

Preside: **Dr. Pablo Vial C.**

Secretaria: **Dra. Cecilia Perret P.**

Sala: **A- Valdivia**

Area: **Infecciones Emergentes**

Hora: **11:35 - 13:35**

CO-1

ALTA PREVALENCIA DE CEPAS DE *HELICOBACTER PYLORI* PORTADORES DE LOS GENOTIPOS *babA2* Y *cagA* con múltiples EPIYAS C EN PACIENTES CON ENFERMEDADES GASTROINTESTINALES EN LA REGIÓN DEL MAULE.

González Ileana, Romero M Jaqueline¹, Rodríguez Boris L², Morales Erick^{1 3}, Llanos Jorge^{1 3}, Figueroa Héctor¹, Valdez Eliana^{1 3}, Cofré Cecilia^{1 3} y Rojas Armando¹.

Facultad de Medicina Universidad Católica del Maule, Talca, Chile. Centro Nacional de Investigaciones Científicas, Cuba. Hospital Regional de Talca, Chile.

CO-2

DETECCIÓN DE PROTEÍNA TAX DE HTLV-1 EN PLASMA DE PACIENTES CON PARAPARESIA ESPÁSTICA TROPICAL ¿UN NUEVO MECANISMO PATOGENICO DEL HTLV-1?

Carolina Alberti, Godoy Fabián, Cartier Luis, Valenzuela María A, Puente Javier, Kettlun Ana M, Ramírez Eugenio.

Subdepto. Virología, Instituto de Salud Pública; Programa Virología, ICBM, Depto. Ciencias Neurológicas, Fac. Medicina y Depto. Bioq. y Biol. Molecular, Fac. Cs. Químicas y Farmacéuticas, U. de Chile.

CO-3

VIGILANCIA, PERFILES DE VIRULENCIA Y RELACIONES CLONALES DE CEPAS DE *LISTERIA MONOCYTOGENES* AISLADAS DESDE ALIMENTOS EN LA REGIÓN METROPOLITANA

Vidal Maricel, Bodero Marcia, Contardo Nicolle, Riveros Guillermina, Fuentes David, Vidal Roberto

Sección Microbiología, Laboratorio de Salud Ambiental, SEREMI de SALUD RM

CO-4

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE UNA ISLA DE PATOGENICIDAD DE AISLADOS CLÍNICOS DE *VIBRIO CHOLERAE* NO-O1, NO-O139 OBTENIDOS DE UN BROTE EN ANTOFAGASTA DURANTE EL VERANO 2009-2010.

Tania Henríquez Apablaza, Carlos G. Osorio Abarzúa, María Teresa Ulloa Flores

Laboratorio de Microbiología Molecular, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile

CO-5

PREVALENCIA DE HIDATIDOSIS HUMANA Y EQUINOCOCOSIS CANINA EN LOCALIDADES DE SECTOR RURAL DE LA PROVINCIA DEL LIMARÍ, REGIÓN DE COQUIMBO

Acosta Jamett, G. (1); Weitzel T. (2,3), Adones C. (4); Reiter-Owona, I. (5)

(1) *Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral, Valdivia*

(2) *Instituto de Medicina Tropical, Facultad de Medicina Charité, Berlin*

(3) *SEREMI de Salud, Región de Coquimbo*



CO-6

INFECCIÓN POR VIRUS INFLUENZA A H1N1 EN PERSONAL DE SALUD CON ALTO Y BAJO NIVEL DE EXPOSICIÓN LABORAL.

Sandoval Carmen, Ferrés Marcela, Retamal Javiera, Cerda Jaime, Medina Rafael, García-Satre Adolfo y Hirsch Tamara

Departamento de Pediatría, Unidad de Infectología, Pontificia Universidad Católica de Chile; Department of Microbiology and Department of Medicine Mount Sinai School of Medicine of New York, USA.

CO-7

ENSAYO CLÍNICO CONTROLADO DE METILPREDNISOLONA EN DOSIS ALTA PARA EL TRATAMIENTO DEL SÍNDROME CARDIOPULMONAR POR HANTAVIRUS EN CHILE

Pablo Vial¹, Francisca Valdivieso¹, Marcela Ferres², Raul Riquelme³, M Luisa Rioseco³, Mario Calvo⁴, Constanza Castillo⁵, Ricardo Díaz⁶, Luis Scholz⁷, Analia Cuiza¹, Edith Belmar¹, Carla Hernandez¹, Sang-Joon Lee⁸, Gregory Mertz⁸, y grupo de estudio de hantavirus.

¹Facultad de Medicina, Clínica Alemana-Universidad del Desarrollo, ²Pontificia Universidad Católica de Chile, ³Hospital Regional de Puerto Montt, ⁴Hospital Base de Valdivia, ⁵Hospital Regional de Temuco, ⁶Hospital Base de Los Angeles, ⁷Hospital Base de Osorno, ⁸University of New Mexico, Albuquerque, NM.

CO-8

GENOTIPIFICACIÓN EN BASE A LA PROTEÍNA M DE CEPAS CLÍNICAS DE STREPTOCOCCUS PYOGENES AISLADAS DE PACIENTES CON INFECCIONES INVASORAS Y FARÍNGEAS EN CHILE ENTRE 1996 Y 2007.

Aniela Wozniak Banchemo, Wozniak A¹.; Rojas P¹.; Rodríguez C¹.; Garate C.¹; Zumarán C.¹; Riedel I¹.; Román JC¹.; Kalergis A². y García P¹.

¹Laboratorio de Microbiología; Departamento de Laboratorios Clínicos; Facultad de Medicina; Pontificia Universidad Católica de Chile.

²Núcleo Milenio en Inmunología e Inmunoterapia, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas. Pontificia Universidad Católica de Chile.

Preside: **Dr. Pablo Vial C.**Secretaria: **Dra. Cecilia Perret P.**Sala: **A- Valdivia**Area: **Infecciones Emergentes**Hora: **11:35 - 11:50**

ALTA PREVALENCIA DE CEPAS DE *HELICOBACTER PYLORI* PORTADORES DE LOS GENOTIPOS baba2 Y cagA con múltiples EPIYAS C EN PACIENTES CON ENFERMEDADES GASTROINTESTINALES EN LA REGIÓN DEL MAULE.

Primer Autor: González Ileana

Otros Autores: Romero M Jaqueline¹, Rodríguez Boris L², Morales Erick^{1 3}, Llanos Jorge^{1 3}, Figueroa Héctor¹, Valdez Eliana^{1 3}, Cofré Cecilia^{1 3} y Rojas Armando¹.

Relator: González Ileana

Lugar De Trabajo: Facultad de Medicina Universidad Católica del Maule, Talca, Chile. Centro Nacional de Investigaciones Científicas, Cuba. Hospital Regional de Talca, Chile.

Introducción *Helicobacter pylori* es el agente patógeno más común asociado a patologías gastroduodenales inflamatorias, representando un factor de riesgo importante en el desarrollo de cáncer gástrico. El cáncer gástrico se ha convertido en una patología prevalente ocupando una de las principales causas de muerte por neoplasias en Chile. La tasa de mortalidad nacional por cáncer gástrico se encuentra sobre 15/100,000 habitantes, pero en la Región del Maule, esta alcanza un valor sobre 21/100 000. La adhesión de *H. pylori* a las células epiteliales gástricas, es mediada por varias adhesinas, entre ellas BabA que se une al antígeno B de Lewis altamente expresado en el epitelio gástrico del hospedero; esta unión parece facilitar la inyección de la proteína CagA mediante un sistema de secreción tipo IV y generar profundos cambios en la célula epitelial involucrados en el desarrollo de adenocarcinoma gástrico, úlcera péptica y gastritis severa. La región 3' del gen *cagA* contiene secuencias repetidas, que contienen motivos EPIYA, los cuales se clasifican como EPIYA-A, EPIYA-B, y EPIYA-C y se definen por la correspondiente secuencia de aminoácida. El número de motivos EPIYAS C influyen significativamente en el nivel de fosforilación de CagA, el grado de unión a SHP-2 y en la magnitud de los cambios a nivel del citoesqueleto inducidos por *H. pylori*. Estudios previos realizados en Chile, reportan una prevalencia del 30% de cepas de *H. pylori* portadoras de los genes *cagA* y un 3,5% de cepas *baba2* positivos. Hasta la fecha, no hay estudios en el país sobre la caracterización molecular de los motivos de fosforilación presentes en la región 3' del gen *cagA*. La caracterización de estos motivos podría brindar información adicional relacionada con la patogénesis de la infección y la alta tasa de cáncer gástrico.

Objetivos: Determinar la prevalencia de los genotipos *baba2* y *cagA* en aislados clínicos de *H. pylori* en pacientes portadores de enfermedades gastrointestinales en la región del Maule. Caracterizar los motivos EPIYA de la región 3' del gen *cagA* en aislados clínicos y relacionarlos con cambios histopatológicos. **Materiales y métodos:** Utilizando la técnica del PCR, fueron evaluados los genotipos *baba2*, *cagA* y los motivos EPIYAS en 47 aislados clínicos de *H. pylori* provenientes de 60 pacientes con enfermedad gastrointestinal que acudieron al servicio de Gastroenterología del Hospital de Regional de Talca durante el año 2009. El grado de inflamación, metaplasia y la actividad neutrófilo se determinó mediante la observación histológica. Las muestras fueron obtenidas a partir de biopsias endoscópicas, previa firma del consentimiento informado de los participantes. El presente estudio fue aprobado por el Comité de Ética del Servicio del Salud del Maule. **Resultados:** El gen que codifican para la proteína CagA fue detectado en 41 (87,2 %) de los aislados obtenidos, mientras que el gen que codifican para la adhesina BabA2 fue detectado en todas las cepas estudiadas (100%). Estos resultados difieren de lo reportado en otras Regiones de Chile. El 42% de los aislados clínicos son portadores de múltiples EPIYA C (más de 2). El análisis histopatológico relaciona el 80% de las infecciones con múltiples EPIYA C con un mayor grado de inflamación crónica y de actividad polimorfonuclear. La incidencia de metaplasia intestinal también aumenta con el la presencia de múltiples EPIYA C. **Conclusiones:** Existe una alta prevalencia de cepas portadoras de los genotipos *cagA* y *baba2* en aislados clínicos de *H. pylori* en la región del Maule. Además, encontramos una alta prevalencia de cepas portadoras de múltiples EPIYAS C y una asociación entre la presencia de los mismos con cambios histológicos severos. La alta incidencia de cepas portadoras de ambos genotipos y de múltiples EPIYAS C podría explicar la alta tasa de cáncer gástrico en la Región del Maule.

Preside: Dr. Pablo Vial C.	Secretaria: Dra. Cecilia Perret P.	Sala: A- Valdivia
Area: Infecciones Emergentes	Hora: 11:50 - 12:05	

DETECCIÓN DE PROTEÍNA TAX DE HTLV-1 EN PLASMA DE PACIENTES CON PARAPARESIA ESPÁSTICA TROPICAL
¿UN NUEVO MECANISMO PATOGENICO DEL HTLV-1?

Primer Autor: Carolina Alberti

Otros Autores: Godoy Fabián, Cartier Luis, Valenzuela María A, Puente Javier, Kettlun Ana M, Ramírez Eugenio.

Relator: Ramírez Eugenio

Lugar De Trabajo: Subdepto. Virología, Instituto de Salud Pública; Programa Virología, ICBM, Depto. Ciencias Neurológicas, Fac. Medicina y Depto. Bioq. y Biol. Molecular, Fac. Cs. Químicas y Farmacéuticas, U. de Chile.

Antecedentes: El retrovirus humano HTLV-1 es el agente etiológico de la leucemia/linfoma de células T del adulto (ATL), la paraparesia espástica tropical /mielopatía asociada al HTLV (TSP/HAM) y múltiples otras enfermedades inflamatorias. El HTLV-1 infecta principalmente los linfocitos T regulatorios CD4+CD25+ a través de una infección persistente. La expresión de la oncoproteína viral Tax es fundamental para la patogenia del HTLV-1. Esta proteína sólo ha sido descrita en el interior de las células infectadas. La mayoría de los mecanismos moleculares del daño celular provocado por Tax aún son desconocidos. **Objetivo:** El objetivo de este trabajo fue evaluar la presencia de la proteína viral Tax en el plasma de pacientes con TSP/HAM. **Material y métodos:** Mediante el ensayo de Western Blot (WB) se analizaron muestras de plasma de pacientes con TSP/HAM, usando un anticuerpo monoclonal contra la proteína Tax. Los controles incluyeron WB para proteínas intracelulares y el análisis de plasma de pacientes no infectados con HTLV-1. **Resultados:** En todos los pacientes TSP/HAM se detectó la presencia de Tax en el plasma. Los pacientes no infectados fueron todos negativos a Tax plasmático. **Conclusiones:** La detección, por primera vez, de Tax en el plasma de paciente TSP/HAM indica la secreción de esta proteína viral. Este hallazgo sugiere nuevos mecanismos moleculares para entender la patogenia del HTLV-1 en el TSP/HAM.

Financiamiento: Proyecto Fondecyt 108-0396

Preside: **Dr. Pablo Vial C.**Secretaria: **Dra. Cecilia Perrret P.**Sala: **A- Valdivia**Area: **Infecciones Emergentes**Hora: **12:05 - 12:20**

VIGILANCIA, PERFILES DE VIRULENCIA Y RELACIONES CLONALES DE CEPAS DE *LISTERIA MONOCYTOGENES* AISLADAS DESDE ALIMENTOS EN LA REGIÓN METROPOLITANA

Primer Autor: Vidal Maricel

Otros Autores: Bodero Marcia, Contardo Nicolle, Riveros Guillermina, Fuentes David, Vidal Roberto

Relator: Vidal Maricel

Lugar De Trabajo: Sección Microbiología, Laboratorio de Salud Ambiental, SEREMI de SALUD RM

Introducción. *Listeria monocytogenes* es el agente causal del cuadro denominado listeriosis, cuyas manifestaciones clínicas varían desde una gastroenteritis febril que generalmente es autolimitada, a la forma más severa que es invasiva y caracterizada por cuadros de meningitis, meningoencefalitis e infecciones materno fetales. La bacteria es ubicua, se aísla desde suelo, agua, heces y alimentos, siendo éstos la principal fuente de infección hacia humanos. La tasa de incidencia de listeriosis es baja comparada con la de otros patógenos transmitidos por alimentos, como *Salmonella* spp. y *Shigella* spp. Sin embargo, es preocupante la elevada tasa de mortalidad asociada, que va de un 20% y hasta 30%, dependiendo del país. No obstante, *L. monocytogenes* es considerado un patógeno oportunista, que infecta principalmente a grupos de riesgo dentro de una población: mujeres embarazadas, adultos mayores y pacientes con algún grado de inmunosupresión VIH, Cáncer, Transplante, etc.. En Chile, *L. monocytogenes* se incorporó recientemente en el Reglamento Sanitario de los Alimentos (RSA), por lo que sólo a partir del año 2008 se comenzó la vigilancia microbiológica en los alimentos que podrían contenerla. **Objetivo.** Detectar la presencia de *L. monocytogenes* en alimentos refrigerados susceptibles de estar contaminados y caracterizar los aislamientos obtenidos en base a genes de virulencia, serotipos y relaciones clonales. **Materiales y Métodos.** La detección de *L. monocytogenes* en 850 muestras de alimentos se realizó mediante la metodología VIDAS Listeria DUO, los aislamientos obtenidos fueron confirmados sembrando en agar cromogénico ALOA y agar sangre (TSA 5% sangre de cordero). La identificación de los genes de virulencia (*prfA*, *plcA*, *hly*, *mpl*, *actA*, *plcB*, *inlA* e *inlB*) y serotipos se realizó por medio de reacciones de amplificación en cadena de polimerasa (PCR) y las relaciones clonales de los aislamientos obtenidos desde alimentos y 40 cepas de origen clínico cedidas gentilmente por el Instituto de Salud Pública de Chile, se analizaron a través de electroforesis en geles de campo pulsado (PFGE). **Resultados.** El 25% (212/850) de los alimentos estudiados estaban contaminados con *L. monocytogenes*. Los tipos de alimentos que presentaron mayor porcentaje de aislamientos fueron: mariscos congelados 23% (50/212), quesos crema 22% (46/212) y paté 16% (34/212). La identificación de factores de virulencia y serotipificación se realizó en 195 de los 212 aislamientos positivos a *L. monocytogenes*. Un 53% (104/195) de los aislamientos analizados presentó amplificado para los seis genes de virulencia que forman parte de la isla de patogenicidad descrita en *L. monocytogenes* (*prfA*, *plcA*, *hly*, *mpl*, *actA* y *plcB*) y en un 47% (90/195) de ellos fueron detectados además los genes de *inlA* e *inlB* que codifican para 2 internalinas. Por otro lado, se observó que un 95% (185/195) de los aislamientos de *L. monocytogenes* analizados correspondieron a los serotipos descritos en la literatura como más prevalentes y causantes de infecciones en humanos (1/2a, 1/2b, 1/2c y 4b). A través del análisis de PFGE, se pudo observar que del total de aislamientos analizados de alimentos y de origen clínico, 151 se relacionaron estrechamente con un porcentaje de identidad igual o superior a 80%. Es importante destacar que el grupo mayoritario estuvo formado por cepas de origen clínico del año 2008 y aislamientos provenientes de quesos blandos que fueron asociados con el primer brote masivo de listeriosis ocurrido en nuestro país este mismo año, que pertenecen al serotipo 4b y que presentaron amplificado para los 8 genes de virulencia analizados (*prfA*, *plcA*, *hly*, *mpl*, *actA*, *plcB*, *inlA* e *inlB*). **Conclusiones.** *L. monocytogenes* está presente en alimentos de consumo habitual por la población. El 47% de los aislamientos obtenidos desde alimentos presentaron los 8 genes de virulencia analizados y por lo tanto, son potencialmente patógenos para el humano. Los serotipos predominantes tanto en las cepas de origen clínico como en las obtenidas desde alimentos corresponden a los más prevalentes a nivel mundial y que se asocian al desarrollo de listeriosis (4b, 1/2a y 1/2b). Finalmente, los aislamientos obtenidos desde alimentos se relacionan genéticamente con cepas de *L. monocytogenes* de origen clínico con un porcentaje superior o igual a 80%.

