Se encontraron 115 episodios de candidemia en pacientes con cáncer, con una mediana de edad de 41 años y 22% menores de 18 años. 60% tenía un tumor hematológico y 45% neutropenia en el momento del diagnóstico. 97% había recibido antibióticos y 18% había recibido previamente un antimicrobótico. Otros factores frecuentes de riesgo incluían tener un acceso venoso central (74%) y el uso de esteroides (60%). La especie de *Candida* más frecuente fue *C. tropicalis* (46%), seguida de *C. albicans* (36%), *C. parapsilosis* (9%) y otras especies menos frecuentes. La mortalidad a los siete días con *C. albicans* fue de 29%, al igual que con *C. tropicalis*, mientras que con *C. parapsilosis* fue de 60%. En el análisis multivariado, únicamente la recuperación de la neutropenia tuvo un OR significativo de 0,051 (IC95% 0,009-0,285). Cuando se evaluaron los casos tratados con fluconazol (n = 53), el análisis de regresión logística no encontró que la sensibilidad al fluconazol fuera una variable que pudiera predecir el desenlace. **Conclusiones.** En pacientes con cáncer del Instituto Nacional de Cancerología, *C. tropicalis* es la causa más frecuente de candidemia. La mortalidad a los siete días es relativamente baja y se ve afectada por la respuesta inmunológica del hospedero. El impacto de la susceptibilidad antifúngica no es claro hasta el momento.

Micología y Parasitología**P44. Diversidad en la secuencia de nucleótidos del locus de la quitina sintasa 2 en el complejo de especies de *Paracoccidioides brasiliensis*: una evaluación de la hipótesis de selección *background*.**Matute DR¹, Torres IP¹, Taylor JW², Restrepo A¹, McEwen JG¹¹Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Colombia;²Department of Plant and Microbial Biology, University of California, Berkeley, CA.

La estimación de la genealogía de genes a partir de la secuenciación de ADN de las especies o poblaciones, provee una herramienta poderosa para la cuantificación de mutaciones, selección, deriva genética, migración y recombinación. La quitina sintasa 2 (CHS2) es una proteína particular de la familia de quitina sintasa en *Paracoccidioides brasiliensis* debido a la composición de su dominio. El presente estudio se inició para analizar la causa de los patrones polimórficos de CHS2 en *P. brasiliensis* y para determinar si tales patrones de variación fueron causados por selección *background*. El resultado central de este estudio se relacionó con el hecho de que los datos de *P. brasiliensis* rechazaron la hipótesis nula de una mutación al azar con base en todas las pruebas estadísticas disponibles. Cuando los datos se dividieron en mutaciones no sinónimas Vs. sinónimas en los intrones, se observó que correspondían a mutaciones solitarias en los aminoácidos. La distribución de las mutaciones sinónimas y el polimorfismo de los intrones fue lo esperado neutralmente. Se esperaba que la recuperación de una población producto de un cuello de botella o de una expansión demográfica reciente llevara a un exceso transitorio de variantes raras, pero esto podría ser cierto en todos los sitios (sinónimos y

no sinónimos) y, por tanto, esta explicación no parece consistente con los datos observados. De forma similar, un barrido selectivo no es consistente con la distribución de los polimorfismos sinónimos y de los polimorfismos en el intrón. Debido a la recuperación a partir de un barrido selectivo que podría parecer indistinguible de la recuperación a partir de un cuello de botella de la región asociada con un locus único. La explicación para la distribución del polimorfismo de CHS2 es la hipótesis de selección *background*. Muchas características de los datos obtenidos parecen ser consistentes con esta hipótesis: 1) No hay evidencia de una recombinación significativa dentro de las secuencias de CHS2 de *P. brasiliensis*; 2) el reemplazo de los aminoácidos en la muestra fueron todos únicos, como podría esperarse en el caso de débil selección negativa. Sin embargo, se necesita considerar dos características adicionales de los datos para concluir que la selección contra las mutaciones deletéreas es el determinante primario de la distribución observada en los cambios no sinónimos: 1) la distribución de los polimorfismos sinónimos y no sinónimos es de 9:5, respectivamente; 2) esto no parece estar restringido según el tipo de cambio de aminoácidos. Estas observaciones apuntan a una selección negativa muy débil sobre el reemplazo de los aminoácidos y los sitios no sinónimos.

P45. Cinética evolutiva y de mutación de microsatélites en el complejo de especies de *Paracoccidioides brasiliensis*.

Salgado C¹, Matute D^{2, 3}, Quesada L³, Taylor J⁴, Restrepo A², McEwen J^{1, 2}

¹ Universidad de Antioquia; ² Corporación para Investigaciones Biológicas; ³ Universidad de los Andes; ⁴ University of California.

Los microsatélites son secuencias de ADN de dos a seis pares de bases repetidas en tándem. En una población existen muchos alelos de un único locus de microsatélite, por lo cual son importantes marcadores para el análisis genético de poblaciones. En *P. brasiliensis* la existencia de estos marcadores sólo ha sido demostrada recientemente. En la actualidad, la dinámica evolutiva y los procesos de mutación de los microsatélites aún no se comprenden del todo y existe una controversia en cuanto al papel de los microsatélites como marcadores filogenéticos. Con el fin de determinar el papel de los microsatélites como marcadores filogenéticos, se secuenciaron ocho microsatélites y las regiones flanqueadoras en 65 aislamientos de *P. brasiliensis*, provenientes de varios países del área endémica. Para determinar la relaciones genealógicas entre alelos se mapeó el número de repeticiones en árboles construidos a partir de 8 regiones nucleares. Esto permitió ubicar las mutaciones en los microsatélites en el contexto evolutivo de las secuencias flanqueadoras y de los genes nucleares codificadores y que evolucionan más lentamente. Igualmente, se realizaron diferentes estimativos en genética de poblaciones usando GENEPOP, GDA y ARLEQUIN. Se encontró que las regiones flanqueadoras evolucionan más rápidamente que los genes codificadores. Esto es consistente con lo que se esperaba, debido a que las regiones no codificadoras (secuencias flanqueadoras) son más propensas a acumular mutaciones que los genes sometidos a presión de selección. Las distribuciones del número de repeticiones en cada alelo dentro de los aislamientos y especies filogenéticas fueron consistentes con el modelo de mutación por pasos (*stepwise mutation model*, SSM) propuesto para microsatélites. Estos resultados siguen la misma tendencia de información obtenida para *Neurospora crassa*. Las secuencias flanqueadoras fueron muy similares entre las tres especies filogenéticas estudiadas. De forma similar, se observó que algunos individuos presentaron alelos con el mismo número de repeticiones a pesar de no tener una relación filogenética cercana (homoplasia). Los loci de microsatélites examinados mostraron variación alélica elevada, con un número de alelos que variaba entre 6 y 19 por locus. Las poblaciones mostraron diferentes frecuencias alélicas y alta estructuración genética, por lo que se pueden observar alelos y locus específicos que permiten diferenciar las tres especies del complejo de *P. brasiliensis*, lo cual los hace marcadores útiles en el estimativo de las diferencias génicas entre poblaciones. Aún con estos resultados, es necesario caracterizar más loci de microsatélites antes de evaluar su eficacia en la reconstrucción filogenética de *P. brasiliensis*.

P46. Tomografía computarizada de alta resolución (TACAR) como herramienta para el seguimiento *in vivo* del desarrollo de fibrosis pulmonar inducida por *Paracoccidioides brasiliensis*.

Lopera DE¹, Naranjo TW¹, Hidalgo JM², Patiño JH², Cano LC^{3, 4}, Cano LE^{1, 5}

¹ Micología médica y experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas; ² Departamento de Radiología, Hospital Universitario San Vicente de Paúl; ³ Corporación para Investigaciones Biológicas; ⁴ Departamento de Patología, Universidad de Antioquia; ⁵ Grupo de Microbiología Molecular, Universidad de Antioquia.

Históricamente, la investigación experimental ha usado modelos animales en ratón para caracterizar el comportamiento de muchas enfermedades humanas, y evaluar la eficacia de una terapia dada. En el estudio de la fibrosis pulmonar se conocen varios modelos en ratón que evalúan principalmente hallazgos histopatológicos. Si bien las técnicas histopatológicas presentan una excelente resolución, demandan el uso de muchos animales (un grupo por cada tiempo evaluado) y no permiten el seguimiento de un mismo animal a lo largo del tiempo; además, la identificación de cambios depende de la profundidad del corte histológico, así como de la dirección y longitud del mismo. Estas limitaciones hicieron que el objetivo del presente estudio fuera estandarizar y evaluar la utilidad diagnóstica de la tomografía computarizada de alta resolución (TACAR), en el seguimiento de los cambios pulmonares, usando como modelo de fibrosis pulmonar, ratones BALB/c machos inoculados intranasalmente con conidias del hongo *Paracoccidioides brasiliensis*. Se tomó una TACAR a 10 ratones sanos y a 10 infectados, al tiempo cero (sin infección) y a las 4, 8, 12 y 15 semanas después de la infección. Se hizo una lectura radiológica que se correlacionó con la densidad pulmonar en diferentes áreas, el volumen pulmonar y los hallazgos histopatológicos. A la cuarta semana observamos consolidaciones peribronquiales en los vértices y la zona media pulmonar en 60% de los ratones infectados, así como nódulos periféricos generalizados en 20% de ellos, los que progresaron a las 8, 12 y 15 semanas, 40, 80 y 100%, respectivamente. Inicialmente, los cambios comprometieron un solo pulmón, pero con el progreso de la afección se hicieron más extensos y mostraron compromiso bilateral en los vértices y la zona media. Igualmente, se observó que la densidad pulmonar de dichas zonas aumentaba significativamente ($p=0,001$) a partir de la semana 12, lo que sugiere el desarrollo de fibrosis pulmonar. Una reconstrucción tridimensional del pulmón mostró pérdida significativa de los lóbulos más comprometidos a las 12 y 15 semanas después de la infección. Sin embargo, el volumen pulmonar, normalizado según el peso corporal de los ratones, demostró aumento significativo y compensación por los campos pulmonares sanos.

P47. Análisis SSCP como sistema de tipificación de las tres especies filogenéticas de *Paracoccidioides brasiliensis*.

Rúa A¹, Sepúlveda V², Restrepo A³, Matute D², McEwen J⁴

¹ Escuela de Bacteriología y Laboratorio Clínico, Universidad de Antioquia; ² Unidad de Biología Celular e Inmunogenética, Corporación para Investigaciones Biológicas; ³ Facultad de Medicina, Universidad Pontificia Bolivariana; ⁴ Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia.

Paracoccidioides brasiliensis es un hongo dimórfico, agente causal de la paracoccidioidomicosis, enfermedad crónica endémica de Latinoamérica que afecta primariamente los pulmones, con posterior diseminación a otros órganos, inclusive piel y mucosas. Afecta en mayor proporción a individuos del sexo masculino entre los 30 y 50 años dedicados a la agricultura, aunque también se ha informado en mujeres y pacientes de todas las edades. Se estima que alrededor de 10 millones de personas en áreas endémicas están infectadas con el hongo, pero sólo el 2% desarrollan las manifestaciones clínicas en algún momento de sus vidas. La aplicación de las nuevas técnicas de biología molecular y la adaptación de métodos antiguos empleados en células de otros organismos han permitido en los años recientes un acelerado avance en el conocimiento del genoma de hongos de importancia médica e industrial. En *P. brasiliensis* la aplicación de técnicas de RFLP y de cariotipo electroforético sugirieron diferencias entre los aislamientos del hongo, lo que permitió proponer la existencia de tres especies diferentes, lo cual fue confirmado recientemente por nuestro grupo. Se han encontrado diferencias en la expresión de genes y virulencia entre cepas de *P. brasiliensis*. A pesar de las diferencias reportadas entre especies, las tres son capaces de inducir la enfermedad tanto en humanos como en armadillos; por consiguiente, la habilidad de causar enfermedad no es una característica para la identificación de especies. Ninguno de los diferentes métodos moleculares desarrollados para caracterizar y tipificar cepas ha sido útil para asignar cepas a un grupo genéticamente aislado, debido al bajo número de cepas evaluadas; por lo tanto, se necesitan marcadores moleculares capaces de distinguir las especies. Una vez se haya desarrollado un sistema de clasificación apropiado, se deben idear protocolos para la detección y diferenciación para una pronta caracterización de nuevos aislamientos y para lograr responder a problemas ecológicos específicos. Probamos un sistema de discriminación por medio de Single-strand conformation polymorphism (SSCP) para discriminar entre especies de *P. brasiliensis*, debido a que este método permite la detección de mutaciones simples. Se estudiaron 9 aislamientos (3 de cada especie filogenética). El ADN se extrajo de cultivos de levaduras. Se amplificaron por PCR las regiones de P27 y tubulina. El objetivo principal de este estudio fue desarrollar un sistema de SSCP que pudiera ser empleado en el reconocimiento las especies filogenéticas del hongo patógeno *P. brasiliensis*. El método fue reproducible y fácil de realizar. El hecho de que

las tres especies puedan ser identificadas por amplificación de dos *loci*, introduce un avance para la identificación de aislamientos genéticos del grupo de *P. brasiliensis*. Sin embargo, se recomienda el uso de otros *loci* para explorar nuevas alternativas en la identificación de estas tres especies.

P48. Actividad antimicótica *in vitro* de extractos de plantas medicinales y aromáticas del departamento del Chocó.

Martínez C¹, Zapata MB¹, Pino N², Bueno JG¹, Mesa AC¹
¹Grupo Infección y Cáncer, Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia; ²Grupo de Productos Naturales, Universidad Tecnológica del Chocó.

Introducción y objetivo. La investigación fitoquímica basada en información etnofarmacológica se considera una aproximación efectiva al descubrimiento de nuevos medicamentos a partir de plantas. La selva húmeda tropical del Chocó presenta enorme diversidad de flora con un elevado número de especies endémicas y bosques en la Costa Pacífica, que la convierten en importante objeto de estudio con el ánimo de hallar moléculas con propiedades biológicas. El objetivo del presente trabajo es evaluar la actividad antimicótica *in vitro* de extractos de plantas medicinales y aromáticas utilizadas con fines curativos en el Chocó. **Metodología.** Se evaluó la actividad antimicótica *in vitro*, mediante la determinación de la concentración inhibitoria mínima (CIM) de extractos etanólicos de ocho plantas del género *Piper*, tres del *Columnea*, uno del *Sabicea*, uno del *Coccocypselum*, uno del *Althernatera* y uno de *Siparuna* con las cepas *Aspergillus flavus* ATCC 204304 y *Aspergillus fumigatus* ATCC 204305 siguiendo la técnica estándar CLSI M38-A. Además, se evaluaron las cepas *Candida krusei* ATCC 6258 y *Candida parapsilosis* ATCC 22019 con el protocolo M27-A2 modificado. Se utilizaron diez concentraciones dobles seriadas de cada extracto por triplicado, partiendo de 500ig/ml. Los controles de las pruebas se hicieron con itraconazol y las cepas de *Candida*. **Resultados y conclusiones.** Este es el primer trabajo que utiliza técnicas estándar para la evaluación de la actividad antimicótica de productos naturales. De catorce extractos evaluados, uno derivado de *P. arboreum* fue activo contra *C. krusei* y *C. parapsilosis*. Se han utilizado plantas de este género en la medicina tradicional en Colombia y en otros países. Trabajos posteriores se deben dirigir a la identificación de los compuestos mayoritarios y a la evaluación de su actividad antimicótica, solos y en combinación. Lo anterior debe complementarse con estudios de citotoxicidad y curvas de letalidad.

P49. Actividad antimicótica *in vitro* de aceites esenciales obtenidos de plantas medicinales y aromáticas de Colombia.

Correa A¹, Montiel J¹, Bueno JG¹, Durán C², Stashenko E², Mesa AC¹
¹Grupo Infección y Cáncer, Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia; ²Laboratorio de Cromatografía, Escuela de Química.

Introducción. Colombia es un país rico en recursos naturales, con el 10% de la diversidad de la flora del mundo. Se ha identificado un amplio espectro de moléculas con diferentes actividades biológicas en aceites esenciales obtenidos de plantas. La identificación de plantas productoras de aceites en Colombia puede ser de interés para la industria farmacéutica. El objetivo del presente trabajo es evaluar la actividad antimicótica de aceites esenciales obtenidos de plantas aromáticas y medicinales de diferentes regiones de Colombia. **Metodología.** Se obtuvo aceite de 11 plantas de las familias Boraginaceae (1), Labiatae (2), Gramineae (2), Lamiaceae (2), Annonaceae (1), Zingiberaceae (2) y Magnoliaceae (1), por hidrodestilación. La actividad antimicótica se evaluó siguiendo los protocolos AFST-EUCAST y CLSI-M38-A con las cepas *Candida parapsilosis* ATCC 22019, *C. krusei* ATCC 6258, *Aspergillus flavus* ATCC 204302 y *A. fumigatus* ATCC 204305. Se utilizó itraconazol (Sigma) para el control de la prueba. **Resultados.** Las medias geométricas para los aceites obtenidos de plantas de la familia Gramineae fueron de 0,03268 µg/ml con *C. parapsilosis*, 0,02506 µg/ml para *C. krusei*, 0,03307 µg/ml para *Aspergillus flavus* y 0,00746 µg/ml para *A. fumigatus*. Para los aceites de plantas de la familia Lamiaceae, fueron: 0,07833 µg/ml para *C. parapsilosis*, 0,0625 µg/ml para *C. krusei*, 0,125 µg/ml para *Aspergillus flavus* y 0,02154 µg/ml para *A. fumigatus*. Finalmente, para los aceites de la familia Zingiberaceae, fueron: 0,07655 µg/ml para *C. parapsilosis*, 0,125 µg/ml para *C. krusei*, 1,0 µg/ml para *A. flavus* y 0,07795 µg/ml para *A. fumigatus*. Para los demás aceites las medias geométricas fueron superiores. **Conclusiones.** Los aceites esenciales que mostraron mayor actividad *in vitro* fueron los obtenidos de plantas de la familia Gramineae. Es posible que esta actividad se deba a la presencia de citral, una molécula con potente actividad antimicótica. Agradecimientos a Colciencias y Fundacofan

P50. Actividad antimicótica *in vitro* de diterpenos espongianos sintéticos.