Preside: **Dr. Pablo Vial C.**Secretaria: **Dra. Cecilia Perret P.**Sala: **A- Valdivia**Area: **Infecciones Emergentes**Hora: **12:20 - 12:35**

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE UNA ISLA DE PATOGENICIDAD DE AISLADOS CLÍNICOS DE *VIBRIO CHOLERA*E NO-O1, NO-O139 OBTENIDOS DE UN BROTE EN ANTOFAGASTA DURANTE EL VERANO 2009-2010.

Primer Autor: Tania Henríquez Apablaza

Otros Autores: Carlos G. Osorio Abarzúa, María Teresa Ulloa Flores

Relator: Tania Henríquez Apablaza

Lugar De Trabajo: Laboratorio de Microbiología Molecular, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile

Los factores de virulencia de *Vibrio cholerae* no-O1, no-O139 no se conocen. La mayoría de estas cepas no presentan la toxina del cólera denominada CTX (*ctxA* negativos) y tampoco el pilus de adherencia tipo IV denominado TCP (*tcpA* negativas), siendo ambos los factores de virulencia más importantes descritos en *V. cholerae* O1 y O139. Nuestro grupo previamente reportó la caracterización microbiológica y molecular de un aislado clínico de *V. cholerae* no-O1, no-O139, causante del fallecimiento por septicemia de una paciente en el año 2005 en Valparaíso (Rev. Med. Chile 2009; 137: 1193-1196). Mediante la secuenciación del genoma de esta cepa, pudimos demostrar que este aislado clínico de *V. cholerae* no-O1, no-O139 posee en su genoma una región génica homóloga a la isla de patogenicidad de *V. parahaemolyticus* (estructura genómica localizada en el cromosoma 2 o menor de *V. parahaemolyticus* y que contiene los genes de virulencia más importantes de esta especie entre los cuales destacan el gen codificante para la hemolisina directa termoestable o TDH y un sistema de secreción tipo III denominado TTSS2). La isla de patogenicidad detectada en nuestra cepa septicémica de *V. cholerae* no-O1, no-O139 tiene un tamaño aproximado de 30 kpb (la isla original de *V. parahaemolyticus* posee un tamaño de 90 kpb) y un ordenamiento genético similar entre ambas especies. La diferencia en tamaño se explica fundamentalmente por la ausencia en la isla de *V. cholerae* no-O1, no-O139 de la región proximal o 5' de la isla de *V. parahaemolyticus* (región que contiene el gen codificante para TDH). En el verano 2009-2010 ocurrió en Antofagasta un brote epidémico de gastroenteritis aguda causado por consumo de agua contaminada. Entre los microorganismos aislados se pudo obtener 6 cepas de *V. cholerae* no-O1, no-O139. Dados los antecedentes reportados previamente por nuestro laboratorio, se decidió caracterizar genéticamente estas nuevas cepas en cuanto a la presencia de la isla de patogenicidad antes mencionada. Todas las cepas fueron estudiadas primeramente para confirmar su especie y su serotipo mediante ensayos microbiológicos estándar (agar cromogénico Vibrio, agar TCBS, galería API, test de oxidasa, serotipificación anti-O1 y anti-O139, entre otros). Luego se confirmó la ausencia de los genes *ctxA* y *tcpA* mediante ensayos de PCR estándar. Seguidamente con el objetivo de demostrar si estas cepas poseían o no la isla de patogenicidad y si ésta estaba en una versión completa o truncada, se diseñaron partidores específicos para los extremos 5' (segmento génico *vcsN2-vcsC2* de 2504 pb) y 3' (*vcsU2-vcsV2* de 873 pb) y para la región génica localizada entre ambas (*vspD-vcsJ2* de 1832 pb). Cinco de las cepas (83%) fueron positivas para las tres regiones de la isla, lo que sugiere fuertemente que ellas poseen una versión completa de esta estructura (homóloga a la isla de patogenicidad de la cepa septicémica de *V. cholerae* no-O1, no-O139 antes mencionada). Sólo una cepa resultó negativa para los tres regiones analizadas. Con el objetivo de descartar que estas cepas conformasen un complejo clonal, se realizaron ensayos de ERIC-PCR. Los resultados obtenidos por esta técnica son concordantes con un origen policlonal de estas cepas. Los resultados obtenidos en su conjunto son muy destacables pues permiten sugerir que la isla de patogenicidad detectada en la cepa septicémica de *V. cholerae* no-O1, no-O139 pudiese estar participando activamente en virulencia. Nuestro laboratorio se encuentra actualmente construyendo mutantes nulas de esta isla de patogenicidad con el objetivo final de ensayarlas en un modelo lactante murino y demostrar su grado de participación en virulencia.

Preside: **Dr. Pablo Vial C.** Secretaria: **Dra. Cecilia Perret P.** Sala: **A- Valdivia**
 Area: **Infecciones Emergentes** Hora: **12:35 - 12:50**

PREVALENCIA DE HIDATIDOSIS HUMANA Y EQUINOCOCOSIS CANINA EN LOCALIDADES DE SECTOR RURAL DE LA PROVINCIA DEL LIMARÍ, REGIÓN DE COQUIMBO

Primer Autor: Gerardo Acosta Jamett (1)
Otros Autores: Acosta Jamett, G. (1); Weitzel T. (2,3), Adones C. (4); Reiter-Owona, I. (5)
Relator: Gerardo Acosta Jamett
Lugar De Trabajo: (1) Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral, Valdivia
 (2) Instituto de Medicina Tropical, Facultad de Medicina Charité, Berlin
 (3) SEREMI de Salud, Región de Coquimbo



Introducción: La hidatidosis es una enfermedad zoonótica causada por el estadio quístico del parásito *Echinococcus granulosus*. En el ciclo de vida de este parásito, los huéspedes definitivos son principalmente perros, en cuyos intestinos se desarrolla el céstodo adulto, el cual elimina huevos al medio ambiente por medio de sus heces. Los huéspedes intermediarios son principalmente ganado doméstico, los cuales se contagian al alimentarse de vegetación contaminada. Estos desarrollan un estado larval en diversos órganos (quistes). El perro se infecta y cierra el ciclo cuando consume interiores de animales que contengan estos quistes infectantes. El ser humano se contagia cuando entra en contacto de forma accidental con los huevos excretados por las fecas de perros. Esta enfermedad parasitaria es descrita como una afección rural, ya que es allí donde se dan los factores de riesgo para la mantención del parásito, tales como el fácil acceso de los perros a órganos de ganado infectado con quistes y falta de educación sanitaria entre otras. A pesar de la alta incidencia de esta enfermedad en nuestro país se han desarrollado pocos estudios epidemiológicos que determinen la prevalencia real de la enfermedad en poblaciones humanas y de perros en zonas rurales y no se han realizado estudios locales para determinar los factores de riesgo asociados a la infección. **Objetivos:** Determinar la seroprevalencia y los factores de riesgo de hidatidosis en población humana y de equinococosis en caninos de localidades rurales de la provincia del Limarí de la región de Coquimbo. **Material y Métodos:** Desde Agosto a Noviembre del 2009 se realizó un estudio transversal en zonas rurales de la provincia del Limarí, utilizando un muestreo estratificado dependiendo del número de poblados existentes en cada una de las cinco comunas de la provincia, utilizando el software Win Episcopo para el cálculo del tamaño muestral. En cada zona seleccionada se realizaron encuestas epidemiológicas a personas adultas de un máximo de 10 viviendas seleccionadas al azar. Después de cada encuesta, se obtuvo una muestra sanguínea del encuestado y una muestra fecal fresca de un perro de la vivienda. Para determinar seropositividad de hidatidosis en humanos se usó una prueba de ELISA comercial en placas para determinar anticuerpos IgG y se realizó la confirmación de la infección con una prueba de Western-Blot. Un Elisa coproantígeno se utilizó para determinar la presencia de *E. granulosus* en fecas. Con la combinación de los resultados de la encuesta y los análisis de laboratorio se realizaron regresiones logísticas multivariadas con ajuste por la proporción de muestras en cada comuna para determinar los factores de riesgo para la infección con hidatidosis en humanos y para la presencia de muestras positivas a *E. granulosus* en perros. **Resultados:** Se realizaron 393 encuestas y se obtuvieron 403 muestras sanguíneas y 393 muestras fecales de perros. Con la prueba de Elisa se detectó un 13% de prevalencia en humanos, lo que luego disminuyó a 2.5% con la prueba de Western-Blot. No existieron diferencias entre comunas y el único factor de riesgo para la infección en humanos fue el alto contacto con perros. Se encontró una prevalencia de un 22% de las muestras fecales de perros positivas a coproantígeno, encontrándose que los animales que no eran de raza y que provenían de viviendas donde sacrificaban animales para autoconsumo tenían el mayor riesgo de estar infectados con el parásito. **Conclusiones:** La hidatidosis se presenta en una muy alta prevalencia en la provincia del Limarí (2.5% en humanos y 22% perros). Estudios previos habían determinado similar prevalencia tanto en humanos como en perros, pero en el caso de los humanos no se realizó una prueba confirmatoria. Existen todos los factores de riesgo para que la enfermedad se presente de forma endémica. Se sugiere extender este tipo de estudios a otras zonas de la región para conocer el real impacto de la enfermedad.

Preside: Dr. Pablo Vial C.	Secretaria: Dra. Cecilia Perret P.	Sala: A- Valdivia
Area: Infecciones Emergentes	Hora: 12:50 - 13:05	

INFECCIÓN POR VIRUS INFLUENZA A H1N1 EN PERSONAL DE SALUD CON ALTO Y BAJO NIVEL DE EXPOSICIÓN LABORAL.

Primer Autor: Sandoval Carmen
Otros Autores: Ferrés Marcela, Retamal Javiera, Cerda Jaime, Medina Rafael, García-Satre Adolfo y Hirsch Tamara
Relator: Sandoval Carmen
Lugar De Trabajo: Departamento de Pediatría, Unidad de Infectología, Pontificia Universidad Católica de Chile; Department of Microbiology and Department of Medicine Mount Sinai School of Medicine of New York, USA.

Antecedentes: Los trabajadores de la salud tienen mayor riesgo de infecciones respiratorias especialmente durante brotes, constituyendo un grupo objetivo estratégico para implementar medidas preventivas. El objetivo del presente estudio fue estimar prevalencia de respuesta humoral (anticuerpos totales) contra virus influenza humana A H1N1-2009 en personal de salud durante la pandemia, contrastando niveles altos y bajos de exposición laboral.

Materiales y Métodos: Estudio transversal. Se realizó detección de anticuerpos anti influenza A H1N1-2009 en muestras de suero tomadas al personal del servicio de urgencia y pabellones quirúrgicos durante diciembre 2009 y enero-febrero 2010 y que trabajó entre las semanas epidemiológicas 20 y 29 de la pandemia de influenza A H1N1 2009. Las muestras fueron procesadas por técnica de inhibición de hemaglutinación, considerándose positiva diluciones $\geq 1/40$. Se aplicó un cuestionario sobre antecedentes clínicos, epidemiológicos y cumplimiento de medidas de prevención. El análisis estadístico se realizó mediante el programa estadístico SPSS 15.0. ($p < 0,05$).

Resultados: Se obtuvieron 117 muestras, 76 de servicio urgencia y 41 de pabellones quirúrgicos, edad promedio 39 años (21-64 años). 34 sujetos fueron seropositivos (29,1%); 12 (35,3%) fueron asintomáticos (9 del servicio de urgencia y 3 de pabellones quirúrgicos), 22 (64,7%) presentaban patologías de base (11 tabaquismo, 5 obesidad, 3 asma, 2 insuficiencia renal crónica y 1 inmunodeficiencia), de ellos 72,7% (16/22) fueron sintomáticos. Por estamento fueron seropositivos: médicos 33,3% (7/21), enfermeras 25% (8/32), auxiliares enfermería 20% (8/40) y otros (personal aseo, secretarias y guardias) 50% (11/22). El 26,5% (9/21) del personal seropositivos tuvo contactos con familiares enfermos, 5 de los cuales no presentaron sintomatología. Los títulos serológicos más elevados ($\geq 1/160$) detectados en cuatro sujetos correspondieron todos a funcionarios del servicio de urgencia. La prevalencia de serología positiva en personal del servicio de urgencia fue 36,8% (28/76) y en personal de pabellones quirúrgicos 14,6% (6/41). El análisis univariado demostró que las variables asociadas significativamente a seropositividad fueron: no uso de mascarilla y trabajar en SU. El análisis multivariado mostró que el lugar de trabajo fue la única variable asociada a seropositividad anti influenza A H1N1-2009, con mayor riesgo en el personal del servicio de urgencia (OR 3,51; IC95% 1,01-12,22). Extrapolando la prevalencia de seropositividad muestral al total de funcionarios (140 servicio de urgencia y 120 pabellones quirúrgicos), la prevalencia global estimada es 26,6% (IC95% 21,2-32,0%).

Conclusiones: Se estima que 1 de cada 4 trabajadores de la salud presentó seropositividad anti influenza A H1N1 durante la pandemia 2009. Entre 1/3 y 1/5 de los funcionarios del servicio de urgencia y de pabellones quirúrgicos respectivamente tuvieron infección confirmada, de los cuales sólo 1/3 fueron sintomáticos. Lo anterior refleja el mayor riesgo de enfermar que tiene el personal de salud en general, pero sobre todo el de urgencia con respecto al estimado nacional (aproximadamente 12%) y confirma la necesidad de implementar medidas de prevención óptimas en este grupo debido al mayor riesgo que tienen de transmitir la infección.

Preside: **Dr. Pablo Vial C.**Secretaria: **Dra. Cecilia Perret P.**Sala: **A- Valdivia**Area: **Infecciones Emergentes**Hora: **13:05 - 13:20****ENSAYO CLÍNICO CONTROLADO DE METILPREDNISOLONA EN DOSIS ALTA PARA EL TRATAMIENTO DEL SÍNDROME CARDIOPULMONAR POR HANTAVIRUS EN CHILE****Primer Autor:** Pablo Vial¹**Otros Autores:** Francisca Valdivieso¹, Marcela Ferres², Raul Riquelme³, M Luisa Rioseco³, Mario Calvo⁴, Constanza Castillo⁵, Ricardo Díaz⁶, Luis Scholz⁷, Analia Cuiza¹, Edith Belmar¹, Carla Hernandez¹, Sang-Joon Lee⁸, Gregory Mertz⁸, y grupo de estudio de hantavirus.**Relator:** Pablo Vial**Lugar De Trabajo:** ¹Facultad de Medicina, Clínica Alemana-Universidad del Desarrollo, ²Pontificia Universidad Católica de Chile, ³Hospital Regional de Puerto Montt, ⁴Hospital Base de Valdivia, ⁵Hospital Regional de Temuco, ⁶Hospital Base de Los Angeles, ⁷Hospital Base de Osorno, ⁸University of New Mexico, Albuquerque, NM.

Antecedentes: El Síndrome Cardiopulmonar por hantavirus (SCPH) presenta una tasa de letalidad global de 36% en Chile. A la fecha no existe un tratamiento ni vacuna efectiva contra esta infección. **Objetivo:** determinar la seguridad y eficacia del uso de metilprednisolona (MP) a dosis alta para el SCPH. **Material y método:** Entre Enero 2003 y Abril 2010 se enrolaron pacientes con sospecha de SCPH en fase cardiopulmonar en 8 centros de Chile, en un estudio doble ciego controlado con placebo (PL). Los pacientes se randomizaron para recibir MP 8mg/kg (hasta 500mg) en 1 hora, la misma dosis en 23 horas, y posteriormente 16mg/kg (hasta 1000mg) durante 24 horas los días 2 y 3 o placebo. La confirmación diagnóstica se realizó mediante detección de anticuerpos IgM en suero o RNA de virus Andes en células sanguíneas. **Resultados:** Se enrolaron 66 pacientes, en 60 de los cuales se confirmó el SCPH. Al momento del enrolamiento, 15/30 pacientes confirmados randomizados a PL presentaban shock, versus 9/30 randomizados a MP ($p=0.187$). No hubo muertes en los casos no confirmados de SCPH. La mortalidad en pacientes con SCPH fue de 33.3% (20/60), incluyendo 12/30 en el grupo PL y 8/30 en el de MP ($p=0.412$). Se observó también una tendencia a menor progresión en los otros outcomes primarios en el grupo de MP, que no fue significativo, esto es, $PaO_2/FiO_2 \leq 55$ 4/30 vs 2/30 (6.7%) $p=0.67$; Índice Cardíaco ≤ 2.2 2/6 vs. 0/3 $p=0.50$ en los grupos P y MP respectivamente; progreso a cualquier outcome primario PL= 14/30 (46.6%) vs. MP 8/30 (26.7%) $p=0.18$. La progresión a shock refractario, días de uso de drogas vasoactivas, duración de la intubación, hospitalización y estadía en UCI fueron mayores en el grupo PL pero las diferencias en estos outcomes secundarios no fueron significativas. No hubo diferencias en el número de casos que presentaron eventos adversos serios (EAS): 22/34 con PL vs 17/32 con MP ($p=0.45$). Los EAS más frecuentes fueron shock y aumento de transaminasas. Sólo un paciente presentó un EAS potencialmente asociado a MP, una neumonía asociada a VM en el grupo P. **Conclusiones:** El tratamiento de pacientes con sospecha de SCPH en la fase cardiopulmonar con altas dosis de MP es seguro y no se observaron EAS claramente atribuibles a la MP. No se observó una diferencia en reducción de la letalidad ni en otras variables significativas entre ambos grupos. El estudio alcanzó su meta de enrolamiento y es el mayor estudio de tratamiento del SCPH realizado hasta la fecha.

Preside: **Dr. Ricardo Rabagliati B.**

Secretario: **Dr. Michel Serri V.**

Sala: **B- Río Cruces**

Area: **Infecciones de Transmisión Sexual**

Hora: **11:35 - 13:35**

CO-9

IDENTIFICACIÓN Y GENOTIPIFICACIÓN DE VIRUS PAPILOMA HUMANO EN PACIENTES NO VIH CON CONDILOMAS ACUMINADOS TRATADOS: ESTUDIO PROSPECTIVO

Elgueta Noy Andrea¹; Gamé Anne Marie²; Giacaman Paula³; Gómez Orietta¹; Chnaiderman Jonás² y Martínez María José².

1Departamento Dermatología Hospital Clínico Universidad de Chile. 2Programa de Virología. Instituto de Ciencias Biomédicas. Facultad de Medicina Universidad de Chile. 3Centro de ETS. Hospital San José. Santiago de Chile.

CO-10

NUEVOS ANTIRETROVIRALES EN NIÑOS Y ADOLESCENTES QUE VIVEN CON VIH/SIDA

Vizueta Eloísa , Galaz M.Isabel;Alvarez Anamaria;Peña Ana;Gonzalez Marcela;Cofre José;Chavez Ana;Wu Elba.

H. San Borja Arriarán,H. Roberto del Río, H.San Juan de Dios, H. Sótero del Río,H.Gustavo Fricke, H.Luis Calvo Mackenna,H. Exequiel Gonzalez Cortés.

CO-11

IMPLEMENTACIÓN DE ELISA PARA *TREPONEMA PALLIDUM* (TP) EN EL DIAGNÓSTICO DE SÍFILIS EN PACIENTES VIH/SIDA INGRESADOS A PROGRAMA EN HOSPITAL SAN JUAN DE DIOS DE SANTIAGO DURANTE 2007 A 2010

Chanqueo Leonardo, Rodríguez B (2), Suárez F (3), Muñoz M (3), Vásquez P (1)

Centro de Atención VIH/SIDA HSJD (1), Laboratorio Clínico HSJD (2), Alumnos Medicina Universidad del Desarrollo (3)

CO-12

ANÁLISIS COMPARATIVO DE LA RESPUESTA A TERAPIA ANTIRRETROVIRAL ENTRE POBLACIÓN CRIOLLA Y DESCENDIENTE MAPUCHE.

Orellana Lizzy, Moldenhauer Nicia, Blackburn Eileen, Díaz Verónica, Gómez Jorge, Chaín Carolina, Calvo Mario

Instituto de Medicina, Universidad Austral de Chile. Hospital Clínico Regional Valdivia. Hospital Hernán Henríquez Aravena de Temuco.

CO-13

INICIO DE TERAPIA ANTIRETROVIRAL EN PACIENTES CHILENOS MAYORES DE 70 AÑOS EN LA COHORTE CHILENA DE SIDA: DESCRIPCIÓN BASAL, RESPUESTA VIROLÓGICA E INMUNOLÓGICA Y MORTALIDAD

Rodrigo Muñoz Bravo, Alvaro Morales A., Gonzalo Wilson , Marcelo Wolff por Grupo SIDA CHILE

Fundación Arriarán, Facultad de Medicina Universidad de Chile Sede Centro.

CO-14

FRECUENCIA DE GONORREA FARÍNGEA Y PRÁCTICAS SEXUALES DE RIESGO EN PACIENTES CON INFECCIÓN VIH

Bahamondes Laura, Aguad Lucia, Araya Rafael; Gonzalez Alejandra; Muñoz Victoria; Mollio Juan; Maldonado Aurora

Hospital Dr Lucio Córdova , Instituto de Salud Pública

CO-15

EVALUACIÓN DE UNA NUEVA METODOLOGÍA PARA LA DETERMINACIÓN DE CARGA VIRAL DEL VIH-1 EN PACIENTES CHILENOS: SUBTIPOS GENÉTICOS DE VIH-1 EN CASOS DISCORDANTES.

Ríos Maritza, González Marcela, Fernández Jorge, Paredes Verónica, Rodríguez Luis

Laboratorio de Carga Viral, Subdepto. Virología y Laboratorio de Genética Molecular, Subdepto. Microbiología - Instituto de Salud Pública de Chile.

CO-16

FRECUENCIA DE TRASTORNOS NEUROCOGNITIVOS EN PACIENTES PORTADORES DE VIRUS DE INMUNODEFICIENCIA HUMANA DE ACUERDO A MEDICION DE "HIV DEMENTIA SCALE". Resultados de un estudio piloto.

Paulina Donoso, Ricardo Rabagliati, María Elena Ceballos, Paulina Donato.

Pontificia Universidad Católica de Chile

Preside: **Dr. Ricardo Rabagliati B.**Secretario: **Dr. Michel Serri V.**Sala: **B- Río Cruces**Area: **Infecciones de Transmisión Sexual**Hora: **11:35 11:50**

IDENTIFICACIÓN Y GENOTIPIFICACIÓN DE VIRUS PAPILOMA HUMANO EN PACIENTES NO VIH CON CONDILOMAS ACUMINADOS TRATADOS: ESTUDIO PROSPECTIVO

Primer Autor: Elgueta Noy Andrea**Otros Autores :** Elgueta Noy Andrea¹; Gamé Anne Marie²; Giacaman Paula³; Gómez Orietta¹; Chnaiderman Jonás² y Martínez María José².**Relator:** Elgueta Noy Andrea**Lugar De Trabajo**

1Departamento Dermatología Hospital Clínico Universidad de Chile. 2Programa de Virología. Instituto de Ciencias Biomédicas. Facultad de Medicina Universidad de Chile. 3Centro de ETS. Hospital San José. Santiago de Chile.

Introducción: Los condilomas acuminados (CA) son la infección de transmisión sexual (ITS) más prevalente en Chile. Son causados por diferentes genotipos de virus papiloma humano (HPV), algunos de los cuales se asocian con neoplasias malignas. Existen escasos estudios nacionales sobre detección y genotipificación de HPV y la mayoría de ellos se ha realizado en patología cervico-uterina. No se han publicado estudios de genotipificación de HPV en CA en población general chilena, ni se ha evaluado el impacto del tratamiento en la infección viral. **Objetivos:** identificar la frecuencia de los genotipos asociados a CA en pacientes adultos no VIH del área norte de Santiago, evaluar el impacto del tratamiento en la infección viral y determinar algunos factores sociodemográficos asociados a diferentes genotipos. **Método:** Se ingresaron pacientes adultos con CA, atendidos en el Centro de ETS del Hospital San José entre Septiembre 2008 y Enero 2010. Los criterios de exclusión fueron embarazo, tratamiento previo o recurrencia de CA, y VIH. A cada paciente se le tomaron dos muestras mediante cepillado (cepillo citológico, Exo Cervical, Brush Pap New Path®): una de las lesiones condilomatosas al ingreso y otra del área tratada al alta. Cada muestra se sometió a detección y genotipificación viral mediante Linear array (Linear array HPV genotyping test; Roche ®). Los pacientes fueron tratados de acuerdo a las normas nacionales de manejo de ITS con nitrógeno líquido, ácido tricloroacético, podofilino y/o imiquimod al 5%. **Resultados:** Se ingresaron 52 pacientes, de los cuales 21 (40,4%) fueron dados de alta completando el estudio. Del grupo analizado, 14/21 eran mujeres y el promedio de edad fue 27,4 años. Sólo 3/21 pacientes eran homosexuales y 10/21 fueron considerados promiscuos en base a sus antecedentes. El análisis de las muestras de ingreso detectó la presencia de HPV en 18/21 pacientes (85,7%), 13/21 (61,9%) presentaban solo un genotipo y 5/21 (23,8%) presentaban más de un genotipo. En 3/21 pacientes (14,3%) se detectaron genotipos de alto riesgo. En total se identificaron 8 genotipos diferentes, 4 de bajo riesgo (HPV 6, 11, 81 y cp6108), 3 de alto riesgo (HPV 16, 39 y 45) y 1 de probable alto riesgo (HPV-66), siendo HPV-6 (57,1%) y HPV-11 (23,8%) los más frecuentes. El análisis de las muestras de alta, detectó la presencia de HPV en 12/21 pacientes (57,1%), en 4/21 (19%) se encontró un genotipo y en 8/21 (38%) infección múltiple. En 6/21 (28,6%) casos se demostró persistencia de los genotipos identificados al ingreso y en 10/21 (47,6%) se detectaron infecciones por genotipos nuevos. En 6/21 pacientes (28,6%) se identificaron genotipos de alto riesgo. En total se detectaron 11 genotipos diferentes, 5 de bajo riesgo (HPV 6, 11, 81, cp6108 y 61), 4 de alto riesgo (HPV 16, 39, 45 y 59), 1 de probable alto riesgo (HPV 68) y 1 de riesgo no determinado (HPV 84). Al igual que en las muestras de ingreso, los genotipos más frecuentes fueron HPV-6 (23,8%) y HPV-11 (19%). Al comparar las muestras de ingreso y alta, se encontró que la proporción de muestras positivas para HPV fue significativamente mayor al ingreso (85,7% v/s 57,1%; $p < 0,05$), al igual que la infección por HPV-6 (57,1% v/s 23,8%; $p < 0,05$). No fue posible analizar los resultados en relación a los diferentes tratamientos, debido al bajo tamaño muestral y a la diversidad de tratamientos empleados. La edad ≤ 21 años fue factor de riesgo para infección múltiple ($p < 0,05$) e infección por genotipos de alto riesgo ($p < 0,05$). **Conclusiones:** Los principales genotipos causantes de CA en pacientes adultos no VIH de área norte de Santiago fueron HPV 6 y 11 (ambos de bajo riesgo oncológico). El tratamiento de los CA no elimina completamente la infección por HPV, ni evita las reinfecciones por diferentes genotipos. La edad es un factor de riesgo para infección por genotipos de alto riesgo y para infecciones múltiples.

Preside: **Dr. Ricardo Rabagliati B.**Secretario: **Dr. Michel Serri V.**Sala: **B- Río Cruces**Area: **Infecciones de Transmisión Sexual**Hora: **11:50 12:05**

NUEVOS ANTIRETROVIRALES EN NIÑOS Y ADOLESCENTES QUE VIVEN CON VIH/SIDA

Primer Autor: Vizueta Eloísa**Otros Autores:** Galaz M.Isabel;Alvarez Anamaria;Peña Ana;Gonzalez Marcela;Cofre José;Chavez Ana;Wu Elba.**Relator:** Vizueta Eloísa**Lugar De Trabajo**

H. San Borja Arriarán, H. Roberto del Río, H. San Juan de Dios, H. Sótero del Río, H. Gustavo Fricke, H. Luis Calvo Mackenna, H. Exequiel Gonzalez Cortés.

Introducción: El aumento en la sobrevivencia de la población VIH infantil plantea nuevos desafíos en términos de mejorar su calidad de vida en forma integral para prepararlos para una vida adulta productiva en el plano personal y también social. Este crecimiento de los niños VIH positivos implica, en forma conservadora, aumentar la complejidad de los nuevos esquemas terapéuticos según sus requerimientos. En la cohorte pediátrica chilena, tenemos 392 pacientes bajo control, de ellos un porcentaje altísimo en HAART. Por otro lado, el arsenal terapéutico es limitado y su aprobación en este grupo etáreo es reciente, lo cual implica experiencia local limitada.

Objetivos: Evaluar la eficacia y seguridad a 48 semanas de tratamiento con nuevas drogas antiretrovirales en niños y adolescente experimentados.

Método: Estudio multicéntrico, abierto, retrospectivo de la cohorte nacional de niños y adolescentes multitratados que viven con VIH /SIDA que se encuentran recibiendo nuevos antiretrovirales (raltegravir, etravirina, darunavir/r, enfuvirtide). Se revisaron las fichas clínicas desde Noviembre del 2007 hasta Agosto del 2010 en relación con mecanismo de transmisión, edad, sexo, hospital de seguimiento, antiretrovirales usados, duración de tratamiento, efectos adversos y estadio clínico al inicio de la terapia. Se realizó seguimiento con citometría de flujo y carga viral para evaluar respuesta inmunológica y virológica respectivamente. También se consignó efectos adversos de las drogas

Resultados : Actualmente en la cohorte se encuentran 18 de 392 niños en tratamiento con nuevas drogas, pero para efectos de este estudio solo acreditaron 13. La mediana de edad de los pacientes al inicio del nuevo esquema es de 12 años con rango entre 6 y 16 años . Nueve hombres y 4 mujeres . Tres niños en control en Hospital Roberto del Río, 3 en H. San Juan de Dios, 3 en H. Sótero del Río, 3 en H. Gustavo Fricke y 1 en H. Luis Calvo Mackenna. Al momento del inicio de la terapia 7 niños en etapa de SIDA (C3) ,10 con inmunodeficiencia severa (etapa 3), 2 con inmunodeficiencia leve (etapa 1), y 1 sin compromiso inmunológico. Con respecto a las drogas usadas: 10 de 13 con darunavir/r, 5 con raltegravir, 5 con enfuvirtide, 2 con etravirina. La principal asociación con 2 nuevas drogas fue: darunavir + raltegravir en 5 casos y darunavir+ enfuvirtide en 5 pacientes. El inhibidor nucleósido más usado dentro del back bone de triple combinación es 3TC (6 pacientes) y Tenofovir (3). La mediana de seguimiento fue de 44 semanas (rango de 12 a 48 semanas) Los resultados inmunológicos y virológicos estuvieron disponibles para todos los pacientes a las 12 semanas, para 10 a las 24 semanas de seguimiento, 5 a los 48 semanas .La mediana del número de Cd4 antes de iniciar el tratamiento fue de 200. Valor que aumento a 413 a las 12 semanas, 513 a las 24 y 900 a las 48 semanas. La mediana de carga viral basal fue de 4,56 log10. Carga viral < 80 copias/ ml a las 12, 24 y 48 semanas. Sin embargo 1 paciente no presentó mejoría virológica ni inmunológica a las 24 semanas de seguimiento. De los 5 pacientes con enfuvirtide 3 presentaron nódulos subcutáneos dolorosos, debiendo cambiar el tratamiento en 1 de ellos. Uno además presentó diarrea grado 2 a 3 junto con dolor abdominal.