Martínez C¹, Zapata B¹, Bueno JG¹, Betancur LA¹, González MA², Zaragoza RJ²
¹Grupo Infección y Cáncer, Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia; ²Departamento de Química Orgánica, Universidad de Valencia, Valencia, España.

Introducción. Las esponjas son uno de los organismos marinos más atractivos para la búsqueda de moléculas con actividad farmacológica por su capacidad de producir metabolitos secundarios químicamente diversos. A partir de estos organismos se han identificado compuestos con actividad antimicótica provenientes de varias especies de géneros como *Hyrtilios*, *Oceanapia* y *Acanthodendrilla*, entre otras. Considerando lo anterior, el objetivo del presente trabajo es evaluar la actividad antimicótica de diez espongianos sintéticos con tres cepas de hongos ambientales. **Metodología.** Se evaluaron 10 espongianos sintéticos derivados de (+)-podocarp-8(14)-en-13-one, y S-(+)-carvone, suministrados por el Departamento de Química de la Universidad de Valencia, con las cepas *Fusarium oxysporum* ATCC 48112, *Scopulariopsis brevicaulis* CECT 2984 y *Aspergillus flavus* ATCC 10121 mediante la determinación de la concentración inhibitoria mínima (CIM), por la técnica M38-A (CLSI). Se utilizaron concentraciones dobles seriadas de las moléculas partiendo de 16g/ml. Además, los tres hongos se evaluaron con anfotericina B como punto de comparación. El control de los experimentos se realizó con *Candida parapsilosis* ATCC 22019 y *Candida krusei* ATCC 6258 y anfotericina B. **Resultados.** Las medias geométricas de las CIM de los 10 diterpenos fueron >16 ig/ml para las tres cepas. Las medias geométricas de las CMI de anfotericina B fueron 1,41 ig/ml para *F. oxysporum* ATCC 48112, 2,0 ig/ml para *A. flavus* ATCC 10121 y 8,0 ig/ml para *S. brevicaulis* CECT 2984. **Conclusiones.** Ninguno de los espongianos evaluados presentó actividad antimicótica. Sin embargo, trabajos previos con estas moléculas permitieron identificar actividad antitumoral en ocho de ellos. Sería importante orientar estudios para identificar blancos de acción que permitan explicar las diferencias en la actividad biológica.

P51. Análisis del antígeno de 27 kd de Paracoccidioides brasiliensis.

Sepúlveda V¹, Rúa A², González A³, Restrepo A⁴, Matute D¹, McEwen J⁵
¹Unidad de Biología Celular e Inmunogenética, Corporación para Investigaciones Biológicas; ²Escuela de Bacteriología y Laboratorio Clínico, Universidad de Antioquia; ³Unidad de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas; ⁴Facultad de Medicina, Universidad Pontificia Bolivariana; ⁵Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia.

Los avances en biología molecular han permitido la producción y caracterización de proteínas antigénicas por medio de clonación y determinación de su secuencia. La clonación y secuencia de la proteína antigénica de 27 kd de *P. brasiliensis* abrió la posibilidad al estudio de esta proteína en el diagnóstico clínico, ya que es reconocida por anticuerpos presentes en el suero de pacientes con paracoccidioidomicosis, y parece estar libre de reacción cruzada. Sin embargo, a pesar de la secuencia, se conocen muy pocos hechos biológicos sobre esta proteína. Analizamos las características de esta proteína usando herramientas bioinformáticas y los resultados obtenidos se resumen a continuación. Primero, se realizaron alineamientos de secuencias (BLASTp) y, con base en ellos, se hizo evidente que, aunque la proteína se ha encontrado únicamente en *P. brasiliensis*, algunas secuencias homólogas también se encontraron en *Coccidioides immitis* e *Histoplasma capsulatum* var. *capsulatum*. Una comparación con PROSITE indica que la proteína está débilmente relacionada con perfiles reportados anteriormente. Segundo, dedujimos la estructura secundaria de la proteína a partir del análisis de secuencia usando los programas JUFO y SCRATCH. Tercero, con el programa DNASP, determinamos el polimorfismo de la proteína entre las tres especies filogenéticas de *P. brasiliensis*, recientemente descritas por nuestro grupo, usando varios aislamientos de cada una de las especies. Para esta proteína, el polimorfismo fue relativamente bajo al compararlo con otras proteínas antigénicas como Gp43. Cuarto, la localización de la proteína se determinó usando el programa TMHMM. Los resultados indican una localización extracelular para esta proteína, ya sea excretada o asociada a la membrana o pared. Ningún péptido señal se ha asociado con dicha proteína. Para confirmar este análisis bioinformático, realizamos un Western blot, usando anticuerpos específicos para detectar la proteína y su localización en las dos fases de *P. brasiliensis* y confirmar si la proteína es secretada. Finalmente, se llevó a cabo una búsqueda de epítopos potenciales y se encontraron diversos octámeros, decámeros y 15-meros, que podrían interactuar con el sistema

inmune. El bajo polimorfismo nucleotídico puede indicar que el gen que codifica tr:P78725 se encuentra bajo presión selectiva. Se deben llevar a cabo estudios adicionales con el fin de confirmar esta hipótesis; sin embargo, obtuvimos nueva información biológica acerca del antígeno de 27 kd de *P. brasiliensis*, lo que complementa la información ya conocida sobre esta proteína. Este tipo de herramientas pueden mejorar el conocimiento de la biología evolutiva de las proteínas antigénicas de *P. brasiliensis*.

P52. Comparación de dos métodos de referencia basados en microdilución para la identificación de resistencia a antimicrobóticos (EUCAST Vs. M27 A-CLSI) en aislamientos de *Candida* spp. de pacientes con cáncer.

Duarte C¹ Pulido N¹, Rivas JP² Cortés JA², Sánchez R², Parra C¹
¹Universidad Javeriana; ²Instituto Nacional de Cancerología.

Objetivo. Comparar el método de microdilución y lectura espectrofotométrica RPMI 2% de glucosa (EUCAST) con el método de referencia de microdilución M27-A del CLSI en aislamientos de *Candida* spp. provenientes de pacientes con cáncer. **Métodos.** Se probaron 189 cepas (136 *C. albicans*, 36 *C. tropicalis* y 17 especies diferentes) obtenidas de muestras clínicas procedentes del cepario del Laboratorio de Micología del Instituto Nacional de Cancerología (1999 – 1^{er} periodo de 2005) y dos cepas de control de calidad. Se determinó la sensibilidad a anfotericina B, itraconazol y fluconazol mediante pruebas de microdilución en caldo, según el documento M27-A del CLSI y el documento AFST-EUCAST. El grado de concordancia entre los dos métodos se obtuvo por medio del índice ponderado de kappa. **Resultados.** La concordancia entre los dos métodos fue baja al utilizar itraconazol (0,49), pero se incrementó con fluconazol (0,74) y anfotericina B (1) para el total de las especies. La concordancia fue variable según las especies probadas. (Itraconazol y fluconazol en *C. albicans*, 0,45-0,64, *C. tropicalis*, 0,48-0,91, y otras especies, 0,73-0,87, respectivamente). **Conclusión.** Con este estudio se demostró que los resultados obtenidos por las pruebas de susceptibilidad antifúngica (CLSI-EUCAST) tienen una moderada concordancia cuando se utiliza fluconazol, la cual aumenta cuando se utiliza anfotericina B. La concordancia entre los métodos podría depender directamente de la especie, el agente antifúngico y el tiempo de incubación. Aunque las condiciones fueron iguales en todos los montajes, pueden presentarse variaciones mínimas que influyen en la correlación de las técnicas.

P53. La vigilancia epidemiológica molecular revela que los aislamientos del brote de la isla de Vancouver, Canadá, están estrechamente relacionados con aislamientos latinoamericanos de *Cryptococcus gattii* VG11.

Escandón P¹, Trilles L², Jover-Botella A², Castañeda E¹, Meyer W²
¹Grupo de Microbiología, Instituto Nacional de Salud; ²Molecular Mycology Research Laboratory, Center for Infectious Diseases and Microbiology at Westmead Hospital, Westmead Millennium Institute, The University of Sydney Western Clinical School, Westmead.

Cryptococcus gattii es una levadura basidiomiceta que afecta principalmente a individuos inmunocompetentes. Se han identificado cuatro patrones moleculares: VG1-VGIV, de los cuales VGII y VGIII prevalecen en Iberoamérica. En el 2000, dos subtipos del patrón VGII surgieron como patógenos primarios en la isla de Vancouver y se convirtieron rápidamente en endémicos, con una alta tasa de infección en humanos y animales: VGIIa, el más frecuente y más virulento, y VGIIb. El objetivo del trabajo fue investigar la epidemiología del patrón VGII a nivel mundial y determinar la existencia de aislamientos relacionados con el brote de cryptococosis en Vancouver. Comparamos aislamientos de *C. gattii* procedentes de Australia, Argentina, Brasil, Colombia, Grecia, Tailandia, Uruguay, Estados Unidos y Venezuela, recuperados desde 1986, con aislamientos provenientes del brote de Vancouver por medio de PCR huella digital del ADN con el iniciador M13. Además, empleamos la técnica de tipificación por secuencia de multilocus (MLST) con 5 loci polimórficos: URA5, LAC1, ACT1, CAP59 y PLB1. La pareja sexual se determinó por PCR. El subtipo VGIIa se encontró en Colombia, Brasil, Venezuela, Argentina, Estados Unidos, Tailandia y Grecia, circulando en Colombia y Brasil con anterioridad al brote. El subtipo VGIIb agrupó algunos aislamientos de Vancouver con la mayoría de los australianos. El MLST confirmó la relación entre los aislamientos de Colombia y Brasil con los de Vancouver. Los aislamientos del brote fueron pareja sexual, mientras que la mayoría de los colombianos fueron pareja sexual a. La recuperación de aislamientos pertenecientes al patrón VGIIa desde 1986 en Suramérica sugiere que este genotipo ha podido estar presente por un tiempo prolongado en las Américas y puede no deberse a un evento de recombinación entre un aislamiento de la pareja sexual opuesta y un genotipo menos virulento introducido a Norteamérica desde Australia, como fue propuesto recientemente. Los resul-

tados sugieren que el patrón VGII pudo originarse en América Latina, dispersarse en el ambiente e introducirse en Vancouver. Debido a que Vancouver no es el nicho ambiental usual de *C. gattii*, éste ha podido cambiar su patrón de expresión, generando más propágulos infectantes, aumentando la diseminación ambiental de blastoconidias y desencadenando el brote en Vancouver.

P54. Colonización por *Candida* spp. en la unidad de neonatología del Hospital Universitario de San Ignacio.

Orozco PA, Rondón M, Parra CM, Cortés JA
 Pontificia Universidad Javeriana.

La gran mayoría de las infecciones fúngicas hospitalarias son causadas por levaduras, especialmente, las producidas por *Candida* spp. y la candidemia es la forma de infección hospitalaria más frecuente en el medio; es importante resaltar que son los neonatos de las unidades de cuidado intensivo e intermedio. Se seleccionaron pacientes de alto riesgo (prematuros, bajo peso al nacer, con nutrición parenteral, catéter intravenoso y antibioterapia). En neonatos se tomaron cinco muestras de conjuntiva, nariz, boca, ingle y recto, con una torunda estéril, y se sembraron directamente en las cajas de Petri con Sabouraud más cloranfenicol (100 mg/l). Las muestras del personal se tomaron con una bolsa ziploc que contenía 100 ml de NaCl 0,85% más cloranfenicol (50 mg/l); posteriormente, las levaduras se identificaron por Chromagar y Microscan. Se aislaron 38 levaduras en las muestras de 19 neonatos, que correspondieron a *Candida albicans* (50%), *Candida no albicans* (42%) y *Candida krusei* (8%). En las muestras del personal se aislaron 17 levaduras entre los diferentes grupos estudiados (médicos, jefes de enfermería, estudiantes de medicina de IX semestre y auxiliares); hubo mayor prevalencia entre las jefes de enfermería y auxiliares que en el resto del personal. Las especies aisladas fueron *Candida no albicans* (58%), *Candida albicans* (17,64%), *Candida krusei* (17,64%) y *Rhodotorula* spp. (5,8%). Se encontró una diferencia significativa en la estancia en la unidad de cuidados intensivos previa al aislamiento en los pacientes colonizados. La colonización parece depender de factores propios del hospedero, el peso, la edad gestacional y el tiempo de estancia en la unidad. Las manos pueden ser un medio de transmisión horizontal de *Candida* spp. y otras levaduras del personal de salud a los pacientes. Se recomienda el lavado de manos en la unidad y tomar medidas de control de infecciones en pacientes con mayores riesgos, para la prevención y el control de la transmisión cruzada de estos patógenos.

P56. Producción y purificación de anticuerpos monoclonales contra taquizoitos de *Toxoplasma gondii*.

Machado NP¹, Castaño JC²
¹Universidad de Sucre; ²Universidad del Quindío.

La toxoplasmosis es una infección parasitaria del hombre y de diversas especies de mamíferos y de aves, producida por un protozoo coccidio, *Toxoplasma gondii*. En humanos, cuando la infección por el parásito es adquirida por primera vez durante el embarazo, puede causar infección fetal grave y en pacientes inmunosuprimidos es una de las principales causas de muerte. Debido al creciente interés que existe en dilucidar el papel de la variedad de proteínas existentes en la superficie de muchos parásitos, los anticuerpos monoclonales se han utilizado para investigar el papel de la citotoxicidad dependiente de anticuerpos para el control de las infecciones por estos agentes y, además, dilucidar la importancia de estas proteínas en la invasión y proliferación celular. Por esta razón, se propuso implementar una metodología que permitiera la producción y purificación de anticuerpos monoclonales de ratón mediante la tecnología de fusión celular contra la proteína P30 de *T. gondii*, para utilizarse como herramienta diagnóstica y de estudios básicos encaminados a establecer la capacidad inmunogénica de esta proteína y, también, la importancia en la invasión intracelular por el parásito. En el presente trabajo se reporta la obtención de 10 hibridomas, los cuales fueron seleccionados con base en su actividad, realizadas en inmunoensayos contra antígeno total soluble y una proteína sintética, la P30 de *T. gondii*. Tres hibridomas productores estables de anticuerpos monoclonales reconocieron tres oligopéptidos sintéticos de la proteína P30 de *T. gondii* y siete hibridomas que reconocen una proteína de tipo tripsina que tiene actividad serina proteasa de 46 kd purificada a partir de antígeno total soluble de taquizoitos de *T. gondii*. Mediante la inmunización de ratones Balb/c con antígeno formalizado del parásito, se obtuvo anticuerpos monoclonales estables que reconocieron el blanco de interés.

P57. Análisis de secuencias ITS2 de un vector importante de malaria en Colombia, *Anopheles albimanus*.

Cienfuegos AV¹, Correa MM¹, Luckhart S²
¹Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Bacteriología, Uni

versidad de Antioquia; ²Department of Medical Microbiology and Immunology, University of California-Davis.

La malaria es causada por parásitos del género *Plasmodium* y el vector biológico es el mosquito *Anopheles*. Se conoce que no todas las especies de *Anopheles* transmiten el parásito y que no siempre es posible diferenciarlas por caracteres morfo-lógicos. La identificación adecuada de las especies anofelinas es importante para diseñar estrategias que permitan el control del vector y, por tanto, disminuir la transmisión de la enfermedad. En la actualidad, la implementación de técnicas moleculares y la disponibilidad de secuencias del espaciador interno transcrito (ITS) del ADN ribosómico, han permitido el desarrollo de nuevas estrategias para la identificación de especies y el análisis genético de poblaciones. En Colombia, son pocos los estudios que se conocen sobre la caracterización de secuencias ITS2 en *Anopheles* y ninguno de ellos había sido enfocado en *A. albimanus*. De ello, se deduce la importancia de caracterizar estas secuencias en vectores de importancia médica en Colombia. En este trabajo se amplificaron y clonaron secuencias de ITS2 de *A. albimanus*. Se realizó transformación y se extrajeron los plásmidos, que fueron enviados para la obtención de la secuencia en ambos sentidos. El análisis de las secuencias se hizo utilizando los programas Bioedit, MultiAlign, T-Coffee, ClustalW y FREQSQ. Además, se confirmó la especie por PCR-RFLP. La longitud del espaciador en todos los individuos analizados fue de 379 bp. Con respecto a la secuencia reportada en GenBank U92323, se encontró un indel y una transversión. Además, se encontraron tres transiciones (T→C, G→A, y C→T) en las secuencias. El contenido G+C del espaciador ITS2 de *A. albimanus* fue de 57%, similar a lo reportado para otras especies de *Anopheles* (50% a 66%). El promedio de la frecuencia de nucleótidos fue de A = 0,24, C = 0,287, G = 0,287, T = 0,184. La PCR-RFLP, previamente estandarizada en el laboratorio para confirmar molecularmente especies de *Anopheles*, mostró el patrón característico de *A. albimanus*. Los estudios en curso de las secuencias de éste y otros importantes vectores de malaria, con la utilización de herramientas bioinformáticas para adelantar análisis de predicción y de resultados, permitirán el desarrollo de nuevas estrategias para la identificación molecular de especies anofelinas y el estudio de genética de poblaciones en Colombia.