Conclusiones: La terapia de última generación es una realidad que debemos enfrentar en la población infantil bajo control, una herramienta muy útil y bien tolerada entre los niños y adolescentes. Los eventos adversos son poco frecuentes y no requieren, en general, cambio de esquema. El éxito clínico, virológico e inmunológico depende de la eficacia de la droga pero también de la excelente adherencia que se logre con los pacientes y sus tutores, lo cual representa un desafío permanente para los equipos pediátricos tratantes.

Preside: **Dr. Ricardo Rabagliati B.** Secretario: **Dr. Michel Serri V.** Sala: **B- Río Cruces**

Area: **Infecciones de Transmisión Sexual** Hora: **12:05 - 12:20**

IMPLEMENTACIÓN DE ELISA PARA TREPONEMA PALLIDUM (TP) EN EL DIAGNÓSTICO DE SÍFILIS EN PACIENTES VIH/SIDA INGRESADOS A PROGRAMA EN HOSPITAL SAN JUAN DE DIOS DE SANTIAGO DURANTE 2007 A 2010

Primer Autor: Chanqueo Leonardo

Otros Autores: Rodríguez B (2), Suárez F (3), Muñoz M (3), Vásquez P (1)

Relator: Leonardo Chanqueo

Lugar De Trabajo

Centro de Atención VIH/SIDA HSJD (1), Laboratorio Clínico HSJD (2), Alumnos Medicina Universidad del Desarrollo (3)

Introducción: La sífilis ha re-emergido como un problema de salud pública en forma global, incrementándose el número de casos, especialmente en homosexuales. En Chile, la coinfección sífilis en población VIH/SIDA es alrededor de un 20% y de acuerdo a los datos de Cohorte SIDA-Chile un 18,3% de los pacientes VIH/SIDA tienen un VDRL reactivo. **Objetivos:** El objetivo del estudio fue evaluar los test serológicos para TP (treponémicos y no-treponémicos) actualmente disponibles para el estudio de sífilis en pacientes VIH/SIDA ingresados al programa de VIH/SIDA de nuestro hospital. **Material y Métodos:** Estudio retrospectivo y observacional. Se revisaron los registros de ficha clínica y de laboratorio clínico de todos los pacientes ingresados al programa de VIH/SIDA del policlínico de Hospital San Juan de Dios de Santiago durante Enero de 2007 a Abril 2010, a quienes se les solicitó estudio de sífilis en forma rutinaria. Todas las muestras fueron analizadas por técnica de ELISA TP (Enzywell Syphilis screen recombinant Diesse ®), a todas las muestras positivas por ELISA, se les realizó VDRL (Immutrep® VDRL Antigen) cuantitativo. **Resultados:** Durante el período de observación desde Enero 2007 a Abril 2010 se analizaron un total de 501 muestras de pacientes ingresados a policlínico de VIH/SIDA, la serología por ELISA TP fue reactiva en 166/501 (33%) y no reactiva en 335/501 (67%); aquellas muestras reactivas para ELISA TP, se les realizó VDRL que resultó reactivo en 90/166 (54%) y no reactivo 75/166 (46%). A aquellas muestras no concordantes, o sea ELISA TP reactivo con VDRL no reactivo no se les realizó una segunda prueba treponémica y la decisión de tratamiento se realizó según antecedentes clínicos y/o seguimiento serológico. **Conclusiones:** El estudio con ELISA TP en pacientes VIH/SIDA permite aumentar la pesquisa diagnóstica, aumentado en rendimiento serológico desde un 18% con VDRL a un 33% con ELISA TP. Los casos de VDRL no reactivo con ELISA TP reactivo pueden ser debidos a falsos positivos o distintas etapas evolutivas de la enfermedad, por tanto se recomienda realizar una segunda prueba treponémica, como THPA ó MHA-TP. Se requieren pautas nacionales que orienten al médico cuando usar e interpretar los nuevos test diagnósticos.

Preside: Dr. Ricardo Rabagliati B.	Secretario: Dr. Michel Serri V.	Sala: B- Río Cruces
Area: Infecciones de Transmisión Sexual		Hora: 12:20 - 12:35

ANÁLISIS COMPARATIVO DE LA RESPUESTA A TERAPIA ANTIRRETROVIRAL ENTRE POBLACIÓN CRIOLLA Y DESCENDIENTE MAPUCHE.

Primer Autor: Orellana Lizzy

Otros Autores: Moldenhauer Nicia, Blackburn Eileen, Díaz Verónica, Gómez Jorge, Chaín Carolina, Calvo Mario

Relator: Orellana Lizzy

Lugar De Trabajo

Instituto de Medicina, Universidad Austral de Chile. Hospital Clínico Regional Valdivia. Hospital Hernán Henríquez Aravena de Temuco.

Introducción: Se ha descrito en las poblaciones distintas a la blanca una menor respuesta a terapia antirretroviral(TARV) posiblemente en relación a una menor adherencia. La mayoría de estos estudios se han realizado en población norteamericana y africana no contando con datos en nuestro país. **Objetivos:** Determinar la respuesta a terapia a TARV en la población descendiente mapuche(PDM) en comparación a población criolla (PC). **Métodos:** Se lleva en el policlínico del Hospital Base Valdivia un registro prospectivo de los pacientes en control. Se seleccionó los pacientes activos con al menos 3 meses de terapia antirretroviral, que tuvieran determinaciones de inmunología y virología basal, y que uno de sus apellidos fuese de origen mapuche, seleccionado según 3 listados de vocablos mapuches. Además se excluyó las pacientes que hubiesen recibido terapia antirretroviral exclusivamente por protocolo de prevención de transmisión vertical. Se realizó un análisis de las variables demográficas y los exámenes de monitoreo de la terapia antirretroviral. Se usaron los software MS Access 7.0 y SPSS. **Resultados:** De los 254 pacientes registrados en el policlínico de VIH, 153 cumplieron los criterios señalados, siendo 19 pacientes PDM y 134 PC. Un 75,8% eran hombres, con un promedio de edad de 38,4 años y un 41,2% se encontraba en etapa C, éstas características eran similares en PDM y PC. Los recuentos de CD4 previos al inicio de la TARV eran 195,4/il para PDM y 194,6/il para PC (p NS), la carga viral basal fue de 261686,67 (log 5,42) copias /ml en PDM y 323788,56(log 5,51) copias /ml en PC (p NS). El análisis de pacientes con carga viral detectable a los 12, 24 y 36 meses mostró una tendencia leve a ser mayor en PDM que en PC no siendo estadísticamente significativa(18,2% vs 9,8%; 9,1% vs 8,2% y 9,1% vs 6,6% para PDM y PC respectivamente). Asimismo, no hubo diferencias en los promedios de recuentos de CD4 a los 12, 24 y 36 meses para PDM y PC (282/il vs 286/il; 305/il vs 331/il y 311/il vs 373/il para 12, 24 y 36 meses respectivamente, p NS) **Conclusiones:** Se concluye que las condiciones de inicio y los resultados de terapia antirretroviral son similares para PDM y PC, no habiendo hasta el momento motivos para establecer estrategias diferentes en esta población.

Preside: **Dr. Ricardo Rabagliati B.** Secretario: **Dr. Michel Serri V.** Sala: **B- Río Cruces**

Area: **Infecciones de Transmisión Sexual** Hora: **12:35 - 12:50**

INICIO DE TERAPIA ANTIRETROVIRAL EN PACIENTES CHILENOS MAYORES DE 70 AÑOS EN LA COHORTE CHILENA DE SIDA: DESCRIPCIÓN BASAL, RESPUESTA VIROLÓGICA E INMUNOLÓGICA Y MORTALIDAD

Primer Autor: Rodrigo Muñoz Bravo

Otros Autores: Alvaro Morales A., Gonzalo Wilson , Marcelo Wolff por Grupo SIDA CHILE

Relator: Alvaro Morales

Lugar De Trabajo

Fundación Arriarán, Facultad de Medicina Universidad de Chile Sede Centro.

Introducción: La terapia antiretroviral (TARV) usada en el tratamiento de los pacientes infectados con VIH ha permitido prolongar la vida estos y transformar esta enfermedad en una patología crónica. Existen detalladas descripciones de las características clínicas de los pacientes en la Cohorte Chilena de SIDA, pero no se han descrito pacientes de mayor edad.

Objetivos: El objetivo del presente trabajo es describir las características clínicas de la población de pacientes sobre 70 años que inician TARV, su respuesta inmunológica y virológica en el tiempo, efectos adversos de la terapia y su mortalidad comparados con pacientes de la misma cohorte menores de 70 años.

Material y método: Se usó la base de datos de la Cohorte Chilena de SIDA, con 5061 pacientes en seguimiento. Se describen las características basales demográficas, inmunológicas y virológicas de los pacientes >70 años. Se usó test de chi cuadrado para comparación entre grupos y se usó análisis de Kaplan-Meir para evaluar respuesta virológica y curvas de mortalidad.

Resultados: Se describen 69 pacientes > 70 años pertenecientes a la cohorte (1.36%). 52 hombres (75.3%), 50% con enfermedad definitiva de SIDA (EDS) y 85.5% con CD4<200 al ingreso a la cohorte. De las EDS , 25.7% de los pacientes tuvieron PCP, 18.8% candidiasis esofágica, 11.4% sarcoma de kaposi y 14.2% tuberculosis al ingreso. No hubo pacientes con linfoma. El esquema de TARV inicial fue en 76.8% zidovudina / lamivudina y en 76.8% la tercera droga fue efavirenz o nevirapina (28.9%). Las medianas de carga viral inicial (130.000 copias/ml) y CD4 basal (116.5 células/mm3) no tuvieron diferencia estadística respecto al total de la cohorte. El grupo >70 años no tuvo mayor probabilidad de desarrollar una enfermedad asociada a SIDA en el tiempo respecto al grupo control (1.44% v/s 6.95%, p=0.0435, OR 0.20; IC 0.01-1.31), ni tampoco tuvo mayor probabilidad de fracaso virológico en el tiempo (10.4% v/s 4.34%, p=0.098). En los pacientes que tuvieron que suspender su terapia por toxicidad, tampoco hubo diferencia estadísticamente significativa comparado con el resto de la cohorte (24.6% v/s 30.5%, p=0.67). La respuesta inmunológica fue más lenta que en la cohorte general, pero con recuperación similar al grupo control a los 4 años. La mortalidad en este grupo fue mayor con diferencia estadísticamente significativa (20,2% v/s 8.93%, p=0.0011 ; RR: 0,44 (0,27-0,71)), pero se concentró en los primeros meses.

Conclusiones: Los pacientes con VIH > 70 años que inician TARV no tienen diferencias inmunológicas ni virológicas al inicio de su terapia comparados con la población control. Los esquemas de inicio de TARV son similares al resto de la población VIH y su toxicidad asociada no presenta diferencias significativas con el resto de la cohorte. La posibilidad de fracaso de la TARV no es mayor que el resto de la población estudiada, pero su respuesta inmunológica es más tardía, equiparándose después de 4 años de seguimiento. Finalmente, la mortalidad de este grupo es significativamente mayor que el resto de la cohorte, concentrándose en los primeros meses del seguimiento.

Preside: **Dr. Ricardo Rabagliati B.**Secretario: **Dr. Michel Serri V.**Sala: **B- Río Cruces**Area: **Infecciones de Transmisión Sexual**Hora: **12:50 - 13:05**

FRECUENCIA DE GONORREA FARÍNGEA Y PRÁCTICAS SEXUALES DE RIESGO EN PACIENTES CON INFECCIÓN VIH

Primer Autor: Aguad Lucia**Otros Autores:** Araya Rafael; Gonzalez Alejandra; Muñoz Victoria; Mollio Juan; Maldonado Aurora**Relator:** Bahamondes Laura**Lugar De Trabajo**

Hospital Dr Lucio Córdova , Instituto de Salud Pública

Introducción: La infección faríngea por *Neisseria gonorrhoeae* se conoce hace décadas especialmente en homosexuales y de mediados de los años ochenta se describe un aumento asociado con cambio en el comportamiento sexual que favorece la practica de sexo oral no protegido con preservativo. Recientes estudios demuestran que la gonorrea faríngea es en la mayoría asintomática, sin concurrente gonorrea genital o anal y se asocia a la practica de fellatio y anilingus . El screening faríngeo para *Neisseria gonorrhoeae* puede aportar a reducir la prevalencia de gonorrea anogenital y se incorpora en las recomendaciones para control y tratamiento de la gonorrea , especialmente en población homosexual. **Objetivo:** Conocer la frecuencia de gonorrea faríngea y de prácticas sexuales asociadas en una población de pacientes VIH. **Material y método:** entre Julio y Agosto del 2010 se ofreció el examen para detección de *Neisseria gonorrhoeae* en faringe a una población con infección VIH en control regular en la Unidad VIH del Hospital Dr Lucio Córdova. La muestra de hisopado faríngeo por tecnólogo médico se tomó en el laboratorio del hospital y se sembró en medio de Thayer Martin. A las colonias sugerente se les realizó tinción de gram, pruebas de oxidasa y bacteria de azucares .Las neisserias aisladas se envían a confirmación al Instituto de Salud Pública donde además se realizó estudio de serotipo y reacción de polimerasa (PCR). Los pacientes examinados fueron contactados por psicóloga y responder voluntariamente una encuesta de sus prácticas sexuales, número parejas sexuales en los últimos 12 meses, uso de preservativo, opción sexual heterosexual, homosexual o bisexual. Los pacientes eran informados del resultado del examen por su médico tratante y recibieron terapia antimicrobiano en caso de confirmarse gonorrea faríngea. **Resultados:** se examinaron 34 muestras de 33 pacientes(un paciente con muestra de control). El grupo de 30 hombres, 2 mujeres ,1 transgenero, edades entre 20 y 58 años ,promedio 34 años ,todos en terapia antirretroviral. En 8(24,2%) se aisló neisseria, en 7 (21,2%) *Neisseria meningitidis* y en 1 (3,0%) *Neisseria gonorrhoeae*. La encuesta se aplicó a 19 pacientes , 17 de los 30 hombres , 1 de las 2 mujeres y el paciente transgenero. Las edades de los encuestados fluctuaron también entre 20-58 años, promedio 32 años. El número parejas sexuales en los últimos 12 meses fue 1 en 11(57,9%) encuestados , con rango entre 0 hasta 11 en 1 encuestado. Uso de preservativo nunca en 4 (21,0%) encuestados, a veces en 4 (21,0%), siempre en 11(57,9%). Se autodefinió heterosexual 4 (22,2%) de los encuestados, 3 con practica coital vaginal exclusivo ,grupo al que pertenece la única mujer, 1 con practicas mixtas coital vaginal y fellatio. Se autodefinió homosexual 8 (44,4%) de los encuestados, 2 con practica coital anal exclusiva , 5 mixta coital anal y fellatio, 1 fellatio exclusivo. Los restantes 6 (33,3%) encuestados se autodefinieron bisexuales ,todos con practica mixta coital vaginal ,coital anal y fellatio. No responde =1. Entre los 18 encuestados 13 (72,2%) refieren practica sexual oral ,3 (25,0%) fellatio exclusivo, 9 (75%) fellatio y anilingus y 1 no responde. El paciente con gonorrea faríngea fue un hombre de 34 años, bisexual que refirió hasta 5 parejas sexuales en los últimos 12 meses, uso de preservativo "a veces", con practica sexual mixta incluyendo coito vaginal, coito anal ,fellatio y anilingus. Asintomático al momento del estudio y sin antecedente de gonorrea uretral o anal. Recibió 1 dosis de ceftriaxona 250 mgrs IM. **Conclusiones:** En este grupo de infectados VIH predominantemente hombres (90,9%) y homobisexuales (77,5%) se detectó gonorrea faríngea en 1 paciente (3,0 %) , el cual refería una conducta sexual promiscua y practicas sexuales asociadas con riesgo de gonorrea faríngea ,como fellatio y anilingus . En el resto del grupo, aunque la practica sexual oral fue frecuente (72,2%) e incluyó fellatio y anilingus en la mayoría (75%), fue también frecuente como conducta protectora de gonorrea faríngea el antecedente de solo 1 pareja sexual en los últimos 12 meses (57,9%) y uso de preservativo siempre (57,9%). Como hallazgo colateral destacó la frecuencia de portación faríngea de *Neisseria meningitidis* (21,2%).

Preside: **Dr. Ricardo Rabagliati B.**Secretario: **Dr. Michel Serri V.**Sala: **B- Río Cruces**Area: **Infecciones de Transmisión Sexual**Hora: **13:05 - 13:20**

EVALUACIÓN DE UNA NUEVA METODOLOGÍA PARA LA DETERMINACIÓN DE CARGA VIRAL DEL VIH-1 EN PACIENTES CHILENOS: SUBTIPOS GENÉTICOS DE VIH-1 EN CASOS DISCORDANTES.

Primer Autor: Ríos Maritza

Otros Autores: González Marcela, Fernández Jorge, Paredes Verónica, Rodríguez Luis

Relator: Ríos Maritza

Lugar De Trabajo

Laboratorio de Carga Viral, Subdepto. Virología y Laboratorio de Genética Molecular, Subdepto. Microbiología - Instituto de Salud Pública de Chile.

INTRODUCCIÓN: Existen antecedentes que muestran que los métodos para determinar la carga viral del virus de la inmunodeficiencia humana tipo 1 (VIH-1) pueden presentar diferencias en la sensibilidad para detectar variantes genéticas de subtipo no B, debido a que están diseñados en base a referencias de subtipo B. Recientemente, para realizar el monitoreo de los niveles de carga viral VIH-1 a los pacientes atendidos en el sistema público de salud del país, se ha comenzado a utilizar la nueva versión del método Nuclisens EasyQ HIV-1 v2.0, cuyas implicancias en el seguimiento de los pacientes infectados por variantes no B de VIH-1 requiere ser evaluado, considerando que en nuestro país co-circulan diferentes subtipos y recombinantes de VIH-1. **OBJETIVOS:** i) Establecer la correlación entre ambas versiones de la metodología Nuclisens EasyQ HIV-1 y determinar los subtipos genéticos de VIH-1 en las muestras con resultados discordantes. ii) Comparar los niveles de carga viral VIH-1 en muestras de pacientes infectados por variantes genéticas no-B de VIH-1. **MATERIAL Y MÉTODO:** La correlación entre Nuclisens EasyQ HIV-1 v1.2 (CV1) y la nueva versión Nuclisens EasyQ HIV-1 v2.0 (CV2) se estableció utilizando un panel de evaluación de 206 muestras de plasma sanguíneo, con distinto nivel de carga viral, provenientes de individuos infectados con VIH-1, analizando los resultados con el método de regresión no paramétrica de Passing-Bablok y el método Bland-Altman. En las muestras con diferencias superiores a $\pm 0,5$ logCV (copias RNA de VIH-1/ml de plasma) se amplificó una región de 1200 pb del gen *pol* de VIH-1 mediante RT-PCR y nested PCR, determinando el subtipo viral de la secuencia genética obtenida por secuenciamiento genético automatizado, utilizando el método bioinformático "genotyping" de NCBI-NIH. Los niveles de carga viral determinados con ambas versiones del método fueron analizados en un panel de 30 muestras de pacientes infectados por variantes de VIH-1, previamente caracterizados como subtipo C y recombinantes BF. **RESULTADOS:** Ambas técnicas tienen una buena correlación y concordancia, observando en el 86,9 % de las muestras analizadas diferencias menores a 0,5 logCV y un mayor número de muestras cuantificables con el método CV2 (121/206) que con CV1 (101/206). En el 13,1% de las muestras se observaron diferencias mayores a $\pm 0,5$ logCV (considerada como discordancia clínicamente relevante), de las cuales el 76,7%, obtiene resultados de carga viral más altos con la versión 2.0 (promedio de diferencia logCV:0,786 en todos los rangos determinados entre logCV 1,68 a 5,89 copias/ml). Los resultados del estudio de genotipificación del subtipo viral en las muestras discordantes determinó que un 80% correspondían a variantes de VIH-1 subtipo B y un 20% a la variante recombinante de VIH-1 CRF44_BF. El método CV2 detectó el 50% de las recombinantes BF indetectables por CV1 (4/8) y el 100% de las muestras recombinantes BF (20/20) y subtipo C (2/2), detectadas por CV1. **CONCLUSIONES:** Los resultados indican que el método Nuclisens EasyQ HIV-1 v2.0 tiene una buena correlación con la versión anterior Nuclisens EasyQ HIV-1 v1.2 y es capaz de detectar variantes de VIH-1, subtipo B, recombinantes BF y subtipo C, que son las más prevalentes en el país.

Preside: **Dr. Ricardo Rabagliati B.**Secretario: **Dr. Michel Serri V.**Sala: **B- Río Cruces**Area: **Infecciones de Transmisión Sexual**Hora: **13:20 - 13:35**

FRECUENCIA DE TRASTORNOS NEUROCOGNITIVOS EN PACIENTES PORTADORES DE VIRUS DE INMUNODEFICIENCIA HUMANA DE ACUERDO A MEDICION DE "HIV DEMENTIA SCALE". Resultados de un estudio piloto.

Primer Autor: Ricardo Rabagliati

Otros Autores: María Elena Ceballos, Paulina Donato.

Relator: Paulina Donoso

Lugar de Trabajo: Pontificia Universidad Católica de Chile

Introducción. Se estima que entre un 20 a 50% de los pacientes portadores de VIH presentan algún grado de alteración cognitiva o motora. La alteración neurocognitiva más avanzada es la demencia, detectada en 0.8% de los individuos asintomáticos, 2.6 % de los sintomáticos y de 7% en pacientes en etapa SIDA. Existen distintos factores que se han asociado a estos trastornos como: grado de replicación viral, menor edad, abuso de alcohol o drogas, grado de penetración al SNC de las distintas terapias contra el virus y presencia de co-infecciones, especialmente el VHC.

Objetivos. Determinar la frecuencia de trastornos neurocognitivos en pacientes VIH y los factores de riesgo descritos en la literatura internacional. **Material y método.** Se incluyeron 50 pacientes adultos (> 18 años), aleatoriamente seleccionados, que asistían a control de rutina en consulta ambulatoria de infectología del Centro Médico San Joaquín de la Red Salud UC, durante los meses de Junio a Agosto 2010. Se utilizó como instrumento de pesquisa la prueba "HIV Dementia Scale", la cual evalúa memoria, atención, rapidez psicomotora y construcción, generando un puntaje máximo de 16 y define ≤ 10 como indicador de posible demencia. Se registraron el puntaje obtenido, variables demográficas, antecedentes patología médica, coinfecciones, drogas de abuso, terapia antirretroviral, adherencia, linfocitos CD4 y carga viral VIH. **Resultados.** La mayoría de los pacientes era de genero masculino 90% (45/50). Edad promedio fue $42,9 \pm 10,6$ años. 49/50 se desempeñaba en trabajo profesional o técnico. El tiempo desde el diagnóstico de VIH fue de $6,3 \pm 4,3$ años. 44 pacientes se encontraban en terapia antirretroviral (TAR). (42% de los pacientes con zidovudina/lamivudina/efavirenz, 12% con abacavir/ lamivudina/ efavirenz); 56% (28/50) se encontraba en etapa SIDA; 96% de los pacientes era adherente a terapia antirretroviral. El promedio de linfocitos CD4 (± 3 meses) fue de $169,2 \pm 236$ cels/mL (30 - 1.091 cels/mL). 76% presentaba cargas virales de VIH bajo el nivel de detección. 24% declaraba ingesta de alcohol y 4% consumo de cocaína. 14% pacientes presentaban hipertensión arterial, un paciente diabetes mellitus y 56% dislipidemia. Ningun paciente presentaba coinfección con VHC, 16 pacientes habían presentado RPR reactivo en algún momento de su evaluación y 10 pacientes presentaban IgG (+) de *Toxoplasma gondii*. 8% (4/50) tenía antecedente de enfermedad infecciosa del SNC (1 neurolúes, 1 meningitis neumocócica, 2 pacientes con probable encefalopatía por VIH). 22% presentaba elementos clínicos de depresión. El puntaje promedio de la escala "dementia score" fue de 13,3 puntos (8 a 16 puntos). Hubo 7 (14%) pacientes que presentaron puntaje < a 10 (8 a 9,5 puntos). Del subgrupo de pacientes con alteraciones neurocognitivas, éstos tenían edad de $45 \pm 10,6$ años y ≥ 3 años del diagnóstico de VIH. Todos se encontraban en TAR. Al comparar pacientes con puntaje <10 vs ≥ 10 , no hubo diferencias en consumo de alcohol o drogas, hipertensión arterial, diabetes ni dislipidemia. Tampoco se observaron diferencias en la proporción de pacientes con RPR reactivo, sin embargo hubo una mayor frecuencia de IgG(+) toxoplasma en el grupo con score < a 10 (42% vs 22%; $p=NS$). Se observó mayor prevalencia de antecedente de enfermedad infecciosa del SNC en el grupo de demencia (14% vs 9,3%; $p=NS$) y de depresión (42% vs 18%; $p=NS$). **Conclusiones.** En este estudio piloto, se objetiva una frecuencia de 14% de trastorno neurocognitivo en pacientes VIH. En los pacientes con trastorno neurocognitivo de esta muestra, se encontró mayor frecuencia de coinfección por toxoplasma, antecedente de infecciones del SNC y de depresión. Se requiere validar el instrumento diagnóstico en población chilena y a su vez determinar la prevalencia del problema a nivel nacional.

CO-17

ANÁLISIS EPIDEMIOLÓGICO Y FILOGENÉTICO DEL VIRUS LINFOTRÓPICO DE LAS CÉLULAS T HUMANAS EN PACIENTES CON TRASTORNOS ONCOHEMATOLÓGICOS ATENDIDOS EN EL HOSPITAL REGIONAL VALDIVIA

Barrientos Alejandro¹, Lopez Mauricio², Marin Felipe¹, Pilleux Lilian², Navarrete Maritza³, Otth Carola¹.

¹Instituto de Microbiología Clínica, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

²Instituto de Hematología, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

³Hospital Regional Valdivia, Chile

CO-18

ESPECIES DE CRYPTOSPORIDIUM EN PACIENTES INMUNOCOMPROMETIDOS E INMUNOCOMPETENTES DE VALPARAISO.

Neira Otero P1, Muñoz Saldías N1, Wilson Lazo G 1,2, Barthel Münchmeyer E2, Rosales Lombardo MJ3.

1Cátedra de Parasitología Departamento de Preclínicas Escuela de Medicina Facultad de Medicina Universidad de Valparaíso.

2 Policlínico de Inmunología Hospital Carlos van Buren Valparaíso. 3 Instituto



CO-19

ESTANDARIZACION DE UNA REACCION EN CADENA DE LA POLIMERASA EN TIEMPO REAL PARA ASPERGILLUS FUMIGATUS EN SANGRE: HACIA EL DESARROLLO DE UNA NUEVA HERRAMIENTA DIAGNOSTICA PARA PACIENTES PEDIATRICOS CON ASPERGILOSIS INVASORA

Ducasse Karen¹, Santolaya María Elena¹, Torres Juan Pablo¹, Vergara Alejandra¹, Tapia Cecilia², Farfán Mauricio¹

¹ Centro de Estudios Moleculares, Departamento de Pediatría Oriente, Facultad de Medicina, Universidad de Chile-Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna, ²:Programa Microbiología, ICBM, Facultad Medicina, Universidad de Chile

CO-20

SUSCEPTIBILIDAD ANTIFÚNGICA IN VITRO, SEGURIDAD Y ACTIVIDAD IN VIVO DEL PRODUCTO NATURAL DERIVADO DEL ACEITE DE MARAVILLA OZONIZADO (AMO3MR) FRENTE A DERMATOFITOS

Thomson Pamela, Anticevic Sonia, Héctor Rodriguez, Silva Victor

Facultad de Medicina Universidad Mayor, Universidad del Pacífico, Universidad de Chile



CO-21

EPIDEMIOLOGÍA Y RELACIÓN CLONAL ENTRE CEPAS PATÓGENAS Y COMENSALES DE CANDIDA ALBICANS AISLADAS EN PACIENTES ADULTOS CON CANDIDEMIA.

Silva Victor (1); Castañón Karen (2); Sakurada Andrea (3); Silva Viviana (1); Vidal Mario (3); Llanos Osvaldo (3); Tobar Eduardo (3)

Grupo de Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad Mayor (1), Tesista Facultad de Ciencias Pecuarias y Veterinarias (2), Hospital Clínico Universidad de Chile (3)

CO-22

OPTIMIZACIÓN DEL DIAGNÓSTICO ETIOLÓGICO Y CARACTERIZACIÓN CLÍNICA DE LAS INFECCIONES VIRALES, BACTERIANAS Y COINFECCIÓN VIRAL-BACTERIANA EN NIÑOS CON NEUTROPENIA FEBRIL

Torres Juan Pablo, bañez C, Kasaneva P, Farfan M, De la Maza V, Vergara I, Piemonte P, Zubieta M, Salgado C, Villarroel M, Álvarez AM, Varas M, Avilés C, Tordecilla J, Topelberg S, Viviani T, Becker A, Santolaya ME

Facultad de Medicina, Universidad de Chile



CO-23

DIAGNÓSTICO MICROBIOLÓGICO Y MOLECULAR DE BACTERIEMIAS EN EPISODIOS DE NEUTROPENIA FEBRIL DE ALTO RIESGO EN NIÑOS CON CÁNCER

Santolaya ME, Farfán M, De la Maza V, Álvarez AM, Avilés CL, Becker A, Román P, Salgado C, Topelberg S, Tordecilla J, Varas M, Villarroel M, Viviani T, ORyan M, Zubieta M, Torres JP

Departamento de Pediatría y Centro de estudios moleculares, Hospital Luis Calvo Mackenna, Comité de Infectología PINDA, Facultad de Medicina, Universidad de Chile



CO-24

PERFIL FARMACOCINÉTICO DE AMIKACINA EN PACIENTE ONCOLÓGICO PEDIÁTRICO CON NEUTROPENIA FEBRIL

Rabello Marcela, Villena Rodolfo, Morales Jorge, Aravena Rodrigo, Kopp Katerine, Santolaya Maria Elena

Hospital Dr Luis Calvo Mackenna, Hospital Dr Exequiel Fernandez, Hospital Dr Sótero del Río



Preside: **Dr. Luis Thompson M.**Secretario: **Dr. Patricio Godoy M.**Sala: **A- Valdivia**Area: **Infecciones en Inmunodeprimidos e Infecciones Fúngicas**Hora: **11:35 - 11:50**

ANÁLISIS EPIDEMIOLÓGICO Y FILOGENÉTICO DEL VIRUS LINFOTRÓPICO DE LAS CÉLULAS T HUMANAS EN PACIENTES CON TRASTORNOS ONCOHEMATOLÓGICOS ATENDIDOS EN EL HOSPITAL REGIONAL VALDIVIA

Primer Autor: Barrientos Alejandro**Otros Autores:** Barrientos Alejandro¹, Lopez Mauricio², Marin Felipe¹, Pilleux Lilian², Navarrete Maritza³, Otth Carola¹.**Relator:** Barrientos Alejandro**Lugar De Trabajo**¹Instituto de Microbiología Clínica, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.²Instituto de Hematología, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.³Hospital Regional Valdivia, Chile

Introducción. Mundialmente se estima que existe entre 15-20 millones de personas infectadas con el virus linfotrópico de las células T humanas (HTLV), de las cuales entre el 20-30% corresponde a población latinoamericana. Alrededor del 95% de estas personas son portadores asintomáticos, sin un cuadro clínico asociado; pero representan un fuerte factor diseminador de la infección, constituyéndose en una alerta epidemiológica. El retrovirus HTLV se asocia principalmente a dos patologías: leucemia de linfocitos T adultos (LLTA) y paraparesia espástica tropical (PET). En Chile, se han realizado varios estudios de prevalencia de HTLV en donantes de sangre, encontrándose prevalencias de 0,3% en el Hospital del Salvador; de 0,23% en el Hospital Félix Bulnes y de 0,24% en el Hospital Regional Valdivia. También se ha reportado en nuestro país prevalencias de 0,16% en población general y de 0,74% en población mapuche. Asimismo, Chile posee una alta prevalencia de PET (1:50.000 hab), en los cuales en un 40% de estos pacientes se ha detectado la presencia de HTLV por PCR del gen *tax*, siendo seronegativos para HTLV. **Objetivo.** Efectuar un estudio epidemiológico y filogenético del virus HTLV-1/2 en pacientes con trastornos oncohematológicos, mediante detección de IgG anti-HTLV-1/2 y por detección de los genes virales *tax*, *env*, *pol*, *gag*, *5' ltr* mediante amplificación por PCR. **Materiales y método.** Se analizó una población de 88 pacientes con trastornos oncohematológicos que acudieron al Hospital Regional Valdivia entre los años 1994 y 2009, realizándose el ensayo de Biokit 4.0 para IgG anti-HTLV-1/2, detección de los genes virales de HTLV y filogenia de los genes *tax* y *5' ltr*. **Resultados.** En este estudio se encontró un 3,41% de seroprevalencia para HTLV. Sin embargo, al detectar HTLV por *nested* PCR del gen *tax*, se obtuvo un 18,18% de detección viral. De las 16 muestras positivas por *nested* PCR del gen *tax*, sólo en 3 muestras se detectó todos los genes virales *tax*, *env*, *pol*, *gag* y *5' ltr* y correspondió a las muestras positivas por ELISA. El análisis filogenético de los genes *tax* y *5' ltr* determinó que los aislados de HTLV de pacientes con trastornos oncohematológicos formaron distintos clados que los aislados de HTLV de pacientes con paraparesia espástica tropical de Santiago de Chile. **Conclusiones.** La técnica de *nested* PCR del gen *tax* presenta mayor sensibilidad que el ELISA en la detección de HTLV en pacientes infectados. Todos los pacientes ELISA positivos presentaron todos los genes de HTLV determinados. Los aislados de HTLV que generan la paraparesia espástica tropical pertenecen a clados distintos de los virus aislados desde pacientes con trastornos oncohematológicos.