P58. Registro de triatominos en Mocoa, Putumayo.

Vásquez LR¹, Molina JA², Jaramillo E¹
¹Universidad del Cauca; ²Universidad de Vienna.

Introducción. La enfermedad de Chagas es una para-sitosis causada por *Trypanosoma cruzi* y es transmitida por triatominos hematófagos de la familia Reduviidae. En Colombia, se han descrito hasta el momento 24 especies, 15 de ellas con infecciones naturales. En Mocoa, Putumayo, no se tienen registros de la presencia de triatominos. **Objetivos.** Hacer la descripción taxonómica de tres triatominos recolectados en Mocoa, Putumayo, durante 2005 y 2006. **Metodología.** Utilizando la clave de las claves dicotómicas de Lent y Wygodzinsky (1979), se hizo la descripción taxonómica de tres triatominos capturados en el área urbana y rural de Mocoa. **Resultados.** Se determinaron taxonómicamente dos ejemplares de *Panstrongylus geniculatus* recolectados en el intradomicilio y el peridomicilio a nivel urbano y un ejemplar de *Rhodnius prolixus* en el intradomicilio en la zona rural. Por encontrarse muy secos los triatominos, no se investigó la presencia de tripanosomátidos. **Conclusiones.** Es necesaria la actualización de los triatominos en las diferentes regiones de Colombia, como en el Putumayo, articulada con un sistema de vigilancia de la enfermedad de Chagas.

P59. Obtención de un anticuerpo monoclonal contra la forma larvaria de *Taenia solium* (cisticercos): resultados preliminares.

Téllez GA¹, Castaño JC¹, Machado NP²
¹Universidad del Quindío; ²Universidad de Sucre

La cisticercosis es una de las parasitosis más frecuentes que afectan el sistema nervioso central y es una de las principales causas de convulsiones de aparición tardía (población mayor de 10 años) en las zonas endémicas para *Taenia solium*. Es una entidad de difícil diagnóstico clínico, ya que tiene una sintomatología variada e inespecífica y requiere un alto índice de sospecha. **Objetivo.** Producir un anticuerpo monoclonal de ratón contra la forma larvaria de *T. solium*. **Metodología.** Se inmunizaron por vía intraperitoneal cuatro ratones hembras BALB/C de 20 g con un lisado de la forma larvaria *T. solium* mezclado con adyuvante completo de Freund, en dos ocasiones semanalmente, luego con una mezcla de adyuvante incompleto de Freund y el lisado proteico a una concentración de 1,35 mg/ml en dos ocasiones y, finalmente, una serie de cuatro refuerzos diarios por vía endovenosa con el lisado diluido en solución salina normal. Se hizo el seguimiento de la respuesta inmune serológica anti-IgG específica induci-

da por la inmunización mediante ELISA indirecto contra cisticercos y se seleccionó el ratón con mejores títulos de anticuerpos, el cual posteriormente se sacrificó para la extracción de las células de bazo con las cuales por medio de la técnica de fusión celular utilizando PEG-centrifugación para generar hibridomas mieloma de ratón SP2/0-Ag14 y las células de bazo productoras de anticuerpo generando distintas líneas celulares inmortalizadas con la capacidad de producir un anticuerpo específico contra algún antígeno del lisado **Resultados preliminares.** Hasta la fecha reportamos la generación, por lo menos, de ocho líneas celulares de hibridoma que presentan reactividad al lisado de cisticercos. La generación y la caracterización de una línea celular capaz de producir un anticuerpo monoclonal específico contra el cisticercos es un primer paso para la generación de pruebas con fines diagnósticos, como pruebas serológicas y diagnóstico por marcación con radioisótopos, y, también, la posibilidad para la generación de productos terapéuticos como anticuerpos monoclonales humanizados contra el cisticercos.

Tuberculosis y zoonosis

P39. *Listeria monocytogenes*, un enemigo latente.

Mosos R¹, Jaramillo A², Estrada S²
¹Laboratorio Departamental de Salud Pública de Antioquia; ²Laboratorio Clínico Congregación Mariana.

Introducción. *Listeria monocytogenes* es una bacteria de amplia distribución en la naturaleza. La enfermedad en humanos se asocia al consumo de alimentos contaminados. **Objetivo.** Determinar la presencia de *L. monocytogenes* en diferentes alimentos para el consumo humano. **Materiales y método.** Se trata de un estudio descriptivo, en el cual se procesaron diferentes muestras de alimentos tomadas en fábricas del departamento de Antioquia y otras de viviendas relacionadas con intoxicaciones alimentarias. Las muestras se tomaron en los lugares previamente seleccionados y se procesaron siguiendo el protocolo para la búsqueda e identificación de *L. monocytogenes* que tiene implementado el Laboratorio Departamental de Salud Pública de Antioquia. **Resultados.** En el periodo comprendido entre enero de 1998 y diciembre de 2005, se recolectaron y procesaron 2.042 muestras de alimentos; en 319 (16,41%) se detectó *L. monocytogenes* y el resto fueron negativas para esta bacteria. En la tabla se muestra el mayor número de muestras estudiadas y su porcentaje de positividad. Otras muestras positivas fueron albondiégón, caujada y pastel de carne, de las cuales se estudiaron muy pocas muestras.

Tabla. Identificación de *L. monocytogenes* en diferentes muestras de alimentos.

Muestra	Cantidad	Positivas	Porcentaje
Quesitos	1.300	288	22,15
Jamón	52	4	7,69
Mortadela	132	7	5,30
Salchicha	79	4	5,06
Morcilla	109	5	4,59
Quesos	174	6	3,45
Salchichón	79	1	1,27
Total	1.925	315	16,36

Conclusiones. Se encontró *L. monocytogenes* en una gran variedad de alimentos, con predominio en quesitos, jamón y mortadela. Teniendo en cuenta estos resultados, se sugiere legislar para proteger de una infección grave por *L. monocytogenes* a los pacientes inmunosuprimidos y a las embarazadas que se convierten en blanco para el tipo de enfermedad causada por esta bacteria.

P40. Prevalencia de toxoplasmosis porcina en diez mataderos municipales del departamento del Cauca, 2004.

Campo VH¹, Velasco O², Parra J², Vásquez LR¹, Montoya MT³, Gómez JE³
¹Universidad del Cauca; ²Universidad Antonio Nariño, Popayán; ³Universidad del Quindío.

Introducción. La toxoplasmosis es una parasitosis zoonótica causada por *Toxoplasma gondii*, considerada como un problema de salud pública a nivel mundial. En Colombia se han realizado algunos estudios. Sin embargo, en el departamento del Cauca no conocemos su epidemiología en la población porcina. **Objetivos.** Realizamos un estudio seroepidemiológico para determinar la prevalencia de toxoplasmosis porcina en diez mataderos municipales del departamento del Cauca. **Metodología.** Se realizó un estudio

descriptivo en el 2004 de cerdos sacrificados en los mataderos municipales de Santander de Quilichao, Mondomo, El Tambo, Popayán, Totoró, Piendamó, El Bordo, Rosas, Silvia y Mercaderes. Se utilizó la técnica de IFI para determinar los anticuerpos anti-*Toxoplasma* en las muestras de suero recolectadas y se acompañó de una encuesta estructurada para los probables factores de riesgo. **Resultados.** De 305 cerdos examinados, 60 (19,7%) resultaron positivos; no se presentaron asociaciones entre las variables evaluadas y las muestras de sueros que resultaron positivas a anticuerpos anti-*Toxoplasma*. Al realizar un supuesto a nivel anual, si se realizara el decomiso de los animales positivos a un año en las diez centrales de sacrificio estudiadas, se hubieran registrado pérdidas económicas de \$ 57'600.000 para el año 2004. **Conclusiones.** La prevalencia hallada en el estudio nos permite reconocer que la toxoplasmosis es una parasitosis subvalorada en nuestro medio y, más aún, en las centrales de sacrificio. Es necesario ampliar este tipo de investigaciones epidemiológicas a otros municipios. Sería de gran utilidad en las centrales de beneficio utilizar técnicas serológicas en la búsqueda de cerdos con toxoplasmosis y su posible vigilancia.

P41. Prevalencia de leptospirosis porcina en diez mataderos municipales del departamento del Cauca.

Campo VH¹, Garcés CJ², Escobar E², Vásquez LR¹, Agudelo P³
¹Universidad del Cauca; ²Universidad Antonio Nariño, Popayán;
³Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Instituto de Ciencias de la Salud, Medellín.

Introducción. La leptospirosis es una zoonosis de importancia en salud pública. Infecta una gran variedad de hospederos, inclusive humanos, bovinos y porcinos. Es producida por espiroquetas del género *Leptospira*. Las variedades serológicas de esta bacteria que afectan al cerdo incluyen *L. interrogans* de las serovariedades *Pomona*, *Bratislava*, *Grippotyphosa*, *Canicola*, *Tarassovi* e *Icterohaemorrhagiae*. En Colombia, se han realizado variados estudios; sin embargo, en el departamento del Cauca no conocemos su epidemiología en la población porcina. **Objetivos.** Realizamos un estudio seroepidemiológico para determinar la prevalencia de leptospirosis porcina en diez mataderos municipales del departamento del Cauca. **Metodología.** Se realizó un estudio descriptivo en el 2004 de cerdos sacrificados en los mataderos municipales de Santander de Quilichao, Mondomo, El Tambo, Popayán, Totoró, Piendamó, El Bordo, Rosas, Silvia y Mercaderes. Se utilizó la técnica de aglutinación microscópica (MAT) con 6 serovariedades para determinar anticuerpos anti-*Leptospira* en las muestras de suero recolectadas y se acompañó de una encuesta estructurada para los probables factores de riesgo. **Resultados.** De 307 sueros examinados, 85 (27,7%) resultaron positivos; no se presentaron asociaciones entre las variables evaluadas y la seropositividad para anticuerpos anti-*Leptospira*. **Conclusiones.** La prevalencia hallada en el estudio nos permite reconocer que la leptospirosis es una infección con subregistro en nuestro medio y, más aún, en las centrales de sacrificio. Es necesario ampliar este tipo de investigaciones epidemiológicas a otros municipios para determinar las medidas de control correspondientes a la zona de estudio para evitar el riesgo en humanos.

P42. Parásitos intestinales en caninos domiciliados en Bogotá, D. C., y su importancia en salud pública.

Fernández J¹, Bernal C¹, Giraldo J¹, Vargas J²
¹Universidad INCCA de Colombia; ²Universidad Nacional de Colombia.

Objetivo. Determinar la frecuencia de parásitos gastrointestinales en caninos domiciliados en el barrio Quinta Paredes de la localidad de Teusaquillo en Bogotá. **Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio observacional prospectivo; se estudiaron 199 caninos que ingresaron por consulta a una institución prestadora de servicios veterinarios, durante el primer semestre de 2005. Previo consentimiento informado de los propietarios y teniendo en cuenta los principios éticos de investigación con animales, a cada canino se le elaboró una ficha epidemiológica y un examen general, y se recolectó una muestra de heces, las cuales se analizaron con la técnica de concentración y sedimentación de Ritchie-Frick. **Resultados y discusión.** La población estuvo conformada por caninos de raza French Poodle (39,5%), Schnauzer (15,7%) y otras (44,8%), con una media de edad de 4,2 años, el 52,5% hembras, con historia de tratamiento antiparasitario en el 96,5% de las mascotas. El 9,5% fueron positivas a huevos, quistes o larvas de parásitos. Se evidenció la presencia de huevos de Ancylostomatidae en el 2,5%, *Toxocara canis* (2%), *Uncinaria* spp. (1%), huevos o proglótidos de *Dipylidium caninum* (1,5%) y quistes de *Giardia* spp. en el 2,5% de las muestras analizadas. La frecuencia encontrada de mascotas parasitadas fue menor a las prevalencias reportadas en Colombia del 37% y del 76%, lo cual puede explicarse por las condiciones de salud de los caninos, en la zona de

estudio. **Conclusiones.** Los resultados obtenidos revelan la presencia, en caninos domiciliados y bajo control médico veterinario, de helmintos y protozoarios de interés en salud pública, lo cual hace necesario que los profesionales en la consulta diaria particular realicen un programa de educación sanitaria dirigido a los propietarios de las mascotas, con el propósito de prevenir y controlar su potencial de transmisión zoonótica.

P43. Evaluación del cumplimiento de lavado de manos del personal de salud en el servicio de urgencias de un hospital de tercer nivel.

Solano MF¹, Osorio L², Álvarez CA^{2,3}
¹Universidad de La Sabana; ²Hospital Simón Bolívar; ³Universidad Nacional.

Objetivo. Determinar el cumplimiento del lavado de manos en el personal de salud del servicio de urgencias de un hospital de tercer nivel de Bogotá, después de la introducción del alcohol glicerinado. **Materiales y métodos.** Durante 4 semanas (tres horas diarias) se realizó un estudio prospectivo observacional en cada uno de los turnos laborales de mañana, tarde y noche. Mediante la escala de Fulkerson, se evaluó la necesidad o no de lavado de manos de acuerdo con el tipo de contacto con el paciente. Además, se tuvieron en cuenta la profesión, el tiempo de duración y la calidad de la técnica. **Resultados.** Se observaron 235 contactos, entre los cuales el 21% correspondió al personal médico y el 79% correspondió a otro personal de salud. Se encontraron diferencias entre médicos y profesionales de enfermería con respecto a la oportunidad (8% Vs. 26%, $p < 0,02$); no hubo diferencias con auxiliares de enfermería (14%). El turno en el que más hubo lavado de manos fue el de la mañana, con 22%, frente al turno de la noche cuyo lavado fue del 8%. El tiempo del lavado entre el inicial y el final varió en la duración: fue mayor en el lavado inicial, con una duración de 1 a 2 minutos (65%) que en el final, con una duración menor de 1 minuto (64%). Solo 3 (8%) personas usaron el alcohol glicerinado, frente a 34 (92%) que realizaron su lavado con clorhexidina. **Conclusiones.** A pesar de que se han realizado diferentes estrategias para mejorar el cumplimiento del lavado de manos, no se ha logrado un cambio de actitud frente a éste, por lo que se deben realizar nuevas intervenciones que involucren cambios de comportamiento. El alcohol glicerinado es una excelente herramienta para la higiene de manos, pero es necesario hacer que el personal de salud tome conciencia de la importancia de su uso.

P63. Epidemiología de la transmisión de tuberculosis: marcadores de infección en una cohorte de convivientes, Medellín, 2005-2006: resultados preliminares.

Rojas CA, del Corral H, Montes C, López L, Henao H, Martínez T, Marín N, Ramírez ME, Arbeláez MP, García LF
 Universidad de Antioquia.

Introducción. Una de las estrategias fundamentales para el control de la tuberculosis es la detección temprana de casos en grupos de alto riesgo, como los convivientes de pacientes bacilíferos. La metodología actualmente en uso para el estudio de convivientes, se limita a la identificación y el estudio de los síntomas respiratorios, pero no cuenta con herramientas diagnósticas que permitan identificar de forma específica la presencia de infección latente y definir el riesgo de desarrollar la enfermedad. **Objetivo.** Determinar en una cohorte de convivientes de pacientes bacilíferos si los niveles de producción de interferón gamma en respuesta a los antígenos ESAT-6 y CFP-10, y el tipo de muerte celular que presenten los monocitos, tiene valor pronóstico para el desarrollo de tuberculosis activa en individuos con tuberculosis latente. **Métodos.** Se está conformando una cohorte de 2.000 convivientes de pacientes bacilíferos con diagnóstico reciente de tuberculosis pulmonar. En aquellos convivientes que han aceptado participar, se está realizando un estudio inmuno-epidemiológico. Mediante el uso de métodos moleculares, se confirmará si los casos secundarios son debidos a la misma cepa de *Mycobacterium tuberculosis* de los casos índices. Los participantes se están siguiendo mediante llamadas telefónicas y visitas domiciliarias que se extenderán durante un periodo de dos años. **Resultados.** Después de 10 meses de estudio, han ingresado 226 pacientes y 955 convivientes. La mayoría de los participantes habita en los sectores más pobres y marginados de la ciudad. La prevalencia de infección entre los convivientes es cercana al 70% y se han presentado 8 casos secundarios de tuberculosis (tasa de 837 por 100.000), en su mayoría hombres y menores de edad. **Conclusiones.** La prevalencia de infección entre los convivientes y la incidencia de casos secundarios superan las estimaciones iniciales. La visita a las viviendas de los pacientes ha permitido evidenciar la problemática tan compleja en que se da la transmisión de tuberculosis en Medellín.

P64. Demostración de dos casos de micobacteriosis después de mesoterapia.

Berrio JJ, Cuervo LI, Durango CJ, Coronado SM, Arenas NE, León CI, Guerrero MI, Gómez A
Universidad del Quindío.