Preside: **Dr. Luis Thompson M.**Secretario: **Dr. Patricio Godoy M.**Sala: **A- Valdivia**Area: **Infecciones en Inmunodeprimidos e Infecciones Fúngicas**Hora: **11:50 - 12:05**

ESPECIES DE *CRYPTOSPORIDIUM* EN PACIENTES INMUNOCOMPROMETIDOS
E INMUNOCOMPETENTES DE VALPARAISO.

Primer Autor: Neira Otero P1**Otros Autores:** Muñoz Saldías N1, Wilson Lazo G 1,2, Barthel Münchmeyer E2. Rosales Lombardo MJ3.**Relator:** Neira Otero P1**Lugar De Trabajo**

1 Cátedra de Parasitología Departamento de Preclínicas Escuela de Medicina Facultad de Medicina

Universidad de Valparaíso. 2 Policlínico de Inmunología Hospital Carlos van Buren Valparaíso. 3 Instituto



Introducción: *Cryptosporidium* spp son coccidios ubicuos en el ambiente que infectan diversos animales, a partir de ellos puede infectarse el hombre por diversos mecanismos de transmisión: antroponótico, zoonótico, ingestión de alimentos y agua contaminados. La similitud de los ooquistes no permite la identificación de especie mediante diagnóstico tradicional. Varias técnicas de biología molecular se han desarrollado para detectar y diferenciar en el género *Cryptosporidium* las especies y los genotipos. A nivel mundial, *C. hominis*, *C. parvum*, *C. meleagridis*, *C. felis*, *C. canis*; son responsables de la mayoría de los casos de criptosporidiosis humana; más comunes los 2 primeros. En algunas zonas *C. meleagridis* presenta prevalencia similar a *C. parvum*. Ocasionalmente se detecta *C. muris*, *C. suis*, *C. andersoni* y los genotipos ciervo, caballo, conejo, ardilla y zorrillo, en humanos. **Objetivo:** Genotipificar los ooquistes de *Cryptosporidium* procedentes de seres humanos inmunocomprometidos e inmunocompetentes de Valparaíso. **Material y métodos:** La búsqueda de ooquistes de *Cryptosporidium* se efectuó mediante Ziehl Neelsen en muestras de deposición, de pacientes inmunocomprometidos (n=259) e inmunocompetentes (n=178), con y sin diarrea. Se estudió 21 muestras de bilis obtenidas mediante sondeo duodenal de pacientes ambulatorios. En pacientes VIH/SIDA se efectuó recuento de CD4. Se implementó un protocolo de extracción de ADN, a partir de muestras de deposiciones con ooquistes del coccidio sometidos a shock térmico y se optimizó la PCR anidada, usando partidores que amplifican una secuencia conservada de los genes 18S ADNr, para la identificación del género *Cryptosporidium*. Los productos amplificados fueron purificados, secuenciados y comparados con lo reportado internacionalmente mediante alineamiento Blast. Las secuencias de consenso fueron depositadas en Genbank. **Resultados:** De 458 muestras se obtuvo 29 positivas mediante Ziehl Neelsen para *Cryptosporidium* spp (6,3 %), 23 y 6 en pacientes con y sin diarrea respectivamente. Veinticinco muestras positivas (9,7%) procedentes de 259 pacientes inmunocomprometidos; 18 (7,5%) VIH (+)/SIDA. Los 7 restantes correspondieron a 4 pacientes oncológicos, 1 transplantado renal, 1 síndrome. de hiper-IgM y 1 embarazada. Cuatro muestras positivas (2,2%) de 178 pacientes inmunocompetentes con diarrea, 1 con síndrome de Down. No se observó el coccidio en muestras de bilis. Mediante las herramientas moleculares y posterior secuenciación, se identificó en pacientes inmunocomprometidos VIH/SIDA: *C. parvum* (n=9), *C. hominis* (n=8) y *C. muris* (n=1), con 91 y 100% de identidad a lo publicado. En los otros inmunocomprometidos sólo se identificó *C. parvum* con 95% de identidad. En pacientes inmunocompetentes se identificó *C. hominis* (n=3) y *C. meleagridis* en un paciente con Sd. de Down con 91 y 98% de identidad con lo publicado en GenBank. Se detectó variabilidad intraespecífica en los aislados de *C. hominis* y *C. parvum*. El recuento promedio de CD4, en los pacientes con *Cryptosporidium*, fue 99,4 cels/mm³; CD4 de 13 cels/mm³ se detectó en el paciente VIH (+) con *C. muris*. **Discusión y conclusiones.** El estudio permitió la identificación, en seres humanos, de 4 especies de *Cryptosporidium* circulando en el territorio: *C. parvum*, *C. hominis*, *C. meleagridis* y *C. muris*, demostrándose la transmisión zoonótica y antroponótica del coccidio en la Región de Valparaíso. La presencia de *C. parvum*, *C. meleagridis* y *C. muris* en humanos, con mayor prevalencia de la primera de ellas, indica que en esta área geográfica habría mayor propensión a la infección por el coccidio mediante transmisión zoonótica, como fuera comprobado entre una paciente y sus gatos. La presencia del coccidio claramente se relaciona con el compromiso inmunológico de los pacientes infectados con VIH, y particularmente con diarrea crónica en los infectados por *C. hominis*

Preside: **Dr. Luis Thompson M.**Secretario: **Dr. Patricio Godoy M.**Sala: **A- Valdivia**Area: **Infecciones en Inmunodeprimidos e Infecciones Fúngicas**Hora: **12:05 - 12:20**

ESTANDARIZACION DE UNA REACCION EN CADENA DE LA POLIMERASA EN TIEMPO REAL PARA *ASPERGILLUS FUMIGATUS* EN SANGRE: HACIA EL DESARROLLO DE UNA NUEVA HERRAMIENTA DIAGNOSTICA PARA PACIENTES PEDIATRICOS CON ASPERGILOSIS INVASORA

Primer Autor: Ducasse Karen**Otros Autores:** Ducasse Karen¹, Santolaya María Elena¹, Torres Juan Pablo¹, Vergara Alejandra¹, Tapia Cecilia², Farfán Mauricio¹**Relator:** Ducasse Karen¹**Lugar De Trabajo**¹ Centro de Estudios Moleculares, Departamento de Pediatría Oriente, Facultad de Medicina, Universidad de Chile-Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna, ²:Programa Microbiología, ICBM, Facultad Medicina, Universidad de Chile

Introducción: La infecciones fúngicas invasivas (IFI) han aumentado en los últimos años en pacientes pediátricos inmunosuprimidos, incrementando así, la morbimortalidad de este grupo de pacientes. Después de *Candida*, las IFI por *Aspergillus*, principalmente género *fumigatus*, son las IFI más frecuentes afectando principalmente a órganos como el pulmón y cavidades paranasales. Con respecto al diagnóstico, la detección de aspergilosis invasora continúa siendo uno de los grandes desafíos en la detección de IFI. En esta dirección, actualmente existen herramientas de apoyo al diagnóstico como la histología, medición de galactomanano y 1-3 B -Glucano en sangre, las cuales tienen limitaciones tanto en la especificidad como en la sensibilidad, no lográndose generalmente un diagnóstico certero precoz. En el último tiempo, la detección de material genético de *Aspergillus fumigatus* mediante técnica de reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (PCR-TR), aparece como una opción para el diagnóstico precoz de esta patología, debido a su alta sensibilidad y especificidad. **Objetivo:** Estandarización de la técnica de PCR-TR para *Aspergillus fumigatus* en muestras de sangre de pacientes pediátricos. **Método:** La técnica se desarrolló a partir de protocolo preexistente, la cual utiliza una sonda específica tipo "molecular beacon" para *Aspergillus fumigatus* dirigida a la región ITS1 (Internal Transcriber Spacer 1) del ADN ribosomal de *Aspergillus fumigatus*. Se desarrolló la curva de calibración a partir de muestra con concentración conocida de ADN de *Aspergillus fumigatus*. Se comparó la extracción ADN en 10 muestras de sangre utilizando 2 métodos disponibles comercialmente (Qiagen y Roche) con diferentes volumen de elución. Se evaluó, además, la extracción de ADN en presencia o ausencia de la enzima liticasa. En la reacción de PCR-TR se evaluaron distintos volúmenes de ADN templado, sonda y partidores. Posteriormente se cuantificó el ADN de *Aspergillus fumigatus* en sueros de pacientes con diferentes inóculos de esporas de *Aspergillus fumigatus*. Finalmente, se evaluó la técnica con muestras de sueros de pacientes con galactomanano (GMN) positivos y negativos. **Resultados:** Se desarrollo de una curva estándar de *Aspergillus fumigatus* con un límite de detección 280 fg/reacción. En cuanto a la extracción de ADN de *Aspergillus fumigatus* se observó un mejor rendimiento utilizando columnas de Qiagen comparado con Roche. Al comparar la extracción de ADN en presencia o ausencia de liticasa, no se observaron diferencias en el rendimiento de extracción. Se observó un correlación entre la cantidad de esporas agregadas a sueros de pacientes y la cantidad de ADN de *Aspergillus fumigatus* detectado por RPC-TR. En las muestras de suero de pacientes se detectó ADN de *Aspergillus fumigatus* en muestras con GMN positivo y negativas. **Conclusión:** La RPC-TR estandarizada en este trabajo permite la detección de *Aspergillus fumigatus* en sangre. La aplicación de esta RPC-TR en pacientes con Aspergilosis posible, probable y probada, junto con las técnicas ya descritas como la detección de GMN, permitirá evaluar su utilidad para discriminar la sospecha diagnostica. Este estudio actualmente se encuentra en desarrollo.

Preside: **Dr. Luis Thompson M.**Secretario: **Dr. Patricio Godoy M.**Sala: **A- Valdivia**Area: **Infecciones en Inmunodeprimidos e Infecciones Fúngicas**Hora: **12:20 - 12:35**

SUSCEPTIBILIDAD ANTIFÚNGICA IN VITRO, SEGURIDAD Y ACTIVIDAD IN VIVO DEL PRODUCTO NATURAL DERIVADO DEL ACEITE DE MARAVILLA OZONIZADO (AMO₃MR) FRENTE A DERMATOFITOS

Primer Autor: Thomson Pamela**Otros Autores:** Anticevic Sonia, Héctor Rodríguez, Silva Victor**Relator:** Silva Victor**Lugar De Trabajo**

Facultad de Medicina Universidad Mayor, Universidad del Pacífico, Universidad de Chile



Introducción. A pesar del avance en condiciones sanitarias y en las ciencias médicas, las dermatofitosis continúan siendo causa importante de consulta en salud. En los últimos años se han desarrollado productos naturales con actividad antimicótica, entre los cuales desataca el aceite de maravilla ozonizado, denominado AMO₃^{MR}. Este aceite presentaría una amplia actividad antimicrobiana, sin embargo existe escasa información sobre su actividad antimicótica y seguridad para su aplicación en un hospedero mamífero. **Objetivo.** Por tal motivo el objetivo fue determinar la seguridad, actividad antifúngica *in vitro* e *in vivo* del aceite frente a los dermatofitos y a la dermatofitosis en modelo experimental animal. **Material y Métodos.** La sensibilidad antifúngica fue estudiada en 41 cepas de dermatofitos (15 *M. canis*, 10 *M. gypseum*, 9 *T. mentagrophytes*, 4 *T. rubrum*, 1 *M. nanum*) por métodos de difusión en agar y microdilución en caldo. El modelo experimental para evaluar tópicamente la seguridad del AMO₃ incluyó a 60 ratones de la cepa CF1 formando tres grupos a los cuales se les aplicó respectivamente vaselina (control), AMO₃^{MR} al 1% y AMO₃^{MR} al 50% (sobredosis) con evaluación clínica e histopatológica teñida con hematoxilina-eosina. Para evaluar la actividad antifúngica *in vivo*, se indujo dermatofitosis experimental en ratones CF1 con *Trichophyton mentagrophytes*. Una vez diagnosticados clínica y microbiológicamente, los animales fueron divididos en 5 grupos de 15 individuos cada uno, para ser tratados aleatoriamente una vez al día con crema dermatológica que contenía placebo y AMO₃^{MR} al 1, 2 y 3%, más un grupo control sin tratamiento. Los signos clínicos de descamación, eritema, prurito y alopecia fueron evaluados continuamente asignado un puntaje ascendente de "0" para ausencia de lesión y "1, 2 o 3" para presencia de lesión leve, moderada o abundante, generando una escala arbitraria para evaluación. El estudio contó con aprobación del Comité de Bioética, U. de Chile. **Resultados.** La aplicación de vaselina y del producto natural a base de aceite de maravilla ozonizado AMO₃^{MR} al 1 y 50%, no presentó lesiones al examen clínico e histopatológicamente se descartó presencia de hemorragias, inflamación y edema en las muestras de animales analizadas (p>0,05). El aceite de maravilla ozonizado AMO₃^{MR} presentó actividad antifúngica frente a todas las cepas de dermatofitos estudiadas, detectando halos crecientes de inhibición del crecimiento a partir de concentraciones ≥ 1%, cuantitativamente la CIM fluctuó entre 0,125 a 1%, con CIM 90 de 1%. La concentración fungicida mínima (CFM) capaz de matar todas las cepas fue de 2%. Los ratones con dermatofitosis tratados AMO₃^{MR} al 1, 2 y 3%, presentaron 100% de cura clínica y 94% de cura micológica, mostrando una diferencia significativa con el grupo control y placebo (P<0,05). **Conclusiones.** En base a estos resultados, concluimos que el aceite de maravilla ozonizado AMO₃^{MR} presenta actividad antifúngica *in vitro* frente a distintas especies de dermatofitos, es seguro de aplicar vía tópica y posee actividad *in vivo* en modelo de dermatofitosis experimental animal.

Preside: **Dr. Luis Thompson M.**Secretario: **Dr. Patricio Godoy M.**Sala: **A- Valdivia**Area: **Infecciones en Inmunodeprimidos e Infecciones Fúngicas**Hora: **12:35 - 12:50**

EPIDEMIOLOGÍA Y RELACIÓN CLONAL ENTRE CEPAS PATÓGENAS Y COMENSALES DE *CANDIDA ALBICANS* AISLADAS EN PACIENTES ADULTOS CON CANDIDEMIA.

Primer Autor: Silva Víctor

Otros Autores: Silva Víctor (1); Castañón Karen (2); Sakurada Aandrea (3); Silva Viviana (1); Vidal Mario (3); Llanos Osvaldo (3); Tobar Eduardo (3).

Relator: Silva Víctor

Lugar De Trabajo

Grupo de Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad Mayor (1), Tesista Facultad de Ciencias Pecuarias y Veterinarias (2), Hospital Clínico Universidad de Chile (3).