Introducción. Las infecciones cutáneas micobacterianas generalmente son causadas por micobacterias ambientales. Estas infecciones ocurren a menudo como complicaciones posteriores a heridas quirúrgicas, inoculaciones posttraumáticas y por inyecciones de vacunas o sustancias contaminadas. **Objetivo.** Identificar el agente causal de las lesiones presentes en dos pacientes a quienes se les practicó mesoterapia en un centro de estética. **Metodología.** Se tomaron muestras de las lesiones en abdomen, glúteos y muslos a los dos pacientes con infección cutánea. A cada muestra se le realizó coloración de Ziehl-Neelsen y Gram, decontaminación con NaOH al 4% y se cultivó por triplicado en medio sólido de Ogawa-Kudoh. Cuando se observó crecimiento, se realizó identificación fenotípica por pruebas bioquímicas e identificación genotípica por PCR-PR. Además, se obtuvieron muestras de los grifos y del agua del centro de estética, las cuales se centrifugaron y al precipitado se le realizó el mismo procedimiento de las muestras clínicas. **Resultados.** En la coloración de Ziehl-Neelsen, se detectaron abundantes bacilos ácido-alcohol resistentes (BAAR). Los cultivos de las muestras clínicas de los dos pacientes que fueron positivos para BAAR, se identificaron fenotípicamente como *Mycobacterium chelonae* y genotípicamente como *M. chelonae*-1, mientras que en las muestras de agua de los grifos se identificó fenotípicamente la presencia de *Mycobacterium peregrinum* y genotípicamente se determinó también la presencia de *M. chelonae*-1. **Conclusiones.** La presencia de micobacterias no tuberculosas en el agua potable se explica porque las mismas son resistentes a la cloración. La identificación a nivel de especie es muy importante y necesaria, ya que los infectados por micobacterias deben pasar por tratamientos difíciles, prolongados y costosos que incluyen el drenaje de abscesos, incluso con extirpación de nódulos y terapia con antibióticos que no son igualmente efectivos para todas las especies de micobacterias. Estos dos casos de micobacteriosis demuestran lo importante que es el control de la esterilidad y las buenas prácticas de manejo de sustancias y elementos para uso parenteral.

P65. Manifestaciones clínico-radiográficas de pacientes sintomáticos respiratorios y con tuberculosis pulmonar.

Builes N¹, Hernández J¹, Montúfar F², Robledo J³
¹Corporación para Investigaciones Biológicas; ² Enfermedades Infecciosas, Universidad de Antioquia; ³Sección Micobacterias, Corporación para Investigaciones Biológicas.

Introducción. El objetivo del estudio fue conocer cuál es la variabilidad de los hallazgos radiográficos en un grupo de pacientes con tuberculosis pulmonar, comparado con un grupo de pacientes sintomáticos respiratorios, sin enfermedad tuberculosa activa, y la asociación de estos hallazgos con la presentación clínica de la enfermedad. **Materiales y métodos.** Se han incluido en el estudio pacientes que asisten a cuatro diferentes centros de atención médica de Medellín entre el 1º de abril de 2005 y el 31 de marzo de 2006. Los criterios de inclusión fueron: pacientes mayores de 18 años que hubieran presentado los durante más de 15 días asociada a otro síntoma como fiebre, malestar general, hemoptisis, pérdida de peso, pérdida de apetito o sudoración nocturna. A cada paciente se le tomaron dos exámenes directos de esputo y, como prueba de oro, cada muestra se cultivó en medio sólido, Lowenstein Jensen, y medio líquido, 7H9 MGIT. A todos los pacientes se les tomó radiografía de tórax, postero-anterior y lateral, la cual fue leída por un médico radiólogo. **Resultados.** En los resultados preliminares, hasta el día 14 de febrero, se han incluido 96 pacientes con tuberculosis pulmonar y 121 pacientes sintomáticos respiratorios. El criterio diagnóstico fue el microbiológico. Los hallazgos radiográficos frecuentemente encontrados en los pacientes positivos son: infiltrados intersticiales (43%), cavernas (15%), infiltrados alveolares (10%), derrame pleural (3%), fibrosis (3%) y atelectasias (2%); en los pacientes negativos fueron: infiltrado intersticial (40%), fibrosis (24%), derrame pleural (8%), infiltrado alveolar (4%), atelectasias (4%) y cavernas (0,83%). Cerca del 20% de los pacientes con tuberculosis pulmonar presentaron radiografía normal. **Conclusión.** Aunque los resultados obtenidos son preliminares, podemos concluir que el hallazgo más frecuente, tanto en los pacientes positivos como en los negativos, son los infiltrados intersticiales. Las diferencias más importantes son la presencia de lesiones cavernosas que aunque sólo se presentan en 15% de pacientes positivos, tienen una alta sensibilidad para el diagnóstico de tuberculosis pulmonar. Igualmente, el alto porcentaje (8%) de hallazgos pleurales en pacientes negativos sugiere una posibilidad de diagnóstico de patología pleural y deberían ser investigados para tuberculosis pleural.

P66. Evaluación de un sistema automatizado de hemocultivo para micobacterias, Hospital Universitario San Vicente de Paúl, Medellín, 2004-2006.

Ospina S¹, Franco L¹, Durango G¹, Ochoa J¹, Fuentes C², Gómez C², Gómez J²
¹Hospital Universitario San Vicente de Paúl; ² Universidad de Antioquia.

Objetivo. Evaluar el hemocultivo para micobacterias en un sistema automatizado en términos de proporción de positividad, tiempo, características de los pacientes, y relación con el cultivo tradicional, en pacientes inmunosuprimidos atendidos en el Hospital Universitario San Vicente de Paúl (HUSVP) de Medellín, en el periodo comprendido entre junio de 2004 y junio de 2006, con el fin de generar nuevo conocimiento para el diagnóstico de esta enfermedad. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo prospectivo transversal, en el cual se incluyeron pacientes atendidos en el HUSVP de Medellín, durante el periodo comprendido entre enero y agosto de 2004, a quienes se les ordenó hemocultivo para micobacterias. La muestra fue no probabilística y su tamaño se definió en función de costos y tiempo para el estudio, con un número que permitiera un adecuado análisis estadístico. Se excluyeron aquellos pacientes a quienes no se les pudo hacer un seguimiento completo del hemocultivo. Para el estudio de la infección por micobacterias se utilizaron, además del hemocultivo, los métodos tradicionales tales como la baciloscopia, el cultivo en medio de Ogawa-Kudoh y la adenosin-deaminasa (ADA) en líquido cefalorraquídeo. Para el análisis de la información se utilizaron medidas de la estadística descriptiva tales como la media, los valores mínimos y máximos, las proporciones y las distribuciones de frecuencias absolutas y relativas de cada una de las categorías de las variables. Para efectos de las comparaciones de las variables cuantitativas se utilizó la diferencia de medias con su correspondiente valor de p, considerándose la diferencia como estadísticamente significativa si $p < 0,05$. **Resultados.** En este informe preliminar se presentan los resultados de 31 pacientes. Las edades estuvieron entre 6 meses y 57 años, con una edad promedio de 33 años; el 51,6% (16) de la población estaba en el rango de edad de 21 a 40 años. El 54,8% (17) de los pacientes era del sexo masculino y el 83,9% (26) tenía como enfermedad de base la infección por VIH; el resto tenía otro tipo de inmunodeficiencia. En todos los pacientes estudiados se evaluaron varias pruebas de laboratorio que sirvieron de base para la comparación con el hemocultivo para micobacterias como prueba de estudio en la presente investigación; se obtuvieron los siguientes resultados. El 22,6% (7) de los pacientes tuvo baciloscopia positiva en alguna muestra, la cual varió entre + y ++++. El 29% (9) de los pacientes tuvo cultivo positivo en alguna muestra diferente al hemocultivo, con un tiempo promedio de 44 días (rango: 28 a 60); los demás cultivos se descartaron como negativos a los 60 días de incubación. De los 30 pacientes a los que se les tomó radiografía de tórax, 19,4% (6) tuvo hallazgos no concluyentes de tuberculosis; 25,8% (8) tuvo resultados compatibles con la enfermedad; 25,8% (8) presentó imágenes no compatibles con la misma, y 25,8% (8) tuvo radiografía de tórax normal. En la prueba de ADA se obtuvieron resultados que están en un rango entre 0,5 y 60. Tomando como valor de referencia un resultado superior a 9, se encontraron tres pacientes con ADA positivo, con un promedio de 27,7 U/dl (rango: 9,1 a 60) y a 12 pacientes no se les realizó esta prueba. La muestra utilizada para el hemocultivo fue sangre en 93,5% (29) de los casos y médula ósea en 6,5% (2). De dos pacientes se obtuvieron simultáneamente los dos tipos de muestras. El 12,9% (4) de los pacientes tuvieron hemocultivo positivo para micobacterias, en un tiempo promedio de 22 días (rango: 13 a 29); en los demás casos, los hemocultivos se descartaron como negativos a los 42 días de incubación. En dos de estos pacientes el hemocultivo fue la única prueba positiva para tuberculosis. En dos pacientes infectados por VIH, el hemocultivo fue positivo para hongos, uno para *Cryptococcus neoformans* y otro para *Histoplasma capsulatum*. En ambos casos el mismo hongo fue identificado en otro tipo de muestras. **Conclusiones.** En este estudio se encontró una prevalencia de tuberculosis del 29%, lo cual está de acuerdo con lo descrito en la literatura, según lo cual, aproximadamente, una cuarta parte de los pacientes infectados por el VIH desarrollan tuberculosis. Las radiografías de tórax son de utilidad limitada en este tipo de pacientes, como se pudo observar en este estudio con la multiplicidad de patrones encontrada y la falta de concordancia al tener pacientes con tuberculosis y con radiografías normales, y pacientes sin tuberculosis pero con imágenes radiológicas compatibles. De igual manera, la adenosin-deaminasa no aportó de una manera importante al diagnóstico y la literatura no es concluyente en este sentido. El hemocultivo para micobacterias fue positivo en cuatro pacientes, dos de ellos negativos en otro tipo de muestras y con radiografía no concluyente o normal, lo que lo convirtió en el único medio diagnóstico; así que, de no haberse realizado, el diagnóstico probablemente no se habría hecho. La positividad general del hemocultivo para micobacterias fue del 15%, lo cual puede considerarse un rendimiento

muy adecuado para este tipo de método diagnóstico. Aunque hay una diferencia significativa entre el tiempo de los hemocultivos positivos frente al cultivo tradicional, debe tenerse en cuenta que a partir del hemocultivo se debe hacer el repique en el medio tradicional; sin embargo, ante un resultado negativo de la baciloscopia, este sistema sería de gran utilidad para definir el tratamiento del paciente con mayor oportunidad. En dos pacientes negativos para tuberculosis, el hemocultivo fue positivo para hongos, lo cual plantea la posibilidad de que también sea un método útil para estudiar un paciente con sospecha de diseminación hematogena de un hongo oportunista. El sistema automatizado de hemocultivo para micobacterias promete ser un método complementario muy útil en situaciones específicas de pacientes inmunosuprimidos con sospecha diagnóstica de diseminación hematogena de una micobacteria o de un hongo.

P62. Utilidad del método automatizado MGIT 960 para el diagnóstico de tuberculosis extrapulmonar.

Restrepo A¹, Barón P¹, Guzmán A¹, Zapata E¹, Realpe T¹, Mejía G^{1,2}, Robledo J^{1,2}
¹Corporación para Investigaciones Biológicas; ²Escuela de Ciencias de la Salud, Universidad Pontificia Bolivariana, Medellín.

El diagnóstico de tuberculosis extrapulmonar presenta un grado de dificultad mayor para el clínico debido al escaso número de bacilos presentes en las muestras, el difícil acceso a los sitios de infección y la falta de métodos rápidos y sensibles para su diagnóstico. **Objetivo.** Evaluar la utilidad del sistema automatizado Bactec-MGIT 960 (tubo indicador de crecimiento de micobacterias) para el diagnóstico de infecciones extrapulmonares producidas por micobacterias, en comparación con el método tradicional de Lowestein-Jensen. **Materiales y métodos.** Se analizaron 3.231 muestras extrapulmonares procesadas entre mayo de 2001 y agosto de 2005. Las muestras fueron: biopsias, 962 (29,7%); líquido cefalorraquídeo, 788 (20%); líquido pleural, 599 (18,5%); jugo gástrico, 520 (16%), y 362 (15,8%), otros especímenes. Las muestras fueron inoculadas tanto en Lowestein-Jensen como en el MGIT. Se calcularon los valores de sensibilidad, especificidad, valor pronóstico positivo, valor pronóstico negativo, porcentaje de contaminación y promedio de crecimiento en días. **Resultados y discusión.** De los 3.231 muestras extrapulmonares analizadas, 190 (5,88%) fueron positivas por Lowestein-Jensen y 252 (7,8%) positivas por MGIT. El porcentaje de contaminación para el Lowestein-Jensen fue de 2,19% y para el MGIT de 6,3%. El porcentaje de recuperación de micobacterias no tuberculosas por Lowestein-Jensen fue de 0,5% y por MGIT de 1,7%. El promedio de positividad en días del Lowestein-Jensen para la detección de *Mycobacterium tuberculosis* fue de 26 en comparación con el MGIT, que fue de 9,9 días. La sensibilidad del método automatizado MGIT fue de 90,7%, la especificidad de 97%, el valor pronóstico positivo de 67,7%, y el valor pronóstico negativo de 99,3%. A pesar del alto porcentaje de contaminación para el método MGIT, la rapidez con la cual detecta el crecimiento de *M. tuberculosis* lo convierte en una herramienta útil para el diagnóstico temprano de tuberculosis extrapulmonar.

Microbiología

P9. Estudio comparativo por métodos in vitro de la actividad antibiótica de diferentes presentaciones comerciales de antibióticos de administración intravenosa.

Silva E, Díaz J, Meléndez P
 Universidad Nacional de Colombia.

En este trabajo se desarrollaron bioensayos para la valoración de ceftriaxona, cefotaxima, ceftazidima, ampicilina/sulbactam e imipenem/cilastatina. Se pudo establecer un único microorganismo (esporas de *Bacillus subtilis* ATCC 6633) para la ejecución del bioensayo. El rango de concentración que tiene la mejor correlación dosis-respuesta es propio de cada antibiótico, al igual que las condiciones del ensayo (pH de la solución de antibiótico, pH del medio de cultivo, tiempo de incubación). Con los bioensayos validados se hizo un estudio de comparación de muestras de productos innovadores, genéricos de marca y genéricos, que dio como resultado que presentan la misma actividad antibiótica *in vitro*, además de confirmar que son equivalentes farmacéuticos.

P10. Caracterización molecular de *Enterobacter cloacae* productor de beta-lactamasas de espectro extendido, tipo CTX-M en un hospital de Montería.

Espinal PA¹ Garza U², Reyna F², Martínez P³, Mátar S³, Silva J²
¹Universidad del Sinú, ²Instituto Nacional de Salud Pública, México; ³IIBT, Universidad de Córdoba.

Objetivo. Caracterizar microbiológica y molecularmente aislamientos clínicos de *Enterobacter cloacae* productores de beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE). **Metodología.** Se estudiaron 10 aislamientos clínicos de *E. cloacae*, recuperados en un hospital de Montería. La confirmación microbiológica se realizó con MicroScan combo Gram negativos; las pruebas de susceptibilidad se realizaron por difusión en disco y concentración inhibitoria mínima (CIM) por MicroScan. Se confirmó la producción de BLEE siguiendo los criterios de CSLI y estudios del Sentry. Los tipos de BLEE se caracterizaron por isoelectroenfoque, amplificación por PCR y análisis de secuencia de ADN. Se utilizó PFGE para la tipificación molecular. **Resultados.** Los aislamientos se recuperaron de la unidad de cuidados intensivos, pediatría, cirugía y medicina interna. Las fuentes más frecuentes fueron orina, secreción de herida y líquido abdominal. Los perfiles de susceptibilidad mostraron resistencia a gentamicina (7), amikacina (7), ciprofloxacina (9), trimetoprim-sulfametoxazol (7), piperacilina-tazobactam (9). Todos fueron resistentes a cefepime, aztreonam y ceftriaxona y sensibles a imipenem y meropenem. Los aislamientos presentaron hidrólisis mayor frente a cefotaxima que ceftazidima con CIM > 32 µg/ml. En relación con el origen clonal de los aislamientos, se identificó un clon idéntico con cinco aislamientos recuperados en diferentes servicios del hospital y con el mismo punto isoelectro (pI) de 8,8. Por PCR se confirmó la presencia del gen *blaCTX-M* relacionado con el pI obtenido. Otros dos aislamientos con pI de 7,6 fueron positivos para el gen *blaSHV*. **Conclusión.** Se confirma la diseminación de β-lactamasas de espectro extendido en otros miembros de Enterobacteriaceae como es el caso de *E. cloacae* productor de CTX-M y SHV en el presente estudio. Es importante contar con pruebas confirmatorias para detección de BLEE en *Enterobacter* spp. por ser uno de los agentes patógenos emergentes causantes de infección hospitalaria.

P11. *Enterococcus* spp. resistente a vancomicina en materia fecal de pollos y sus productos tipo carne en Bogotá, Colombia.

Panesso D, Rincón S, Reyes J, Díaz V, González F, León H, Manrique F, Vanegas N, Arias C
 Universidad El Bosque.