Introducción. *Candida* spp, puede formar parte de la microbiota del hombre y transformarse en patógeno oportunista en infecciones invasoras principalmente de origen nosocomiales, las que presentan una alta morbiletalidad. **Objetivo.** Conocer la epidemiología y la relación clonal entre cepas patógenas (hemocultivo) y comensales (boca, recto, orina, vagina y piel) de levaduras aisladas de pacientes con candidemia atendidos en unidades de paciente crítico en un hospital de alta complejidad. **Material y Métodos.** Cohorte de 11 meses en unidades de paciente crítico, reclutando a pacientes con levaduras en hemocultivos. Las muestras fueron procesadas y las cepas identificadas, según método estándar en micología médica. Las levaduras se genotipificaron mediante Amplificación Aleatoria del ADN Polimórfico (RAPD), utilizando 5 partidores. Se determinó similitud por coeficiente de Dice y se construyó un dendrograma mediante UPGMA (Unweighted Pair Group Method Whit Arithmetic Averages) usando *C. albicans* ATCC 90028, *C. dubliniensis* CBS 7989 y *C. glabrata* 55sv como controles. **Resultados.** Durante la vigilancia, 11 pacientes (6 hombres) entre 25 a 81 años, hospitalizados en UCI (5), UTI-Médica (3), UTI-Quirúrgica (2) y UHO (1) presentaron candidemia. Los hemocultivos (Bact/Alert) dieron positivos entre 19 a 120 hrs de incubación (55 hrs promedio). Siete pacientes presentaron candidemia por *C. albicans* (64%), 2 por *C. glabrata* (18%) y 2 por *C. parapsilosis* (9%) y *C. dubliniensis* (9%). Se procesaron 57 muestras, aislando e identificando levaduras del género *Candida* en 45 de ellas (79%). Solo 12 muestras de sitios potencialmente colonizados fueron negativas (21%). Todos los pacientes presentaron colonización por cepas de la misma especie aislada en sangre y 2, además presentaron colonización mixta de levaduras. Molecularmente, los aislados propios de cada paciente fueron agrupados en "cluster" únicos con una alta similitud genética ($S_{AB} \geq 0.9$), demostrando el origen clonal de las cepas en cada paciente y en algunos casos, la existencia de fenómenos de microevolución. **Conclusiones.** *C. albicans* mantiene su prevalencia en candidemia, seguida de *C. glabrata*, mientras el método de RAPD confirmó el origen nosocomial endógeno en estas infecciones en cada paciente.

Preside: **Dr. Luis Thompson M.**Secretario: **Dr. Patricio Godoy M.**Sala: **A- Valdivia**Area: **Infecciones en Inmunodeprimidos e Infecciones Fúngicas**Hora: **12:50 - 13:05**

OPTIMIZACIÓN DEL DIAGNÓSTICO ETIOLÓGICO Y CARACTERIZACIÓN CLÍNICA DE LAS INFECCIONES VIRALES, BACTERIANAS Y COINFECCIÓN VIRAL-BACTERIANA EN NIÑOS CON NEUTROPENIA FEBRIL

Primer Autor: Torres Juan Pablo

Otros Autores: Ibañez C, Kasaneva P, Farfan M, De la Maza V, Vergara I, Piemonte P, Zubieta M, Salgado C, Villarroel M, Álvarez AM, Varas M, Avilés C, Tordecilla J, Topelberg S, Viviani T, Becker A, Santolaya ME

Relator: Torres Juan Pablo

Lugar De Trabajo

Facultad de Medicina, Universidad de Chile



Introducción: La infección es la primera causa de mortalidad en niños con cáncer y neutropenia. El diagnóstico etiológico de los episodios de neutropenia febril (NF) sólo alcanza a un 10 a 30%, siendo relevante conocer el agente de la infección para iniciar un tratamiento antimicrobiano adecuado. Las infecciones bacterianas que más se asocian a mortalidad en NF en niños son las bacteriemias causadas por *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa*. El rol de los virus respiratorios en los episodios de NF no ha sido estudiado sistemáticamente, pese a que en pacientes inmunocomprometidos pueden tener una evolución más prolongada y/o severa. El estudio de las características clínicas y el diagnóstico molecular de patógenos podría ser una herramienta útil para optimizar el diagnóstico etiológico y manejo de los episodios de NF en niños. **Objetivo:** Determinar el aumento en el diagnóstico etiológico (viral, bacteriano y coinfección viral-bacteriana) de episodios de NF en niños al adicionar el diagnóstico molecular para la detección de virus respiratorios y bacterias. Además, caracterizar clínicamente las infecciones virales, bacterianas y coinfecciones viral-bacterianas en los episodios de NF. **Materiales y métodos:** Se realizó un estudio prospectivo, colaborativo y multicéntrico en niños con cáncer y episodio de neutropenia febril (temperatura al ingreso $\geq 38,5^\circ$ o 38° en dos mediciones y recuento absoluto de neutrófilos $\leq 500 \times \text{mm}^3$) en 6 hospitales de Santiago de Chile. Luego de obtener el consentimiento informado, los pacientes enrolados recibieron indicaciones de acuerdo a un protocolo único de manejo de episodios de NF. Se obtuvieron muestras de sangre al ingreso y las 24 horas para hemocultivos, exámenes de laboratorio general y muestra nasofaríngea. De acuerdo a la presentación y/o foco clínico, se analizaron otras muestras con estudio microbiológico convencional. En pacientes con NF de alto riesgo de infección bacteriana invasora (IBI), se realizó RPC en tiempo real para la detección de *S aureus*, *E coli* y *P aeruginosa* (Applied Biosystems®) en las muestras de sangre de la hora 0 y 24. En todos los pacientes se analizó la muestra nasofaríngea para la detección de 17 virus respiratorios a través de una plataforma de *microarrays* de baja densidad (Genómica®), de acuerdo a las instrucciones del fabricante. En cada paciente se registraron variables clínicas como temperatura, horas de fiebre al ingreso, duración de la fiebre, días de hospitalización, necesidad de UCI, valores de proteína C reactiva (PCR) y hemograma con recuento absoluto de neutrófilos y monocitos. Posteriormente, los pacientes con agentes etiológicos demostrados, fueron clasificados en pacientes con infección viral, bacteriana o coinfección viral-bacteriana. **Resultados:** Se estudiaron un total de 115 episodios de neutropenia febril. La mediana de edad fue de 7 años (p25-75% 4-12) con un 61% de varones. La patología oncológica de base correspondió a un 47% de leucemia/linfoma, 21% tumores sólidos y 14% a recaídas de leucemia. Hubo 84 casos (64%) de NF de alto riesgo de IBI y 31 casos de bajo riesgo de IBI. A través de métodos microbiológicos convencionales se detectó la etiología del episodio de NF en un 23% (26/115), aumentando significativamente al agregar el diagnóstico molecular bacteriano y viral (57%; 66 casos) ($p < 0.05$), detectándose un 66% de infecciones respiratorias virales, un 16% de infecciones bacterianas y un 16% de coinfecciones. Tanto en los casos de NF de alto y bajo riesgo de IBI, la principal causa detectada fueron los virus respiratorios. Al comparar los 3 grupos, la duración de la fiebre desde el ingreso, la duración de la hospitalización, los valores de PCR y necesidad de UCI fue significativamente mayor en el grupo de coinfecciones vs los casos de infección respiratoria viral ($p < 0.05$). **Conclusiones:** El diagnóstico etiológico de las NF aumenta significativamente al agregar técnicas moleculares para la detección de virus respiratorios y bacterias. Las infecciones respiratorias virales fueron la principal causa de infección en este grupo de pacientes. Se requieren más estudios para caracterizar el impacto de las coinfecciones y las infecciones virales. Conocer precozmente la etiología de las NF ayudaría a optimizar el manejo de estos pacientes.

Preside: **Dr. Luis Thompson M.**

Secretario: **Dr. Patricio Godoy M.**

Sala: **A- Valdivia**

Area: **Infecciones en Inmunodeprimidos e Infecciones Fúngicas**

Hora: **13:05 - 13:20**

DIAGNÓSTICO MICROBIOLÓGICO Y MOLECULAR DE BACTERIEMIAS EN EPISODIOS DE NEUTROPENIA FEBRIL DE ALTO RIESGO EN NIÑOS CON CÁNCER

Primer Autor: María Elena Santolaya

Otros Autores: Farfán M, De la Maza V, Alvarez AM, Avilés CL, Becker A, Román P, Salgado C, Topelberg S, Tordecilla J, Varas M, Villarroel M, Viviani T, ORyan M, Zubieta M, Torres JP

Relator: María Elena Santolaya

Lugar De Trabajo

Departamento de Pediatría y Centro de estudios moleculares, Hospital Luis Calvo Mackenna, Comité de Infectología PINDA, Facultad de Medicina, Universidad de Chile



Antecedentes: El diagnóstico etiológico es crítico para el tratamiento oportuno y adecuado de la neutropenia febril (NF) en niños con cáncer. Los hemocultivos son positivos en sólo 10-30% de los episodios. Objetivo. Optimizar el diagnóstico microbiológico, a través de la detección de ADN de las especies bacterianas aisladas con mayor frecuencia en esta población

Método: Estudio prospectivo, multicéntrico. Los niños < de 18 años, en tratamiento quimioterápico por cáncer, que consultaron por NF de alto riesgo (*Santolaya ME et al, JCO 2001, CID 2002*), en 6 hospitales públicos de la región Metropolitana pertenecientes a la red PINDA, fueron invitados a participar. Luego que sus padres/madres firmaron un consentimiento informado, y los mismos niños en caso de ser > de 11 años, fueron enrolados en el estudio. A su ingreso cada niño fue evaluado por uno de los investigadores, y manejado hasta su egreso hospitalario según el consenso nacional de NF en los 6 Hospitales participantes. En todos los pacientes se obtuvo muestra de sangre para hemocultivos al ingreso, y para PCR en tiempo real al ingreso y a las 24 horas de hospitalización, para la detección de ADN de las tres especies bacterianas detectadas con mayor frecuencia en niños chilenos con NF de alto riesgo: *E coli*, *S aureus* y *P aeruginosa*.

El personal que realizó las PCR fue ciego para la evolución clínica y la información microbiológica de cada paciente

Resultados: Un total de 130 episodios de NF de alto riesgo en 93 niños fueron enrolados en el período de estudio (Mayo - Diciembre 2009). La mediana de edad fue de 7 años (rango IQ 4 - 13), 64% fueron de sexo masculino, el cáncer más frecuente fue hematológico (55%), y la mediana de tiempo transcurrido entre el inicio de la fiebre y el ingreso al Hospital fue de 2 horas (rango IQ 1-5). Veinte/130 casos (15%) tuvo hemocultivos (+), 7 (5%) para las tres especies bacterianas seleccionadas: 4 *E coli*, 2 *S aureus* y 1 *P aeruginosa*. La detección de ADN bacteriano a través de PCR en tiempo real fue (+) en 22 episodios (17%): 9 *E coli*, 12 *S aureus*, 3 *P aeruginosa*. En dos episodios la PCR fue positiva para dos agentes: 1 *S aureus* + *E coli*, 1 *S aureus* + *P aeruginosa*. La determinación de PCR para estas tres especies bacterianas tuvo una sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo y negativo de 57%, 84%, 17% y 97%. El valor de "likelihood ratio" positivo y negativo fue de 3,51 (IC 95% 1,6-7,5) y 0,51 (IC 95% 0,22-1.2). De los 22 episodios con PCR (+), 17 (77%) tuvo una evolución compatible con infección bacteriana invasora, de los cuales 7 (41%) tuvo diagnóstico de sepsis.

Conclusiones: Dentro de nuestro conocimiento, este es el primer reporte de detección de ADN específico en niños con cáncer y NF. Estos hallazgos podrían contribuir a un diagnóstico más temprano y oportuno, lo que tendría impacto en un manejo más específico y racional de esta creciente población de niños inmunocomprometidos.

Proyecto FONDECYT 1090194

Preside: **Dr. Luis Thompson M.**Secretario: **Dr. Patricio Godoy M.**Sala: **A- Valdivia**Area: **Infecciones en Inmunodeprimidos e Infecciones Fúngicas**Hora: **13:20 - 13:35**

PERFIL FARMACOCINETICO DE AMIKACINA EN PACIENTE ONCOLOGICO PEDIATRICO CON NEUTROPENIA FEBRIL

Primer Autor: Rabello Marcela**Otros Autores:** Villena Rodolfo, Morales Jorge, Aravena Rodrigo,
Kopp Katerine, Santolaya Maria Elena**Relator:** Rabello Marcela**Lugar De Trabajo**

Hospital Dr Luis Calvo Mackenna, Hospital Dr Exequiel Fernandez, Hospital Dr Sótero del Río



Introducción: La terapia antibacteriana empírica inicial en el paciente con un episodio de neutropenia febril (NF) acorde al consenso del 2005 "Manejo racional del paciente con cáncer, neutropenia y fiebre" SOCHINF incluye el uso de aminoglicósidos en asociación con β -lactámicos. La amikacina es el aminoglicósido más utilizado. Las interacciones farmacológicas, los trastornos en los volúmenes fisiológicos y capacidad de depuración durante los episodios de sepsis, podrían ocasionar una falla terapéutica, lo que ha motivado la recomendación de la monitorización de parámetros farmacocinéticos/ farmacodinámicas (FC/FD) en esta población, una herramienta que optimiza su acción bactericida, logra correlacionar la eficacia terapéutica de acuerdo a los niveles de concentración máxima plasmática alcanzados y disminuye el riesgo de resistencia antimicrobiana. **Objetivos:** Comparar el modelo FC/FD para el uso de amikacina en mono dosis diaria y dosis múltiples diarias en niños con cáncer cursando un episodio de NF AR. **Metodología:** Estudio cohorte prospectivo, controlado, descriptivo, en niños con cáncer y NF AR hospitalizados en la Unidad de Oncología del Hospital de niños Dr. Luis Calvo Mackenna, entre Noviembre del 2008 a Octubre del 2009. La madre/padre firmó consentimiento informado y el niño/a asentimiento informado para participar en el estudio Tratamiento aleatorizado con amikacina intravenosa, 15 mg/kg/día, en 2 grupos: dosis múltiples (7,5mg/k cada 12horas) y monodosis diaria. Diseño de monitorización farmacocinético en modelo mono compartamental: Medición de concentraciones plasmáticas de amikacina basales (C basal) y máximas (Cmax) con técnica de Inmunoensayo de Fluorescencia Polarizada TDxFLx (Abbot Lab.) Cálculo de parámetros farmacocinéticos del modelo Bayesiano después que se logra los niveles de mantención (*steady state*). Uso de software NONEM IV para medición de: Clearance de distribución de amikacina (Cl amika), Constante de eliminación de amikacina, Volumen de distribución de amikacina (Vd), tiempo de vida media. **Resultados:** Se enrolaron 36 pacientes con NF AR, 31 episodios fueron elegibles para análisis de datos, 13 con dosis múltiples (Grupo 1) y 18 en monodosis (Grupo 2). Todos los pacientes presentaron alteraciones en los parámetros FC/FD. El Vd observado (23,50 L/K) es 2,2 veces superior al Vd esperado (10,58 L/K) en el grupo 1 y 1,92 veces superior en el grupo 2 (15,24 L/K / 7,93L/K) a la hora 24, sin diferencias significativas entre ambos grupos ($p=0,01$). Los tiempos de vida media observado (2,94hrs) es 1,44 veces mayor al esperado en grupo 1 (1,5hrs) y 6,1 veces en el grupo 2 (7,6hrs / 1,5hrs) a la hora 24, y se incrementa a la hora 48 a 2,32 (3,48 hrs. / 1,5hrs) y 4,65 (7,36 hrs. / 1,5hs) respectivamente ($p=0,01$). Clearance de Amikacina a la hora 24: 37,89% de incremento en el grupo 1 y decrece en 23,46% sobre el valor esperado en el grupo 2 (P value: 0,0121). Los niveles de C max en rango terapéuticos > 30mcg/ml se alcanza sólo en 1 sujeto del grupo 1y un tercio de los sujetos del grupo 2 (6/18) a la hora 24 y 48. Cmax Amikacina grupo 1: 16,47 mg/L y 24,27 mg/L en grupo 2 promedio a la hora 24. En ambos grupos se mantiene niveles basales de amikacina adecuado < de 2mcg/ml. **Discusión:** En la dosificación de monodosis diaria se observa un incremento de $t_{1/2}$ y disminución del Cl de amikacina (depuración del fármaco) esto es mayor efecto terapéutico por que aumenta el tiempo en el cual el efecto post antibiótico aumenta sin alterar la seguridad del fármaco. El Vd aumentado en ambos grupos asociado a Cmax promedio subterapéuticos en la dosificación en dosis múltiples y en 2 de cada 3 pacientes en dosificación en monodosis es un riesgo de falla terapéutica en antibióticos concentración dependiente y avala el uso de dosis de amikacina más alta 20-30 mg/k/día en pacientes con NF y/o sepsis. **Conclusión:** La magnitud y el tipo de respuesta farmacológica de amikacina depende de factores fisiológicos (edad, nutrición) y patológicos (fallo renal, hepático, SIRS). Los parámetros FC/FD se encuentran alterados en los pacientes oncológicos con NF aumentando el riesgo de falla terapéutica por Vd mas altos y Cl amikacina aumentado. Es por tanto justificable la monitorización terapéutica y el uso de dosis individualizadas de amikacina a partir de la interpretación de los valores Pk/PD optimizando la respuesta terapéutica y la seguridad de su uso.