Objetivo. Detectar *Enterococcus* spp. resistente a vancomicina en materia fecal de pollos para consumo humano y sus productos tipo carne en puntos de distribución en Bogotá, Colombia. **Materiales y métodos.** Se tomaron hisopados de la cloaca de 50 pollos de engorde en el matadero de la avícola y se adquirieron 10 productos tipo carne en diferentes puntos de distribución de la misma avícola en Bogotá. Las muestras se enriquecieron en caldo tripticasa de soya con suplemento de vancomicina (6 µg/ml) seguido por inoculación en agar enterococoso con suplemento de diferentes concentraciones de vancomicina (32, 64 y 128 µg/ml). Los aislamientos obtenidos se identificaron mediante pruebas presuntivas, confirmados por PCR múltiple. Posteriormente, se determinaron las concentraciones inhibitorias mínimas por dilución en agar para vancomicina y teicoplanina bajo las recomendaciones de CLSI. Finalmente, se detectó la presencia de los genes *vanA* y *vanB* empleando PCR. **Resultados.** Se aisló *Enterococcus* spp. con altos niveles de resistencia a vancomicina (256 µg/ml) en el 8% (4/50) de las materias fecales de pollos. Se encontraron cuatro casos de colonización por *Enterococcus* spp. resistente a vancomicina que correspondieron a: *E. faecalis* vanB (tres pollos) y *E. faecium* vanA (un pollo). Por el contrario en contraste, no se aisló *Enterococcus* spp. resistentes a vancomicina en los productos evaluados tipo carne. **Conclusiones.** *Enterococcus* spp. resistente a vancomicina está presente en pollos de consumo humano. Su origen no es claro; podría estar relacionado con el uso de antibióticos en la industria avícola, específicamente, glicopéptidos.

P12. Detección de antibióticos en la leche de vaca en algunos municipios del departamento del Quindío, 2005.

Meza LA Castaño SM, Torres E, Castaño JC, Ramírez LA
 Universidad del Quindío.

El uso de antibióticos para el tratamiento de infecciones en las vacas genera riesgos para el consumidor humano de derivados lácteos, debido a la presencia de residuos de antibióticos, lo que provoca reacciones alérgicas, alteración de la flora intestinal, generación de bacterias antibiótico-resistentes y reducción de la síntesis de vitaminas. Por estas razones, nos propusimos determinar la presencia de antibióticos en leche de vaca de algunos municipios del Quindío. Se realizó un estudio transversal; recolectamos 70 muestras de leche de diferentes marcas comerciales en sus variadas presentaciones: líquida en caja y en bolsa; en polvo: entera, descremada, semidescremada y deslactosada; leche "cruda" distribuida en carros provenientes de los municipios de Armenia, Circasia, Montenegro y Quimbaya, y leche tomada directamente de la vaca durante el ordeño en los municipios de Circasia y Pijao. Las muestras de leches se analizaron con el estuche comercial cualitativo CMT Copan® Milk Test; es una prueba

microbiológica que determina residuos de antibióticos y sulfamidas. Las 70 muestras analizadas se distribuyeron de la siguiente manera: 12,8% correspondía a la leche líquida en bolsa; 28,57% a leche líquida en caja; 14,28% a leche en polvo; 8,57% a leche "cruda" distribuida en carros; y 35,71% a leche tomada directamente durante el ordeño. Se encontró que 2,85% de las muestras analizadas resultaron positivas y 7,14% parcialmente positivas. Este resultado se debe a que la concentración de los inhibidores es inferior a la del límite de detección del estuche. Las muestras de leche comercializadas en la presentación en polvo presentan residuos de antibióticos, a pesar de la existencia de medidas de control de calidad exigidas por las autoridades sanitarias en las plantas de procesamiento de lácteos.

P13. Sensibilidad del microorganismo cultivado al antibiótico seleccionado empíricamente en los pacientes hospitalizados en el Hospital Pablo Tobón Uribe entre junio de 1997 y diciembre de 2005.

López JA, Cuartas MC, Molina OL, Restrepo AC, Maya, CY, Jaramillo S, Donado JH, Zuleta JJ
Hospital Pablo Tobón Uribe.

La elección adecuada del tratamiento antibiótico inicial mejora el pronóstico de la infección, acorta la estancia hospitalaria y, en algunos casos, disminuye la mortalidad. **Objetivos.** Determinar el porcentaje general en el cual el tratamiento antibiótico empírico era efectivo contra los gérmenes obtenidos en los cultivos, y discriminar esta proporción de sensibilidad para los hemocultivos, lavado broncoalveolar-aspirado traqueal y líquido cefalorraquídeo (LCR). **Métodos.** Se registró el tipo de muestra, el antibiótico que se estaba administrando o se inició en las siguientes 24 horas de recolectada la muestra, el microorganismo cultivado, la sensibilidad del microorganismo cultivado al antibiótico que estaba recibiendo el paciente. Las bacterias *Serratia* spp., *Providencia* spp., *Proteus vulgaris*, *Aeromonas* spp., *Acinetobacter* spp., *Citrobacter* spp., *Enterobacter* spp. y *Morganella* spp. se consideraron como resistentes a las cefalosporinas de primera, segunda y tercera generación, independientemente del resultado de las pruebas de sensibilidad, por su capacidad de hacerse resistentes con el uso de este tipo de antibióticos. **Resultados.** Se analizaron 59.132 cultivos, de los cuales se excluyeron 43.496 (73,5%) porque en el cultivo no se aislaron microorganismos, el paciente no estaba recibiendo antibióticos o no se iniciaron luego de recolectada la muestra. En 1.158 (1,9%) de los cultivos no se obtuvieron los datos suficientes para realizar el análisis. El porcentaje general de sensibilidad al antibiótico empírico varió entre 55,9% y 69,7% en los años analizados; se observó una tendencia a su disminución. Para los hemocultivos, los lavados broncoalveolares-aspirados traqueales y los líquidos cefalorraquídeos los rangos estuvieron entre 60,7% y 78,7%, 49% y 74,3%, y 50% y 77,2%, respectivamente. **Conclusiones.** Se observa de manera general, y de manera específica en el caso de los hemocultivos, una disminución importante en la efectividad de los antibióticos empíricos utilizados en el período de tiempo estudiado. Aunque no se apreció el mismo fenómeno en los aislamientos respiratorios, su baja sensibilidad dista de ser lo ideal considerando la importancia de un tratamiento empírico oportuno en este tipo de infecciones. Estos resultados deben hacer reevaluar a los clínicos las guías de manejo actuales de los tratamientos de antibióticos empíricos.

P14. Nuevos métodos para evitar la resistencia bacteriana.

Ordóñez M
Instituto de Microbiología Colombiano.

La técnica estándar de difusión en disco del *National Committee for Clinical Laboratory Standards* (NCCLS) ha demostrado ser una técnica confiable, sencilla, conveniente y económica, y es de gran utilidad para conocer los resultados de los antibiogramas o pruebas de sensibilidad; nuestro estudio se basó en modificarla. Para los casos de urgencias se estudiaron: 1) técnica directa, es decir, con la muestra directamente en el medio de cultivo y se puede saber el antibiótico exacto a las 8 o 18 horas de su recolección, y b) técnica de enriquecimiento, colocando la muestra en el caldo triptono soya hasta obtener la concentración apropiada para inocularla en el medio y sus resultados confiables están a las 10 a 20 horas. Se estudiaron 1.450 muestras: 1.199 orinas, 155 heces, 82 secreciones genitales, 10 de faringe, 2 de oídos y 2 de heridas. Las dos modificaciones en estudio se compararon con la técnica estándar de difusión en disco para determinar la sensibilidad, confiabilidad y especificidad. En la técnica directa se obtuvo la siguiente sensibilidad: con bacterias Gram negativas en orinas con recuentos mayores de 100.000 UCF/ml, 94,3%; en heces, 96,5%, y en secreciones genitales, 69,5%; en la técnica de enriquecimiento: 97,5%, 99,1% y 63,1%, respectivamente.

P15. La educación en microbiología y parasitología: resultados a mediano plazo de una metodología vivencial.

Jácome M, Illera D, Rivera O, Díaz ML
Universidad del Cauca.

Introducción. En los programas de medicina y enfermería de la Universidad del Cauca se implementó desde el año 2000 hasta el primer semestre del 2005 una metodología de aprendizaje de la microbiología y la parasitología basada en la participación del estudiante en la atención de los pacientes con problemas generados por los agentes infecciosos y el procesamiento e interpretación de sus muestras. El presente estudio pretende evaluar los conocimientos logrados por los estudiantes con este cambio metodológico. Los semestres 4º, 5º y 13º corresponden a una diferente metodología más centrada en el profesor. **Metodología.** Se trata de un estudio descriptivo en el cual se aplicó un examen de conocimientos generales que incluyó los temas de parasitología, bacteriología y virología a una muestra aleatoria simple de 106 estudiantes entre los 406 de los semestres de 4º a 13º de Medicina. **Resultados.** El nivel de conocimientos de Microbiología es aceptable en la población evaluada. El tema con mejores resultados en el examen fue el de micobacterias con una respuesta acertada en 94,3 % de la muestra evaluada; el peor resultado fue para virología, con una respuesta acertada sólo en 29,5%. El porcentaje promedio de respuestas acertadas por semestre fue 53%, 61,5%, 88%, 69,5%, 75%, 69%, 74%, 80%, 75,6% y 66% para los semestres del 4º al 13º, respectivamente. **Conclusiones.** La metodología basada en el estudiante evidencia un mejor aprendizaje, con una persistencia a largo plazo, en comparación con los estudiantes que recibieron una formación basada en la transmisión de información a partir del profesor. Se debe propender por la primera estrategia.

P16. Detección de la secuencia de inserción IS200 en aislamientos clínicos de *Salmonella enterica*.

Sánchez MM¹, Cardona NM¹, Canu N², Uzzau S², Rubino S²
¹Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Instituto de Ciencias de la Salud, CES, Medellín, Colombia; ²Departamento de Ciencias Biomédicas, Laboratorio de Microbiología Médica y Experimental, Universidad de Sassari, Sassari, Italia.

Introducción. IS200 es una secuencia de inserción, un elemento genético móvil encontrado en géneros de eubacterias como *Salmonella*, *Escherichia* y *Shigella*, entre otras. El interés en IS200 como marcador molecular del género *Salmonella* se basa en dos características: su baja tasa de transposición y su amplia distribución. La estabilidad hace de IS200 un marcador molecular conveniente para estudios epidemiológicos y ecológicos, permite tipificar aislamientos y determinar relación clonal, lo cual se puede realizar por métodos basados en PCR o por hibridación. **Objetivo.** Determinar la presencia de la secuencia de inserción IS200 en aislamientos clínicos de *Salmonella enterica* y su posible uso como marcador clonal. **Materiales y métodos.** Se estudiaron 135 aislamientos clínicos de *Salmonella* previamente serotipificados: 53 aislamientos de *S. typhimurium*; 30 de *S. Typhi*; 27 de *S. enteritidis* y 25 de otras serovariedades: *S. muenchen*, 5; *S. choleraesuis*, 4; *S. dublin*, 3; *S. paratyphi C*, 3; *S. paratyphi B*, 2; *S. panama*, 2; *S. weltevreden*, 1; *S. agona*, 1; *S. virginia*, 1; *S. javiana*, 1; *S. braenderup*, 1 y *S. derby*, 1. Se determinó la presencia de IS200 por PCR en ADN genómico total y se relacionó con la serovariedad y el tipo de muestra de la cual provenían los aislamientos. **Resultados.** La secuencia de inserción IS200 se detectó en 101 (74,8%) de los 135 aislamientos; en 84 (62,2%) se detectó una secuencia de inserción de un tamaño de 700 pb; de estos 44 aislamientos, 22 correspondieron a *S. typhimurium* y a *S. Typhi*; en 17 (12,6%), de los cuales 11 correspondieron a *S. enteritidis*, se encontró una IS200 de un tamaño superior a 1.000 pb. No se detectó la secuencia de inserción IS200 en 34 (25,2%) aislamientos. **Conclusión.** La detección de la secuencia de inserción IS200 permitió establecer una posible relación clonal entre los aislamientos de una misma serovariedad; se necesita realizar técnicas adicionales en un mayor número de aislamientos, que permita determinar el número de secuencias presentes en cada uno y definir el posible uso de este marcador epidemiológico en serovariedades de *S. enterica*.

P20. Diagnóstico por PCR anidada de *Pneumocystis jirovecii* en muestras respiratorias de pacientes con neumonía, infectados con el VIH o sin infectar.

Muñoz CO¹, Tobón AM^{1,2}, Zuluaga A¹, Restrepo A³, Cano LE^{1,4}, González A¹
¹Grupo de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas; ²Hospital La María; ³Escuela de Ciencias de la Salud, Facultad de Medicina, Universidad Pontificia

Bolivariana; ⁴Escuela de Bacteriología y Laboratorio Clínico, Universidad de Antioquia.

La neumonía por *Pneumocystis jirovecii* es una enfermedad oportunista potencialmente mortal; por tanto, se requiere un procedimiento para su pronto y certero diagnóstico. Nuestro objetivo fue implementar una PCR anidada para el diagnóstico de neumonía por *P. jirovecii* en muestras respiratorias de pacientes infectados o no con el VIH, determinando su sensibilidad y especificidad en comparación con la plata metenamina. Se usaron 98 muestras respiratorias provenientes de 88 pacientes con sospecha de neumonía por *P. jirovecii*. Como control positivo se usó ADN de muestras de pacientes con neumonía por *P. jirovecii* confirmada por coloración de plata-metenamina y como controles negativos se utilizaron 21 muestras de pacientes con sospecha de otras micosis. En ausencia de una prueba de oro que permitiera obtener los valores de sensibilidad, especificidad, valor pronóstico positivo (VPP) y valor pronóstico negativo (VPN), los pacientes se clasificaron en cuatro grupos, según los criterios clínicos, en: 1) probados, 2) probables, 3) no probables y 4) indefinidos. La extracción del ADN se realizó utilizando un estuche comercial de reactivos. En la PCR anidada se amplificó una secuencia blanco del gen *mtLSUrRNA* de *P. jirovecii*. Igualmente, se hizo una PCR de inhibición que amplifica una secuencia blanco del gen *GAPDH*. Además, para determinar las posibles reacciones cruzadas se empleó ADN de otros microorganismos. Sesenta y cinco de los 88 pacientes con sospecha de neumonía por *P. jirovecii* (74%) estaban infectados por VIH y 36 de las 73 muestras de estos pacientes (49,3%) fueron positivas por PCR, en contraste con 12 (16,4%) positivas por plata-metenamina, siendo éstas también positivas por PCR. De las muestras de los pacientes con sospecha de otra micosis, sólo 1 muestra fue positiva para la PCR (4,8%). La sensibilidad de la PCR se obtuvo analizando los datos de los grupos 1 y 2, análisis que mostró un resultado de 86%, con especificidad de 98%, VPP de 98% y VPN de 87%. En comparación, la plata-metenamina presentó una sensibilidad de 26%, una especificidad de 100%, VPP de 100% y VPN de 56,5%. Uno de los resultados más importantes fue la amplificación por PCR del ADN de *P. jirovecii* de enjuagues bucales provenientes de pacientes con infección por el VIH. Además, cuando se usó ADN de los otros microorganismos, la amplificación, no ocurrió lo cual indica alta especificidad de la técnica. Los resultados obtenidos sugieren que la amplificación del ADN de *P. jirovecii* por PCR anidada y la valoración de las características clínicas son una excelente herramienta para el diagnóstico rápido y oportuno de la neumonía por *P. jirovecii*.

Investigación clínica

P22. Porcentaje de los cultivos microbiológicos positivos en los pacientes hospitalizados en el Hospital Pablo Tobón Uribe entre 1997 y 2005.

López JA, Cuartas MC, Molina OL, Restrepo AC, Maya CY, Jaramillo S, Donado JH, Zuleta JJ
Hospital Pablo Tobón Uribe.

El conocimiento del nivel de positividad de los cultivos permite evaluar la pertinencia de su solicitud al compararlos con estándares establecidos o los valores de otras entidades similares y establecer, luego de ejecutadas, la efectividad de las estrategias en pro de mejorar estos índices. **Objetivos.** Determinar el promedio de los cultivos microbiológicos positivos: hemocultivos, urocultivos, coprocultivos y cultivos de líquido cefalorraquídeo (LCR), y establecer cuál ha sido la evolución del promedio de los cultivos positivos de 1997 a 2005. **Métodos.** Se diseñó un formato en hoja electrónica del programa Excel 2000, en el cual se registraron todos los urocultivos y coprocultivos, especificando: el mes, el servicio de donde provenía la muestra y el resultado del cultivo. Los hemocultivos realizados se registraron en un formato diseñado con tal propósito, en el cual se especificaron las mismas variables. Se evaluaron las modificaciones en el tiempo con la prueba de tendencias de ji al cuadrado. **Resultados.** Se evaluaron 49.000 hemocultivos, 31.184 urocultivos, 3.775 coprocultivos y 2.861 cultivos de aerobios de LCR. En general, el promedio de positividad de los hemocultivos fue de 11,1% (8,3%-12,9%; $p=0,000$); para los urocultivos de 35,2% (26,6%-41,1%; $p=0,000$); para los coprocultivos de 12,9% (10,1%-18,4%; $p=0,15$), y para los cultivos de LCR de 6,5% (4,6%-7,4%; $p=0,21$). En los urocultivos se observó un incremento significativo, lo que sugiere la efectividad de las medidas emprendidas para mejorar su pertinencia. En los hemocultivos las cifras se encontraron en los rangos de los estándares internacionales con una tendencia a incrementar su positividad, quizá, como consecuencia del incremento en el nivel de complejidad de los pacientes atendidos. En los coprocultivos no se encontró una diferencia significativa a pesar de las acciones ejecutadas, e igual fenómeno sucedió con los cultivos de LCR. **Conclusiones.** Las cifras obtenidas permitirán compararnos con los resultados de estudios locales e

internacionales, y evaluar las estrategias emprendidas para mejorar nuestros promedios.

P23. Acciones derivadas de la ronda microbiológica realizada en el Hospital Pablo Tobón Uribe entre junio de 1997 y diciembre de 2005.

López JA, Cuartas MC, Molina OL, Restrepo AC, Maya CY, Jaramillo S, Donado JH, Zuleta JJ
Hospital Pablo Tobón Uribe.

La integración entre el Laboratorio de Microbiología y los médicos tratantes es fundamental para lograr la correlación necesaria en la interpretación de los resultados de los cultivos, y proporcionar información y asesoría en la toma de decisiones derivadas de éstos. **Objetivos.** Determinar el total y tipo de acciones derivadas de la ronda microbiológica, y establecer en qué porcentaje de las acciones se derivó una acción por parte del personal médico o paramédico. **Diseño y población.** Se incluyeron los pacientes a los que se les solicitó, al menos, un cultivo de aerobios, anaerobios o micobacterias y que fueron hospitalizados en el Hospital Pablo Tobón Uribe (HPTU) de Medellín, entre junio de 1997 y diciembre de 2005. **Métodos.** Se realizó una ronda microbiológica por parte de un médico microbiólogo clínico, en la cual se revisaron las historias clínicas de todos los pacientes de la población de estudio. Emprendió, entre otras, las siguientes acciones: informar de manera preliminar y por escrito los gérmenes cultivados, ordenar un examen complementario, informar por escrito el resultado final del cultivo por diversas razones, informar de manera preliminar y verbal al médico tratante los gérmenes cultivados, suspender la identificación microbiana (por considerarse colonización, contaminación u otra razón), ordenar medidas de aislamiento, recomendar la reevaluación del tratamiento antibiótico. **Resultados.** En el periodo estudiado se registraron 65.878 cultivos en pacientes hospitalizados. Se emprendieron 18.852 acciones durante la ronda microbiológica. En 15.065 (23,3%) de los cultivos se efectuó, al menos, una acción. La distribución de las principales acciones fue: informe de manera preliminar y por escrito de los gérmenes cultivados, 9.241 (49%); orden de examen complementario, 2.484 (13,2%); informe por escrito del resultado final del cultivo por diversas razones, 1.914 (10,1%); informe de manera preliminar y verbal al médico tratante de los gérmenes cultivados, 1.036 (5,5%); suspensión de la identificación microbiana por considerarse colonización, contaminación u otra razón, 998 (5,3%); orden de medidas de aislamiento, 689 (3,6%); recomendación de reevaluación del tratamiento antibiótico, 660 (3,5%). Excluyendo 531 acciones en las cuales no se obtuvo el dato, como resultado de 7.242 (39,5%) acciones, se derivó otra acción por parte del personal médico o paramédico. **Conclusiones.** En la cuarta parte de los cultivos registrados se ejecutó, al menos, una acción derivada de la ronda microbiológica, y en más de la tercera parte de ellas se desencadenó una acción diferente, posiblemente, en beneficio del paciente. La realización de la ronda microbiológica contribuye a la interacción que debe existir entre el laboratorio y el personal clínico para una mejor interpretación de los resultados y la toma de decisiones a partir de ellos.

P24. Tiempo transcurrido entre la solicitud de los cultivos microbiológicos y la recolección de las muestras por el personal de enfermería en los pacientes hospitalizados en el Hospital Pablo Tobón Uribe.

López JA, Cuartas MC, Molina OL, Restrepo AC, Maya CY, Jaramillo S, Donado JH, Zuleta JJ
Hospital Pablo Tobón Uribe.

El acortar el tiempo que transcurre desde la solicitud de los exámenes y la recolección de las muestras contribuye, a su vez, al reporte oportuno de los resultados y al inicio de los antibióticos empíricos ordenados. **Objetivos.** Determinar la mediana del tiempo transcurrido, cuando este tiempo era menor de 24 horas, entre la solicitud de hemocultivos, urocultivo o coprocultivo, y la recolección de la muestra por parte del personal de enfermería, y determinar el porcentaje de muestras recolectadas por periodos de tiempo, en cada uno de los tipos de cultivos. **Métodos.** Se diseñó un formato denominado «seguimiento microbiológico», que contenía las variables que se iban a considerar: la fecha y la hora de solicitud del cultivo, la hora de recolección de la muestra y el tipo de cultivo solicitado. Se elaboró un registro por cada cultivo solicitado a los pacientes hospitalizados en el Hospital Pablo Tobón Uribe (HPTU). La fuente de información fue la solicitud de laboratorio. Se excluyeron del análisis aquellos cultivos en los que el médico especificaba un momento determinado para la recolección de la muestra. Se estableció una base de datos empleando el programa EpiInfo 6.04, en la cual se digitó y procesó la información. **Resultados.** Se obtuvieron datos de 5.575 urocultivos, 5.225 hemocultivos y 1.096 coprocultivos. La mediana de la recolección de las

muestras para urocultivo fue de 170 minutos, 60 minutos en hemocultivos y 195 minutos en las muestras para coprocultivo. El 62% de las muestras de orina se recolectaron en menos de 5 horas de haberse solicitado el cultivo, en tanto que 54% de las muestras de materia fecal se recolectaron en este periodo de tiempo. El 74% de los hemocultivos se recolectaron en menos de 2 horas. El 2% de las muestras de orina y 8% de las muestras de materia fecal se recolectaron luego de 24 horas de solicitado el cultivo. **Conclusiones.** Los hemocultivos presentaron una mediana que puede considerarse dentro de los límites esperados; pero preocupa que 26% de ellos, cuando son recolectados por el personal de enfermería, superan las 2 horas entre la solicitud y la recolección. Con respecto a las muestras de orina y materia fecal, según la hora de recolección, pueden verse afectados los tiempos de reporte de los resultados, si se considera que la interpretación de los cultivos sólo se ejecuta una vez al día, y los tiempos de incubación por cumplir de los cultivos.

P25. Infecciones del sitio operatorio en pacientes con cáncer.

Cortés J¹, Cuervo SI¹, Sanabria A¹, Bermúdez D¹, Martínez T¹, Potdevin G²

¹Instituto Nacional de Cancerología, EPS; ²Universidad de La Sabana.

Objetivo. Identificar los factores de riesgo asociados a la infección del sitio operatorio en pacientes con cáncer y evaluar la utilidad del índice NNIS para predecir la infección del sitio operatorio. **Diseño.** Estudio de cohorte prospectiva. **Lugar de realización.** Instituto Nacional de Cancerología (INC), Bogotá, Colombia **Métodos y procedimientos.** Del 1 de julio al 1 de diciembre de 2003 se siguieron prospectivamente los pacientes llevados a procedimientos quirúrgicos hospitalarios en el INC. Los pacientes fueron seguidos durante su estancia hospitalaria, en consulta ambulatoria 2 semanas después y telefónica-mente a los 30 días del egreso hospitalario. Se estudiaron variables demográficas y factores de riesgo conocidos. Se estableció el índice de riesgo NNIS para observar si se ajustaba a la tasa de infección del sitio operatorio en pacientes con cáncer. Se construyó un índice con los factores de riesgo identificados. **Resultados.** Se les hizo seguimiento a 880 procedimientos en 808 pacientes. Se identificaron 149 infecciones del sitio operatorio, con una aparición media a los 14 días, 83% incisionales y 17% de órgano o espacio. Los factores de riesgo independientes identificados para el desarrollo de infección del sitio operatorio fueron: tiempo quirúrgico superior al percentil 75 (OR = 32), presencia de drenes (OR = 1,9) y uso de antibióticos postoperatorios (OR = 1,6) (p < 0,05). El índice NNIS predijo adecuadamente la frecuencia de infección en 10 de las 17 categorías quirúrgicas que tenían más de 10 pacientes. El nuevo índice lo hizo en 11 de las 17 categorías. **Discusión.** Los pacientes con cáncer tienen tasas de infección del sitio operatorio superiores a las esperadas de acuerdo con el índice de riesgo NNIS. Éste predijo adecuadamente la tendencia de infección en 10 categorías de riesgo. El uso de antibióticos posoperatorios podría alterar la flora y favorecer la aparición de infecciones por microorganismos hospitalarios.

P26. Resistencia al fluconazol en aislamientos clínicos de *Candida* spp. en el Instituto Nacional de Cancerología.

Gómez CH¹, Rivas P², Cortés JA², Ahumada AE², Bermúdez D²
¹Universidad Nacional de Colombia; ²Instituto Nacional de Cancerología.

Objetivo. Determinar la resistencia al fluconazol de los aislamientos clínicos de los hongos levaduriformes de pacientes del Instituto Nacional de Cancerología entre 2002 y 2006 y evaluar su relación con el consumo de fluconazol. **Métodos y procedimientos.** Estudio de cohorte prospectiva. La sensibilidad al fluconazol se hizo mediante el método de difusión de disco según el documento M2-A6 de la NCCLS; se utilizó el sistema automatizado BIOMIC®. Se recolectaron todos los aislamientos de levaduras realizados entre mayo de 2002 y diciembre de 2005. Se evaluó el consumo de fluconazol a través de las dosis diarias definidas por servicio y por estancia. Se hizo un análisis de regresión lineal entre el consumo de fluconazol, la resistencia de *Candida albicans* y *Candida* que no era *albicans* y la presencia de estas últimas. **Resultados.** El 95,3% de los aislamientos fueron por especies de *Candida*; *C. albicans* (68,2%) fue la más frecuente. Con relación al perfil de sensibilidad, 443 aislamientos levaduriformes (83,1%) fueron sensibles al fluconazol, 18 (3,3%) fueron sensibles según la dosis y 72 (13,5%) fueron resistentes. La mayor frecuencia de resistencia se observó en las muestras provenientes del tracto respiratorio o del tracto gastrointestinal. Se observó una regresión lineal entre el consumo de fluconazol en los diferentes servicios y la frecuencia de *Candida* diferente a *albicans* (r = 0,77). No observamos otras asociaciones con el consumo de fluconazol. **Conclusiones.** Hay una resistencia creciente al fluconazol en especies de

Candida aisladas de pacientes con cáncer, mayores a las informadas en Colombia y Estados Unidos. Estas tasas, aunque no tan altas, se han observado en otros centros dedicados al tratamiento del cáncer. El uso de fluconazol podría determinar la aparición de especies diferentes de *C. albicans* aunque no es clara su relación con la resistencia.

P27. Determinación de los agentes etiológicos causantes de bacteriurias y su significado clínico en el Hospital Universitario de San Ignacio.

Rojas AM¹, Rojas M¹, Hinestroza A¹, Bunch A¹, Trespalcios AA¹, Cortés JA²

¹Pontificia Universidad Javeriana; ²Hospital Universitario de San Ignacio.

Las infecciones del tracto urinario son las infecciones más frecuentemente adquiridas en el medio hospitalario, usualmente asociadas con el uso de catéteres urinarios. Se llevó a cabo un estudio observacional, descriptivo y prospectivo de pacientes con bacteriuria asintomática o infección de vías urinarias nosocomial en el Hospital Universitario de San Ignacio (HUSI), mayores de edad, con estancia hospitalaria mayor de 48 horas o reingreso en un lapso menor de 15 días en las salas de piso, urgencias o unidad de cuidados intensivos. Se hizo seguimiento clínico y microbiológico por 15 días. El aislamiento y los resultados de susceptibilidad se realizaron por el método automatizado MicroScan Walkaway (Dade Behring, California). Se identificaron 51 pacientes entre abril y agosto de 2005; se diagnosticaron 31 casos de bacteriurias y 20 casos de infección de vías urinarias; 63% de los casos eran mujeres. El factor de riesgo más común fue la presencia de sonda vesical (76%), seguido por la diabetes mellitus (18%). Con respecto a las complicaciones, 8% de los pacientes presentó sepsis de origen urinario, todos en el grupo de las infecciones de vías urinarias. 16% de todos los pacientes con seguimiento tuvo ingreso a unidad de cuidados intensivos. Los principales agentes etiológicos fueron *Escherichia coli* (50%), *Klebsiella pneumoniae* (10%) y *Proteus mirabilis* (5%). La resistencia fue alta en los aislamientos identificados e inferior al 20% únicamente a gentamicina, cefepime e imipenem. La curación clínica fue del 85%. La curación microbiológica fue del 50% en los pacientes con infecciones de vías urinarias y 56% en los de bacteriuria. A su vez, 90% de las bacteriurias asintomáticas recibieron un tratamiento antibiótico inadecuado, lo que facilitó la aparición de nuevas cepas hospitalarias multirresistentes.

P28. Prevalencia de accidentes con riesgo biológico y conocimientos sobre el riesgo por parte del personal de salud del Hospital Universitario de San José de Popayán.

Rivera O, Collazos G, Cortés JM, Agredo DK, Díaz ML
Universidad del Cauca.

Introducción. Uno de los problemas de salud ocupacional son los accidentes de riesgo biológico del personal de salud. Este problema es susceptible a la intervención para la prevención. En el Hospital Universitario de San José (HUSJ) se reporta un mínimo de ellos aunque se sospecha un alto subregistro. Este estudio pretende establecer la prevalencia y evaluar los conocimientos del tema en el personal que labora en cirugía, urgencias, unidad de cuidados intensivos o laboratorio de microbiología. **Metodología.** Estudio descriptivo de corte transversal. En una muestra de 124 trabajadores de las diferentes áreas, se aplicó una encuesta con preguntas sobre accidentes en los últimos 5 años, hasta el 2005, y sobre conocimientos de riesgo biológico y bioseguridad. El análisis se hizo con SPSS. **Resultados.** De los 124 trabajadores, 36,3% informó algún tipo de accidente: en cirugía, 53,5%; en el laboratorio, 50%; en urgencias, 26,8%, y en cuidados intensivos, 19,7%. El tipo de accidente fue: pinchazo, 62,3%; salpicaduras, 24,4%, y contacto con líquidos, 13,3%. Los accidentes se presentaron en: médicos, 40,8%; auxiliares de enfermería, 38%, y enfermeras jefe, 16,9%. En conocimientos, 96% sabe el significado de accidente con riesgo biológico. El 59,7% conoce en qué momento utilizar las precauciones estándar de bioseguridad; 68,5% sabe como depositar el material cortopunzante. Sólo 17,7% sabe sobre la vacuna para hepatitis B. En la práctica, 52,2%, 31,5%, 21,8% y 5,7% desecha incorrectamente bajalenguas, torundas, guantes, bisturí y agujas, respectivamente. El 62,3%, 54,3% y 34,6% de los accidentados en urgencias, cirugía y unidad de cuidados intensivos, respectivamente, actúan incorrectamente después de la exposición. De los 45 accidentados, 77,3%, 28,9%, 26,7% y 15,6% no usaron gafas, tapabocas, batas ni guantes, respectivamente. **Conclusiones.** Se considera que, a pesar de que una buena proporción de los trabajadores tiene los conocimientos sobre el riesgo biológico, gran parte no pone en práctica las normas de prevención. Se informó una alta prevalencia de accidentes en esta población lo cual amerita reforzar las acciones y la vigilancia epidemiológica al respecto.

P29. Frecuencia de enfermedad diarreica aguda bacteriana en la Unidad Hospitalaria Clínica del Niño, ESE Luis Carlos Galán Sarmiento, Bogotá, 2004- 2005.

Realpe ME¹, Uzeta M², Castellanos Y², Gracia M¹, Ovalle MV, Agudelo CI¹

¹Instituto Nacional de Salud; ²Clinica del Niño, ISS, Bogotá.

Objetivo. Determinar la frecuencia de *Salmonella* spp. y *Shigella* sp., y la susceptibilidad antibiótica en la población infantil con diagnóstico de enfermedad diarreica aguda (EDA) atendida en la Clínica del Niño en los años 2004 y 2005. **Metodología.** Se analizaron los datos de los cultivos de materia fecal de pacientes con edades entre 1 mes y 17 años, obtenidas en el 2004 y el 2005. El estudio microbiológico inicial se hizo en la Clínica del Niño y la confirmación bioquímica, serológica y la determinación de la susceptibilidad antibiótica por las técnicas de Kirby-Bauer y concentración inhibitoria mínima (CIM) a cloranfenicol, trimetoprim-sulfametoxazol, ampicilina, ácido nalidixico, ciprofloxacina, cefotaxima, gentamicina y amoxicilina-ácido clavulánico, por el Grupo de Microbiología. Todas las técnicas se realizaron utilizando las metodologías estandarizadas en los dos laboratorios. **Resultados.** De las 1.575 muestras de materia fecal estudiadas, 391 (24,8%) fueron positivas para patógenos bacterianos, de los cuales, 178 (50,6%) eran de menores de 6 años; del total de cultivos realizados, 43 (2,7%) fueron *Salmonella* spp. y 319 (20,2%), *Shigella* sp. Los serotipos más frecuentes de *Salmonella* fueron: *Typhimurium*, 20 (46,5%), y *Enteritidis*, 14 (32,5%); 9 (21%) de 6 serotipos diferentes. En *Shigella* los serogrupos prevalentes fueron: *S. sonnei*, 177 (55,5%); *S. flexneri*, 116 (36,4%), y *S. boydii*, 22 (6,9%); 4 (1,2%) fueron no serotificables. *S. Typhimurium* presentó resistencia de 94% a ampicilina, 44,4% a cloranfenicol y 3,8% a trimetoprim-sulfametoxazol, 1 aislamiento fue productor de beta lactamasa; *S. Enteritidis* presentó una resistencia del 30,7% a ampicilina y 7,7% a cloranfenicol. *S. flexneri* presentó una alta resistencia a ampicilina, 82,7%, y a cloranfenicol, 79%; por el contrario, en *S. sonnei* la resistencia fue de 37,9% y 14%, respectivamente. *S. boydii* fue resistente a ampicilina, 95%, y trimetoprim-sulfametoxazol, 66,6%. **Conclusión.** La frecuencia de aislamientos de enteropatógenos en esta población fue mayor que la reportada en el programa centinela de EDA comunitaria del Instituto Nacional de Salud, en el cual se recuperó *Salmonella* spp. en 0,7% y *Shigella* sp. en 0,8%.

P30. Evaluación comparativa de la prueba serológica comercial Chagatek® Vs. las pruebas de ELISA e IFI elaboradas con una cepa colombiana de *Trypanosoma cruzi*.

Quintero MC¹, Mercado M¹, Vacca MA², Puerta C¹, Cruz L¹, Flores C³, Montilla M³

¹Pontificia Universidad Javeriana; ²Hospital Universitario San Ignacio; ³Instituto Nacional de Salud.

La amplia distribución de la enfermedad de Chagas ha demostrado una ligera variación del comportamiento de *Trypanosoma cruzi* de una región a otra, por lo que se presentan dificultades en el diagnóstico y tamizaje en bancos de sangre por el empleo de pruebas comerciales con cepas que no son autóctonas. **Objetivo.** Evaluar las características operativas de la prueba comercial Chagatek® frente a las pruebas convencionales de ELISA (ELISAc) e IFI (IFiC). **Metodología.** Para evaluar el desempeño de la prueba de Chagatek® con respecto a las pruebas serológicas de ELISAc e IFiC elaboradas con una cepa nativa (MHOM/CO/03/CG), se realizó un estudio de concordancia por consistencia mediante el cálculo del índice kappa. A los sujetos participantes en el estudio se les practicó un examen físico completo y un electrocardiograma y se les tomaron muestras de sangre venosa para las pruebas de laboratorio. Se incluyeron 245 sujetos, previo cumplimiento de los criterios de inclusión; 99 (40%) fueron clasificados como positivos; de éstos, 21 se consideraron como indeterminados (40%) y 78, crónicos (60%). El total de negativos fue de 145 (60%); se clasificaron en cuatro grupos: 1) controles sanos de zona no endémica, 47 (32,2%); 2) controles sanos de zona endémica, 57 (39%); 3) controles cardiopatas de zona no endémica, 3 (2%), y 3) controles cardiopatas de zona endémica, 39 (26,7%). A todas las muestras se les realizaron las pruebas de ELISAc, IFiC y Chagatek®. **Resultados:** El índice de concordancia kappa entre la ELISAc y la IFiC fue de 0,95 (IC95% 0,91-0,99), y para Chagatek® y ELISAc, de 0,84 (IC95% 0,77-0,90). La sensibilidad y la especificidad de la prueba comercial Chagatek®, usando como patrón de oro la prueba de IFiC, fue de 99% (IC95% 90,5-99,9) y de 92% (IC95% 79-98), respectivamente. **Conclusiones.** La concordancia ajustada por el azar entre las pruebas serológicas para el diagnóstico de infección por *T. cruzi* es alta, y fue mayor entre las pruebas realizadas con cepas autóctonas. Aunque la prueba comercial de Chagatek® tiene a una mayor sensibilidad, se observó ligero detrimento de la especificidad. Es necesario evaluar el desempeño de las pruebas

utilizadas para el diagnóstico y el tamizaje de la enfermedad de Chagas mediante la determinación de un patrón de oro perfecto ya que los valores de sensibilidad y especificidad pueden estar sobrestimados.

P31. Características y comportamiento de la neumonía adquirida en la comunidad en adultos mayores hospitalizados en el Valle de Aburrá, Antioquia.

Montúfar FE¹, Rueda ZV¹, Correa LT¹, Vélez LA¹, Ortega H², Ortega J², Segura A³, González G³, Grupo ampliado de neumonía adquirida en la comunidad

¹GRIPE, Universidad de Antioquia; ²Neumología, Universidad de Antioquia; ³Epidemiología, Universidad de Antioquia.

Objetivo. Establecer las características y el comportamiento de la neumonía adquirida en la comunidad en pacientes hospitalizados > 65 años. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo prospectivo multicéntrico. Se analizaron datos sociodemográficos, clínicos, morbilidad asociada, gravedad, datos microbiológicos, estancia y morbimortalidad intrahospitalaria. **Resultados.** El 35,8% (48) de los 134 pacientes hospitalizados por neumonía adquirida en la comunidad fueron > 65 años; 56% fueron mujeres; la edad promedio fue de 77,2±8,9 años; 8,3% provenía de hogares de ancianos. Se documentó tabaquismo en 50% y 20,8% había recibido antibióticos en los últimos tres meses. Las principales enfermedades concomitantes fueron EPOC, 77,1%, e insuficiencia congestiva crónica, 35,4%. Al ingreso se detectó hipotensión en 20,8%; 46,9% tenía derrame pleural y compromiso multilobar, 382%. Se catalogaron como neumonía grave adquirida en la comunidad 54,2%, de los cuales, 15,4% (4/26) se manejan en la unidad de cuidados intensivos (UCI). Según el índice de Fine, 6,7% eran de clase II, 22,2% de clase III, 35,6% de clase IV y 35,6% de clase V; según CURB-65, 2,3% eran de clase I, 36,4% de clase II y 61,4% de clase III. Se recolectó esputo en 60,4% (29/48) y se cultivó en 75,6% (22/29) con un rendimiento diagnóstico de 22,7% (5/22). El rendimiento diagnóstico de otras técnicas fue: hemocultivos, 14,6% (7/48); serología para virus respiratorios, 22,3% (8/36); *Mycoplasma pneumoniae*, 27,3% (3/11); *Coxiella burnetii*, 3,7% (1/27), y *Chlamydia Pneumoniae*, 3,7% (1/27); para antígeno urinario de neumococo, 45,8% (8/22), y de *Legionella pneumophila*, 2,9% (1/35). Se identificaron 31 agentes etiológicos: *Streptococcus pneumoniae*, 29%; virus, 25,8%; bacilos Gram negativos, 19,4%; atípicos, 19,4%; y otros, 6,4%. La estancia hospitalaria y en UCI fue de 10,5±7,2 y 9,3±10,4 días, respectivamente. Todos los pacientes atendidos en la UCI requirieron respiración asistida; el APACHE II fue de 24±5,3 y la duración de la respiración asistida de 6,3±10,1 días. El 39,1% presentó complicaciones hospitalarias. El cumplimiento de las guías de la *American Thoracic Society* fue de 37,5% y de las colombianas, de 20,8%. La mortalidad general fue de 10,4% (5/48) y la de la neumonía grave adquirida en la comunidad de 19,2%. **Conclusiones.** Son frecuentes los casos de neumonía adquirida en la comunidad que requieren hospitalización en adultos > 65 años. Después de neumococo, la etiología tiene una distribución similar entre virus, bacilos Gram negativos y atípicos. Más del 50% cursa con neumonía grave adquirida en la comunidad, pero sólo una minoría (8,3%) recibe atención en la UCI, a pesar de lo cual la mortalidad fuera de ella es baja. La observación de las guías de manejo es muy pobre.

P33. Prueba de látex para la detección de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina y uso de vancomicina en un hospital de alta prevalencia.

Ordóñez, K, Torres, G, Arroyo, P, Cuervo, S, Cortés J, Instituto Nacional de Cancerología.

Objetivo. Evaluar las diferencias entre una prueba de látex para la detección de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina y el método de rutina, y su impacto sobre la utilización de vancomicina en un hospital de cáncer con alta prevalencia de este microorganismo. **Materiales y métodos.** Se siguieron prospectivamente los pacientes con aislamientos de *Staphylococcus* spp. identificados en el Laboratorio de Microbiología del Instituto Nacional de Cancerología entre el 1 de octubre y el 30 de diciembre de 2005. Las colonias identificadas se procesaron con la prueba de látex rápida para la detección de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina y por los métodos de rutina del laboratorio (MicroScan, Dade Behring, California). Se hizo un seguimiento de los antibióticos recibidos por el paciente y el resultado microbiológico, con el fin de evaluar la potencial necesidad de ajuste del antibiótico (uso de vancomicina, retiro de la misma) y el tiempo en que se dispusieron de los resultados finales. Se calificaron las divergencias entre los dos métodos como menores (resistente al diagnóstico, pero sensible) o mayores (sensible al diagnóstico y resistente). **Resultados.** Se siguieron 36 pacientes, con mediana de edad de 49 años; 81% con tumores sólidos. 83% de los pacientes tenía

infección, y la tercera parte bacteriemia. Se identificaron 20 aislamientos de *S. aureus* en los que hubo 100% de concordancia entre la prueba de látex y MicroScan, y 16 de SCN en los que la concordancia fue de 94%. El tiempo de diferencia media entre el reporte de la prueba de látex y el reporte de MicroScan fue de 3 días. De 26 pacientes que no recibieron vancomicina en el momento del examen, 13 (50%) deberían haberla recibido por considerar que tenían infección por *Staphylococcus* resistente a la meticilina y en 5 casos el antibiótico debía ser retirado por considerarse colonización. En la práctica, sólo en 30% de estos pacientes se adicionó o cambió a vancomicina. En los pacientes con vancomicina, sólo en el 20% se requería un cambio de antibiótico. Se encontró 3% de errores menores y 8% de errores mayores. **Conclusiones.** La prueba de látex puede disminuir el tiempo necesario para la utilización de medicamentos apropiados en pacientes con infecciones por *Staphylococcus*. Deben mejorarse las condiciones de la prueba para mejorar la sensibilidad de la misma y evitar errores mayores y ampliar estudios aleatorios para identificar el uso de estas pruebas rápidas.

P34. Rendimiento del recuento de leucocitos en materia fecal en el diagnóstico de la enfermedad diarreica aguda por *Salmonella* spp. o *Shigella* spp.

López JA, Cuartas MC, Molina OL, Restrepo AC, Maya CY, Jaramillo S, Donado JH, Zuleta JJ
Hospital Pablo Tobón Uribe.

Las pruebas diagnósticas de tamizaje permiten emplear de forma más pertinente otros exámenes que demandan de mayores recursos. En la mayoría de las investigaciones que se ocupan del recuento de leucocitos en materia fecal no se determina la sensibilidad y la especificidad del examen según las diferentes cifras de leucocitos observados. **Objetivo.** Determinar la sensibilidad y la especificidad del recuento de leucocitos en materia fecal para detectar infecciones por *Salmonella* spp. o *Shigella* spp. según el número de leucocitos observados en la muestra. **Muestra.** Coprocultivos solicitados en pacientes hospitalizados con EDA entre julio de 1998 y diciembre de 2003. **Métodos.** Se registró en una base de datos la impresión diagnóstica que originó la solicitud del coprocultivo, el número de leucocitos observados en mayor aumento y el resultado del coprocultivo. Se tomó como prueba de oro el resultado del coprocultivo y se evaluó el rendimiento de los diferentes valores de leucocitos observados en la materia fecal. **Resultados.** Se estudiaron 782 coprocultivos. Las sensibilidades y las especificidades de la prueba, respectivamente, según el número de leucocitos observados, fueron los siguientes: menos de 1: 89,5% y 44,7%; menos de 5: 86,1% y 55%; menos de 10: 78,8% y 64,5%; menos de 20: 65% y 78,4%; menos de 30: 44,5% y 87,6%; >50: 27% y 92,7%. De acuerdo con la curva ROC (*receiver operating characteristics*) el valor con mayor rendimiento de la prueba fue de menos de 20 leucocitos. El área bajo la curva fue de 0,7699 (IC95% 0,7275-0,8123). **Conclusiones.** La sensibilidad de la prueba descendió a medida que se incrementaba el número de leucocitos observados y lo contrario sucedió con la especificidad. De acuerdo con los resultados, el uso de la prueba depende del objetivo que se pretenda con respecto a la pertinencia del coprocultivo. La baja especificidad en valores bajos de leucocitos puede deberse a la presencia de otros tipos de agentes enteroinvasores o a causas no infecciosas.

Virología

P2. Evaluación de la susceptibilidad a la infección por virus dengue en células SH-SY5Y de neuroblastoma humano diferenciadas con ácido retinoico.

Rincón V¹, Alvear D², Solano O², Castellanos JE^{1,3}
¹Instituto de Virología, Universidad El Bosque; ²Escuela Colombiana de Medicina, Universidad El Bosque; ³Facultad de Odontología, Universidad Nacional de Colombia.

En algunas ocasiones, la infección por virus dengue puede causar encefalitis viral con presentación de síntomas neurológicos; sin embargo, la patogénesis de la infección en el sistema nervioso central en humanos permanece sin ser comprendida. El virus de dengue *in vitro* puede infectar una gran variedad de células, incluso líneas de neuroblastoma humanas y de ratón. En este estudio se evaluó la viabilidad celular, las proporciones de infección y la expresión de marcadores de diferenciación neuronal en la línea de neuroblastoma humano SH-SY5Y en condiciones normales y después de inducirlas a diferenciación usando ácido retinoico por seis días e infectándolas con virus dengue tipo 2. La mortalidad celular fue significativamente mayor en las neuronas no diferenciadas. La expresión de los marcadores *Growth Associated Protein* (GAP43) y sinaptofisina se aumentó en las neuronas diferenciadas y se evidenció una reducción en las

proporciones de neuronas infectadas en los cultivos tratados con ácido retinoico, y un aumento significativo en la actividad MTT-reductasa (indicador de viabilidad), lo cual sugiere una menor tasa de mortalidad celular inducida por el virus. La caracterización de la infección de virus dengue en células neuronales podría ser una herramienta importante para el entendimiento de las bases moleculares de los mecanismos fisiopatológicos involucrados en la infección en el sistema nervioso central.

P3. Relación entre el genotipo de la enzima oligoadenilato sintetasa (OAS1b) y la susceptibilidad a la infección por dengue en ratones.

Prada J¹, Rincón V¹, Castellanos JE^{1,2}
¹Instituto de Virología, Universidad El Bosque; ²Facultad de Odontología, Universidad Nacional de Colombia.

El dengue es un síndrome febril de intensidad variable. Aún se desconoce por qué algunos pacientes presentan manifestaciones leves de la enfermedad, mientras que otros presentan un síndrome febril hemorrágico grave. Recientemente, se mapeó el gen responsable de la resistencia al flavivirus del Nilo occidental en el cromosoma 5 de ratón y se identificó como oligoadenilato sintetasa 1b (*Oas1b*). Este gen codifica una proteína que sintetiza oligoadenilatos que activan ARNasaL que escinde los ARN virales. El objetivo de este trabajo fue evaluar el genotipo de *Oas1b* y su correlación con la susceptibilidad a la infección por virus dengue en diferentes especies de roedores. Para ello, se utilizaron macrófagos peritoneales obtenidos de rata, hámster y ratones de las cepas BALB/c, NIH e ICR. Estas células se infectaron con virus dengue, se evaluaron los niveles de ARN viral mediante PCR en tiempo real y los antígenos virales por medio de inmunocitoquímica en diferentes tiempos después de la infección. Se amplificó, purificó y obtuvo la secuencia de un fragmento del exón 4 de *Oas1b* a partir de ADN, que contiene una mutación previamente asociada con susceptibilidad a la infección por virus dengue. Los resultados mostraron, que al igual que para el virus del Nilo occidental, los ratones con mayor susceptibilidad a la infección por virus dengue son los BALB/c. Otras cepas de ratones y roedores tienen grados variables de susceptibilidad a la infección por este flavivirus, encontrándose cambios en la secuencia del exón 4 del gen *Oas1b*. Con estos resultados se establece que el gen *Oas1b* juega un papel importante en la respuesta específica anti-dengue en estos modelos de mamíferos.

P4. Susceptibilidad diferencial de las neuronas sensoriales a la infección por virus de rabia *in vivo*.

Velandía ML, Martínez M, Castellanos JE
Instituto de Virología, Universidad El Bosque.

En un accidente rábico, el virus inoculado en la periferia puede sufrir un período de replicación en el músculo o no tenerlo, para luego ser capturado por fibras nerviosas autonómicas, motoras o sensoriales. En particular, el virus de la rabia capturado por las fibras sensoriales es transportado retrógradamente hasta el soma de las neuronas localizadas en los ganglios de la raíz dorsal y desde allí hasta el sistema nervioso central. Las neuronas sensoriales se pueden clasificar en subpoblaciones según sus características bioquímicas, fisiológicas y morfológicas. Reportes previos de nuestro grupo han demostrado que el virus de la rabia infecta *in vitro* preferencialmente las neuronas de mayor diámetro. Por esta razón, el objetivo del presente trabajo fue caracterizar *in vivo* las neuronas sensoriales infectadas por el virus de la rabia. Se inocularon ratones adultos en la almohadilla plantar con virus de la rabia de la cepa *Challenge Virus Standard*; los animales se sacrificaron a diferentes tiempos después de la infección; el antígeno viral se detectó por inmunoperoxidasa y se obtuvieron cortes de ganglios de la raíz dorsal y se analizaron en un sistema de morfometría digital. Las subpoblaciones encontradas en los ganglios de la raíz dorsal *in vivo* se clasificaron como neuronas grandes (> 35 µm) las cuales corresponden a 46% del total, neuronas intermedias (de 21 a 35 µm) con 52% y neuronas pequeñas (< 20 µm) con 2%. Se pudo comprobar que 70% de las neuronas infectadas correspondían a neuronas con diámetro > 35 µm. Al parecer, el virus de la rabia prefiere las neuronas grandes que innervan principalmente músculos y articulaciones (terminaciones propio- y mecanorreceptivas), lo cual explica en parte la neuropatología de la enfermedad; estas neuronas poseen condiciones bioquímicas y metabólicas específicas que deben promover la captura y el transporte del virus desde la periferia hasta el sistema nervioso.

P5. El enterovirus 71 infecta neuronas humanas pero no de ratón: valor en el estudio de la neuropatología.

Houghton N¹, Martínez M¹, Peláez D², Recio E³, Castellanos JE^{1,4}
¹Instituto de Virología, Universidad El Bosque, Bogotá, Colombia; ²Laboratorio de Virología, Instituto Nacional de Salud, Bogo-

tá, Colombia; ³Department of Anesthe-siology, New York University; New York, USA; ⁴Facultad de Odontología, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.

El enterovirus 71 es un agente viral reemergente que en los últimos tiempos ha causado importantes brotes epidémicos de enfermedad neurológica fatal en niños. Hasta el momento, los mecanismos de neuropatogenia del enterovirus 71 no son claros, principalmente por la falta de sistemas experimentales adecuados. Basados en esto, nos propusimos caracterizar e identificar un modelo celular que permita estudiar los eventos relacionados con el ciclo biológico de enterovirus 71. Hemos caracterizado la infección por enterovirus 71 en dos modelos de células neuronales, SH-SY5Y humanas y CAD-R1 de ratón, mediante estudios de inmunocitoquímica, viabilidad celular y PCR en tiempo real usando como control positivo de infección la línea celular Te-671, y ensayando diferentes diluciones virales y tiempos después de la infección. La línea celular neuronal humana SH-SY5Y expresó antígenos virales lo cual se correlaciona con la expresión de ARN viral y la pérdida de viabilidad celular, dependientes del inóculo viral aunque con una tendencia a infección latente a partir de las 24 horas de la infección. Sorprendentemente, la línea celular neuronal de ratón CAD-R1 no mostró infección aparente por enterovirus 71 dado que no se observaron cambios en la viabilidad celular ni en la expresión de antígenos virales o presencia de ARNA viral, incluso hasta 120 horas después de la infección. Es posible que las células de origen de ratón, como las CAD-R1, carezcan de receptores virales para el enterovirus 71 o de los factores celulares necesarios para la replicación viral, lo que determina un tropismo estricto por los primates. Las células CAD-R1 resultan ser un modelo neuronal interesante para el estudio de otros factores de neurovirulencia del enterovirus 71.

P7. Nuevos desafíos en el diagnóstico diferencial de las infecciones agudas por dengue y fiebre amarilla.

Houghton N¹, Montaña D¹, Goenaga N², Castellanos JE^{1,3}

¹Instituto de Virología, Universidad El Bosque, Bogotá, Colombia;

²Secretaría Distrital de Salud, Santa Marta, Colombia; ³Facultad de Odontología, Universidad Nacional de Colombia.

El dengue y la fiebre amarilla son importantes problemas de salud pública en las regiones tropicales y subtropicales del mundo, por lo que los ensayos diagnósticos rápidos y específicos son indispensables. Infortunadamente, los flavivirus comparten epitopos antigénicos que inducen una respuesta de anticuerpos de reactividad cruzada en el suero de pacientes, lo que complica el diagnóstico diferencial durante las infecciones secundarias por diferentes flavivirus, especialmente en regiones donde circula más de una especie. Basados en esto, nos propusimos evaluar la complejidad del diagnóstico serológico diferencial entre el dengue y la fiebre amarilla, usando un ensayo comercial de ELISA para dengue y un ensayo de neutralización para fiebre amarilla en 20 pacientes con dengue, 13 con fiebre amarilla y 19 voluntarios sanos vacunados con el virus de la fiebre amarilla. Las pruebas de ELISA para detección de anticuerpos IgM contra dengue presentaron reactividad cruzada mayor al 42,0% en pacientes con fiebre amarilla e individuos sanos después de la vacunación con fiebre amarilla. Además, 85% de los pacientes con dengue presentaron anticuerpos neutralizantes para la fiebre amarilla. Dados los altos niveles de reactividad cruzada encontrados en ambos ensayos, se plantea un gran desafío para el diagnóstico serológico del dengue y la fiebre amarilla en regiones donde circulan simultáneamente puesto que ni siquiera las pruebas más específicas, como la neutralización, dan solución al problema de la reactividad cruzada. Además, es necesario el diseño de nuevas estrategias experimentales que permitan un diagnóstico específico de los flavivirus.

P8. Alteraciones bioquímicas que predicen la gravedad del dengue.

Villar LA, Diaz FA, Martínez RA

Centro de Investigaciones Epidemiológicas, Universidad Industrial de Santander.

Objetivo. Evaluar la utilidad de las alteraciones bioquímicas tempranas en la predicción de dengue hemorrágico. **Diseño.** Estudio de cohorte prospectiva. **Lugar.** Área metropolitana de Bucaramanga, Colombia. **Periodo.** Abril/2003 a Enero/2004. **Métodos.** Se evaluaron pacientes con infección confirmada por el virus dengue, al menos, hasta el día 7 del inicio de los síntomas. Entre la hora 48 y la 96 de la enfermedad, se tomó una muestra de suero que fue almacenada para realizar pruebas bioquímicas, incluidas transaminasas (AST y ALT), creatin-cinasa (CK), lactato-deshidrogenasa (LDH), amilasa, albúmina y perfil lipídico que incluye colesterol total, lipoproteínas de alta y baja densidad (HDL y LDL) y triglicéridos. Se evaluó la asociación entre los niveles de estos marcadores

sericos y el riesgo de desarrollar dengue hemorrágico en análisis bivariado y multivariado con el modelo de Cox. **Resultados.** De 199 pacientes incluidos, 30 desarrollaron dengue hemorrágico durante el seguimiento. Los casos de dengue hemorrágico presentaron valores más altos de LDH, CK y AST, y títulos menores de albúmina, colesterol total y triglicéridos. En el análisis multivariado, las alteraciones tempranas como la elevación de la CK (*hazard ratio* (HR) = 6,98; IC95%: 2,34-20,85; p = 0,001), un valor de LDH > 570 U/L (HR = 3,19; IC95%: 1,01-10,12; p < 0,05) y una albúmina sérica inferior a 4 g/dl (RR = 2,54; IC95%: 1,09-5,92; p = 0,03), se asociaron de forma independiente al dengue hemorrágico. Por otra parte, triglicéridos > 160 mg/dl se asociaron a un menor riesgo de dengue hemorrágico (HR = 0,07; IC95%: 0,01-0,59; p = 0,01). **Conclusión.** En pacientes con dengue, las alteraciones tempranas de algunos marcadores bioquímicos pueden predecir el riesgo de desarrollar dengue hemorrágico.

P17. Determinación de anticuerpos tipo IgA dirigidos contra la glicoproteína 120 del virus de inmunodeficiencia humana tipo 1 en saliva de parótida.

Martínez M¹, Granados V², Piedrahita LD¹, Hernández JC¹, García L¹, Velásquez LA¹, Genin C², Riffard S², Urcuquí S¹

¹Grupo de Inmunovirología-BIOGENESIS, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia; ²Groupe Immunité des Muqueuses et Agents Pathogènes, Université Jean Monnet, Saint Etienne, France.

La principal vía de infección por el virus de la inmunodeficiencia humana tipo 1 (VIH-1) ocurre por el paso del virus a través de las mucosas. A pesar de que las inmunoglobulinas de tipo G son las predominantes en el sistema inmune sistémico, las de tipo A son las predominantes en las secreciones mucosas. Por lo tanto, las IgA constituyen la primera barrera inmune frente a la infección por el VIH-1, luego de la entrada del virus a través de las mucosas. Entre las secreciones mucosas, la saliva es utilizada como herramienta para diagnosticar la infección por el virus y para evaluar la respuesta inmune después de la vacunación. Teniendo en cuenta estos antecedentes, el objetivo del presente trabajo fue determinar en saliva la presencia de anticuerpos tipo IgA, dirigidos contra la glicoproteína de envoltura del virus (gp120), en una cohorte de pacientes colombianos procedentes de Medellín. Para ello, se tomaron muestras de saliva directamente de la glándula parótida y, posteriormente, se realizó una ELISA semicuantitativa para la detección de anticuerpos anti-gp120 tipo IgA. La cohorte estuvo conformada por 66 pacientes adultos, mayores de 30 años; 81,8% eran hombres y 18,2% mujeres. Los pacientes se clasificaron en tres grupos, según el recuento de CD4: < 200 células/ml (21,2%; n = 14), entre 200-400 células/ml (28,8%; n = 19) y > 400 células/ml (50%; n = 33). El 69,7% de los pacientes estudiados tenían anticuerpos tipo IgA dirigidos contra la gp120 del VIH-1 en saliva de parótida. No se encontró una correlación entre el recuento de células CD4 y el contenido de IgA; es decir, independientemente del recuento de células CD4, más del 60% de los pacientes en cada uno de los grupos tenía anticuerpos contra la gp120 en saliva. Este es el primer estudio en que se evalúa la presencia de IgA en saliva de parótida de pacientes colombianos infectados por VIH-1, dirigida contra el dominio V1/V2, el cual es altamente inmunogénico. La comprensión del mecanismo de protección de las mucosas a una infección por el VIH-1, y el entendimiento del papel que juegan las IgA en dicho proceso en la cavidad oral es fundamental en la lucha contra el desarrollo del sida.

P21. VIH/SIDA en las mujeres del Atlántico, 2003-2005.

Beltrán NE, Peñalosa S

Secretaría de Salud Departamental del Atlántico.

En el mundo hay 17,6 millones de mujeres con el VIH y 2,2 millones niños. El departamento del Atlántico no se escapa de la pandemia del VIH/SIDA; de acuerdo con la información captada por el SIVIGILA y el Laboratorio Departamental de Salud Pública, desde 1987 hasta 2005, el número de casos va en ascenso; hubo una aparente disminución en 1999 que obedeció a la falta de disponibilidad de reactivos en el Laboratorio Departamental de Salud Pública y la reorientación en la prestación del servicio en cada aseguradora de salud. En los últimos 5 años la situación ha sido la siguiente: en el 2000 (57 casos), 2001 (23 casos), 2002 (43 casos), 2003 (104 casos), 2004 (115 casos), y 2005 (102 casos). La distribución por sexo ha cambiado del 2000 al 2004; la relación hombre: mujer era de 3:1 y en el 2005 es de 1:1, lo que implica una problemática para la mujer, puesto que la ocupación de ama de casa es, además, la más frecuente. El grupo de 20 a 39 años aporta 60% de los casos, situación que agrava la problemática si se tiene en cuenta que son personas jóvenes en edad económica y socialmente productivas. No hubo mujeres menores de 18 años con VIH. El mecanismo de transmisión es la heterosexualidad en 52,7%, el homosexualismo en 6,8%, y la transmisión vertical en 4%. A partir del 2003-2005, mediante el proyecto de

transmisión vertical, en el departamento se ha practicado la prueba a 9.882 mujeres gestantes de los 22 municipios, y se ha encontrado la siguiente incidencia por 100.000 habitantes: en el 2003 (123,3), el 2004 (195,7), y el 2005 (324,9), de los cuales hubo transmisión vertical en 2 (12,5%) niños, 4 niños (22%) están perdidos del seguimiento. La importancia de realizarse la prueba en el embarazo ocasiona que si la persona es positiva pueda tener tratamiento y disminuir la transmisión vertical a menos del 2% y sin tratamiento a 35-40%. Por medio del Programa Vida Digna del departamento se ha logrado la detección de embarazos a temprana edad para implementar el proyecto de transmisión vertical y para que se practiquen la prueba de manera oportuna.

P22. Frecuencia de cambios citológicos anales en pacientes positivos para VIH y posibles factores asociados.

Cataño JC¹, Jaramillo A², López M³, Duque M⁴, Betancur G⁵, Peláez LM⁶, Espinal DT², Correa LA², Estrada S²
¹Universidad de Antioquia; ²Laboratorio Clínico de la Congregación Mariana; ³Salud en casa; ⁴Comfenalco; ⁵Comfama; ⁶Universidad Pontificia Bolivariana.

Introducción. El cáncer anal corresponde al 1,5% de todos los cánceres de las vías digestivas. En el 2000 se diagnosticaron 3.400 casos nuevos en la población general de Estados Unidos, y es el cuarto cáncer más común en la población de pacientes positivos para VIH. **Objetivos.** Determinar las frecuencias de los cambios citológicos anales y su relación con algunas variables. **Materiales y métodos.** Es un estudio descriptivo con exploración de variables, en el cual se encuestaron los pacientes positivos para VIH remitidos de programas de algunas EPS y ARS y a quienes se les realizó una encuesta que incluía datos demográficos, epidemiológicos, clínicos y de laboratorio; se firmó el consentimiento informado para la toma de muestras de citología anal siguiendo las recomendaciones de Bethesda. **Resultados.** Se estudiaron 110 pacientes, pero sólo se obtuvo la información completa de 66. Cuarenta y seis (65,2%) pacientes pertenecían al régimen contributivo. Cuarenta y seis (65,2%) estaban en el rango de 20 a 40 años. Cuarenta y dos (63,6%) iniciaron relaciones sexuales entre los 15 y los 20 años. Veintitrés (34,8%) habían tenido más de 21 parejas en su vida sexual. Treinta y cinco (53%) usaron preservativo alguna vez. Cuarenta y siete (71,2%) habían tenido alguna infección de transmisión sexual (ITS). Treinta (45,5%) presentaron alteración en la citología anal. Al evaluar algunas variables con los cambios citológicos y sin cambios se encontró: de los pacientes con ITS, 44,7% tenía cambios en la citología Vs. 55,3% sin cambios (p = 0,8426); de los pacientes con más de 21 parejas, 60,9% presentó cambios en la citología Vs 39,1% (p = 0,1791); de los de inicio de relaciones sexuales entre los 9 y los 20 años, 43,3% presentó cambios en la citología Vs 56,6% sin cambios (p = 0,8125); de los de recuento de CD4 menor de 200, con cambios en la citología 50% Vs 50% sin cambios (p = 0,8832). Además, se encontró

que una tendencia de aumento en el riesgo genera cambios en la citología cuando se compararon los resultados de quienes nunca utilizaron el condón o algunas veces Vs los que siempre lo utilizaron (p = 0,1665). **Conclusiones.** La citología anal es un examen sencillo que permite detectar cambios tempranos que intervenidos a tiempo evitan la aparición de cáncer anal. Al comparar las variables, no se encontraron diferencias estadísticamente significativas.

P23. Diseño de una cohorte nacional de pacientes VIH/SIDA: estudio piloto.

Ávarez CA, Támara JR, Cortés JA, Vesga JF, Guerrero P, Gil F
 Hospital de San Ignacio.

Introducción. Reconociendo la carencia de información recolectada sistemáticamente en nuestro país, la importancia de la búsqueda de dicha información y las limitaciones del sistema de salud para que esa búsqueda se lleve a cabo, este trabajo pretende brindar información fidedigna de la situación actual en el manejo de los pacientes con infección por VIH con el fin de orientar las políticas de atención en nuestro país y, en un futuro, ampliar la cohorte a otras regiones del país. Este es un estudio piloto de recolección sistemática y organizada de datos relevantes sobre los pacientes infectados con VIH/SIDA, de manera local en el Hospital Universitario de San Ignacio y con el objetivo de expandirse a nivel nacional. **Materiales y métodos.** Por medio de una herramienta elaborada en Microsoft Access se introdujeron datos retrospectivos de 267 pacientes desde su ingreso al programa hasta el 2005. Los datos incluidos en la base de datos incluyen información personal de identificación, historia del diagnóstico de VIH y su tratamiento, factores de riesgo del paciente, medicamentos usados y actuales, efectos adversos de los mismos, consultas médicas, laboratorios relevantes, enfermedades concomitantes y hospitalizaciones. **Resultados.** De los 267 pacientes, 89,09% son hombres y 10,9% mujeres. El promedio global de recuento de LT CD4 es de 331,3 cel/ml, con promedio para hombres de 330,02 de 342,8 para mujeres. En este momento, 78,5% está con tratamiento antirretroviral y 21,5% no lo está. Para el año 2002, 58,2% de los pacientes tenía menos de 400 copias mientras que en el 2005, 66,6% tenía menos de 400 copias. **Conclusiones.** El contar con una herramienta estadística para recolectar y evaluar los pacientes con VIH/SIDA permitirá estudiar y conocer el comportamiento de la enfermedad en nuestro país y definir el perfil de nuestros pacientes en diferentes campos. Con la información recolectada es posible, en este momento, extraer, analizar y relacionar datos sobre tratamiento, carga viral y recuento de CD4, factores de riesgo, parámetros metabólicos, enfermedades marcadoras e infecciones oportunistas, reacciones adversas a los medicamentos y otros datos relacionados. Los datos preliminares de la experiencia local en el Hospital de San Ignacio muestran el control y el análisis que se puede llevar sobre los programas especializados en VIH.



Publicación trimestral.
 Órgano oficial de la Asociación Colombiana de Infectología, ACIN






Valor suscripción anual \$50.000.oo