Preside: **Dra. Patricia García C.** Secretaria: **Dra. Marcela San Martín S.** Sala: **B- Río Cruces**

Area: **Microbiología e Infecciones Intrahospitalarias**

Hora: **11:35 - 13:35**

CO-25

PARAMETROS FARMACOCINETICOS EN LA DOSIFICACION DE VANCOMICINA EN PACIENTES PEDIATRICOS QUE INGRESAN A LA UNIDAD DE CUIDADOS INTENSIVOS

Torres Juan Pablo, Castillo Cecilia, Morales Jorge, González Marcos, Valverde Cristian , Torres Juan Pablo, Acuña Carlos.

Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna

CO-26

EFICACIA DE SUPERFICIES DE COBRE EN PUNTOS CRÍTICOS PARA REDUCIR LA CARGA BACTERIANA AMBIENTAL EN LA UNIDAD DE CUIDADOS INTENSIVOS DEL HOSPITAL DEL COBRE DE CALAMA.

Prado Valeria 1, Durán Claudia 1, Crestto Marco 2, Gutiérrez Alicia 2, Sapiain Patricia 2, Flores Gustavo 2, Fabres Hernán 2, Tardito Carmen 3, Schmidt Michael 4

1Facultad de Medicina Universidad de Chile Santiago, 2Hospital del Cobre de Calama, Calama, 3CODELCO Chile, 4Med. Univ. of South Carolina, Charleston SC, USA.

CO-27

FACTORES DE RIESGO EN BROTE DE *CLOSTRIDIUM DIFFICILE*, DISEÑO CASO-CONTROL

Nercelles Patricio, Brenner Pola, Cruz Rodrigo, Márquez Leonor y Herrera Rosa.

Hospital Carlos Van Buren, Universidad de Valparaiso

CO-28

CARACTERÍSTICAS CLÍNICAS Y EPIDEMIOLÓGICAS DE LOS CASOS DE TUBERCULOSIS ATENDIDOS EN LA ÚLTIMA DÉCADA EN LA RED DE SALUD UC

Alvaro Morgado (1), Ruth Köhnenkamp (1), Patricia García (2), M. Elvira Balcells (3)

(1) Interno, Escuela de Medicina (2) Laboratorio de Microbiología y Biología Molecular, Depto Laboratorios Clínicos (3) Depto Medicina Interna. Facultad de Medicina. P. Universidad Católica de Chile

CO-29

VALOR PREDICTIVO DE LA BACILOSCOPÍA Y DEL CULTIVO AUTOMATIZADO PARA MICOBACTERIAS EN EL DIAGNÓSTICO DE LA TUBERCULOSIS EN POBLACIÓN ATENDIDA EN LA RED DE SALUD DE LA UC ENTRE LOS AÑOS 2006-2010

Marcos Huilcamán P., Daniela Pavez A., Hector Cabrera M., Patricia Garcia C., Elvira Balcells M., Claudia Castillo V.,

Departamentos de Medicina Interna, Pediatría y Laboratorios Clínicos. Facultad de Medicina. Pontificia Universidad Católica de Chile.

CO-30

MECANISMOS DE RESISTENCIA A CARBAPENÉMICOS EN AISLADOS CLÍNICOS DE ENTEROBACTERIACEAE

Wozniak A, Román JC, Gallardo N, Keller N, Villagra N, Mora G, Bello H, González G, Domínguez M, Labarca J, Porte L, García P y Grupo Colaborativo de Resistencia*

Laboratorio de Microbiología, Departamentos de Laboratorios Clínicos y de Medicina Interna; Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile; Unidad de Microbiología, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Andrés Bello. Laboratorio de Investigación en Antibióticos, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.

CO-31

MECANISMOS DE RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS CARBAPENÉMICOS EN CEPAS HOSPITALARIAS DE ACINETOBACTER BAUMANNII

Opazo Andrés¹, Bello Helia¹, Opazo Alexis¹, Domínguez Mariana¹, Sakurada Andrea², San Martín Marcela³, García Patricia⁴ y González Gerardo¹

¹Laboratorio de Investigación en Antibióticos, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción; ²Unidad de Microbiología, Hospital Clínico Universidad de Chile; ³Laboratorio Centralizado, Hospital Barros Luco, Santiago; ⁴Laboratorio de Microbiología, Departamentos de Laboratorios Clínicos. Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile.

CO-32

BETA-LACTAMASAS EN AISLADOS CLÍNICOS DE ENTEROBACTER SPP. EN HOSPITALES CHILENOS

Molina Raúl^{1,2}, González Gerardo¹, Bello Helia¹, Mella Sergio³, García Patricia⁴, Labarca Jaime⁴, Domínguez Mariana¹ y Grupo Colaborativo de Resistencia*.

¹Laboratorio de Investigación en Antibióticos, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, ²Facultad de Farmacia, ³Departamento de Medicina Interna, Facultad de Medicina, Universidad de Concepción, ⁴Laboratorio de Microbiología, Departamentos de Laboratorios Clínicos y de Medicina Interna, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Preside: **Dra. Patricia García C.**Secretaria: **Dra. Marcela San Martín S.**Sala: **B-Río Cruces**Area: **Microbiología e Infecciones Intrahospitalarias**Hora: **11:35 - 11:50**

PARAMETROS FARMACOCINETICOS EN LA DOSIFICACION DE VANCOMICINA EN PACIENTES PEDIATRICOS QUE INGRESAN A LA UNIDAD DE CUIDADOS INTENSIVOS

Primer Autor: Castillo Cecilia

Otros Autores: Morales Jorge, González Marcos, Valverde Cristian , Torres Juan Pablo, Acuña Carlos.

Relator: Torres Juan Pablo

Lugar De Trabajo

Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna

Introducción: La vancomicina es utilizada en Unidades de Cuidados Intensivos Pediátricos (UCIP) para el tratamiento de infecciones por microorganismos gram positivos y patógenos emergentes como *Staphylococcus aureus* meticilino resistente (SAMR). La dosificación habitual es de 40mg/kg/día cada 6 horas, sin considerar la variabilidad de parámetros farmacocinéticos (PF) (volumen de distribución y clearance de creatinina) en la población pediátrica. Los pacientes pediátricos críticos que ingresan a UCIP podrían beneficiarse de la dosificación de vancomicina según PF.

Objetivo: El objetivo de este trabajo fue caracterizar los PF de la vancomicina en dosis habituales en pacientes de UCIP. **Metodología:** Estudio retrospectivo con pacientes ingresados a la UCIP entre *Marzo 2008 - Abril 2010* y que recibieron tratamiento con vancomicina (40mg/kg/día). Se tomaron niveles de vancomicina a las 48 hrs de iniciado el tratamiento antimicrobiano: nivel peak (30 minutos post-infusión) y basal (30 minutos pre infusión) con técnica de inmunoensayo de fluorescencia Polarizada TDxFLx (Abbot Lab.). Se utilizó modelo monocompartimental de orden 1, de eliminación de vancomicina para estimar PF: tiempo de vida media (T1/2), volumen de distribución y clearance de creatinina con el objetivo de determinar el área bajo la curva (ABC). Se consideró un valor terapéutico adecuado un ABC > 400mg x h/L. El análisis estadístico de las variables estudiadas se realizó con prueba Fisher y Chi cuadrado con un nivel de significación de $p < 0,05$. **Resultados:** Se analizaron 84 pacientes pediátricos (43 masculinos), con una mediana de edad de 4,6 años (rango 0-16). De acuerdo al ABC obtenido , el 54 % (45/84) tuvo un valor terapéutico adecuado (> 400mg x h/L). Del 46 % (39/84) con ABC inadecuado , 26 de 39 (66%) tuvieron niveles basales de vancomicina en rango terapéutico (5-15mg/L). En el análisis según niveles basales de vancomicina, el 49% (41/84) pacientes tuvieron valores basales terapéuticos de vancomicina (5-15mg/L) y solo 16/41 de ellos (39%) obtienen ABC>400mg x h/L. 25/41 (61%) obtienen ABC inadecuado (< 400mg x h/L). Realizando un análisis de pacientes con niveles terapéuticos entre 5-15 mg/L, se pueden establecer 2 sub grupos, aquellos con nivel basal entre 5,0-9,9 mg/L donde solo el 16% de los pacientes tuvieron ABC >400mg x h/L, y un segundo subgrupo con nivel basal entre 10,0-14,9 mg/L, donde un 81% presentaron un ABC > 400 mg x h/L. ($p < 0,0001$). En los paciente ≤ 2 años, 24/48 (50%) obtienen ABC>400mgxh/L en comparación con el grupo de > 2 años en que 21/36 (58%) obtienen ABC>400mgxh/L. **Conclusiones :**En pacientes pediátricos críticos que reciben vancomicina en dosis habituales, se encontró un 46% con ABC < 400mgxh/L y un 52% de pacientes con niveles basales en rango no terapéutico. La edad podría ser un factor a considerar en la dosificación de vancomicina.En este grupo de pacientes, podría requerirse una dosificación mayor de vancomicina monitorizada de acuerdo a PF para alcanzar niveles terapéuticos efectivos.Se deben realizar más estudios controlados para establecer la dosis terapéutica efectiva en pacientes pediátricos críticos.

Preside: **Dra. Patricia García C.**Secretaria: **Dra. Marcela San Martín S.**Sala: **B-Río Cruces**Area: **Microbiología e Infecciones Intrahospitalarias**Hora: **11:50 - 12:05**

EFICACIA DE SUPERFICIES DE COBRE EN PUNTOS CRÍTICOS PARA REDUCIR LA CARGA BACTERIANA AMBIENTAL EN LA UNIDAD DE CUIDADOS INTENSIVOS DEL HOSPITAL DEL COBRE DE CALAMA.

Primer Autor: Prado Valeria 1

Otros Autores : Durán Claudia 1, Crestto Marco 2, Gutiérrez Alicia 2, Sapiain Patricia 2, Flores Gustavo 2, Fabres Hernán 2, Tardito Carmen 3, Schmidt Michael 4

Relator: Prado Valeria 1

Lugar De Trabajo

1Facultad de Medicina Universidad de Chile Santiago, 2Hospital del Cobre de Calama, Calama, 3CODELCO Chile, 4Med. Univ. of South Carolina, Charleston SC, USA.

Introducción. El ambiente hospitalario actúa como un importante reservorio y participa en la transmisión de microorganismos patógenos. Estudios *in vitro* han demostrado la actividad bactericida del cobre metálico sobre una amplia gama de patógenos. **Objetivo.** Evaluar la capacidad bactericida del cobre y aleaciones, en superficies de contacto predefinidas dentro de salas UCI, y su efecto en la reducción de la carga bacteriana en un ambiente hospitalario de baja humedad. **Metodología.** En el Hospital del Cobre de Calama (HCC) se recubrieron con cobre o sus aleaciones, superficies predefinidas (barandas y manillas de camas, mesa de pacientes, portasuero, apoya brazos de silla de visitas y lápiz del monitor) en 3 salas UCI elegidas en forma aleatoria (Salas Cu) y se dejaron 3 salas controles (sin Cu). Durante 30 semanas se tomaron muestras de estas superficies de contacto y se compararon las diferencias (test de Kruskal Wallis) en el promedio de la carga bacteriana (PCB) expresada en UFC/100 cm² de cada superficie de las salas con y sin Cu. Los procedimientos de limpieza fueron idénticos en todas las salas UCI. **Resultados.** El PCB asociado con 1.260 superficies estudiadas en 90 Salas Cu fue comparado con igual número de muestras obtenidas de salas sin Cu, durante 30 semanas, con una humedad ambiental que varió durante el estudio entre 7.2-19.7%. Las superficies de cobre y sus aleaciones demostraron ser efectivas para reducir en forma significativa el PCB en todas las superficies estudiadas (barandas de cama 91%, manillas de camas 82%, mesa 83%, sillas 92%, portasuero 88 % y lápiz del monitor 49%. El PCB total en las salas Cu (309 UFC/100cm²) fue significativamente inferior a lo observado en las salas sin Cu (1936 UFC/100cm²) p<0.00001. El microorganismo ambiental predominante fue *Staphylococcus* spp que se redujo significativamente en las salas Cu p<0.00001. Asimismo el PCB de bacilos Gram negativos en las salas sin Cu se redujo entre 74 y 100 %.**Conclusiones.** Se observó una reducción significativa en el PCB total, así como también en la carga bacteriana de *Staphylococcus* y de bacilos Gram negativos, en las superficies con Cu de las salas UCI del Hospital del Cobre de Calama. El efecto bactericida del cobre se mantuvo durante todo el estudio demostrando un efecto autodesinfectante. Superficies de Cu pueden ser un complemento importante en los programas de control de infecciones nosocomiales. Es necesario evaluar a futuro el impacto de estas observaciones sobre los pacientes hospitalizados.

Preside: **Dra. Patricia García C.**Secretaria: **Dra. Marcela San Martín S.**Sala: **B-Río Cruces**Area: **Microbiología e Infecciones Intrahospitalarias**Hora: **12:05 - 12:20**FACTORES DE RIESGO EN BROTE DE *CLOSTRIDIUM DIFFICILE*, DISEÑO CASO-CONTROL**Primer Autor:** Nercelles Patricio**Otros Autores:** Brenner Pola, Brenner Pola, Cruz Rodrigo, Márquez Leonor y Herrera Rosa.**Relator:** Nercelles Patricio**Lugar De Trabajo**

Hospital Carlos Van Buren, Universidad de Valparaíso

Introducción: La diarrea por *Clostridium difficile* (CD), constituye un problema importante de infecciones intrahospitalarias en establecimientos de salud. siendo responsable del 15 a 30% de las diarreas asociadas al uso de antimicrobianos en adultos., Se asocia también a brotes epidémicos, en Chile no existen publicaciones respecto a factores de riesgo de estas infecciones. **Objetivos:** Describir un brote de diarrea intrahospitalaria por CD, sus factores de riesgo e impacto de las medidas de control. **Material y método:** Se describe un brote epidémico de diarrea por CD durante junio y julio del 2010 en la Unidad de Mediana Complejidad Médica (MCM) del Hospital Carlos Van Buren de Valparaíso, con diseño caso control dirigido a identificar factores de riesgo. Se consideró como caso a los pacientes hospitalizados con diarrea por mas de 24 horas y con un resultado de toxina positiva a *Clostridium difficile*. Para cada caso se seleccionaron 4 controles al azar entre los pacientes hospitalizados en el mismo período en la Unidad. Se describen las características del brote y se identifican factores de riesgo a través de análisis univariado y regresión logística. **Resultados:** Durante el período de estudio, se notificaron 15 casos de diarrea por CD con un 66% de hombres, promedio de edad 73,9 años, 67% procedentes de su domicilio y un 20% del mismo hospital, en cuanto a diagnóstico de ingreso, un 33% correspondió a Accidente Vascular Encefálico y un 27% a neumonía. Todos los casos estuvieron expuestos a antimicrobianos previo a la diarrea (80% cefotaxima, 73% clindamicina y ambas 67%). La duración promedio de uso previo de antimicrobiano fue de 10,7 días. La diarrea se presentó en promedio a los 21,3 días del ingreso y su duración promedio fue 14,5 días. El tratamiento se realizó con Metronidazol con duración promedio de 15,3 días. No hubo diferencias en cuanto a edad y género en casos y controles. Los casos tuvieron una estadía hospitalaria 3 veces mayor que los controles ($p < 0,01$). El análisis univariado mostró que la neumonía, el enflaquecimiento, la dismovilidad, alteración de conciencia, estadía hospitalaria prolongada, catéter urinario a permanencia, nutrición enteral y tratamiento con clindamicina, estaban asociados a diarrea por CD ($p < 0,05$). En el análisis multivariado sólo el uso de clindamicina se asoció significativamente ($p = 0,0315$) a diarrea. El brote se controló con aislamiento en cohorte de precauciones de contacto, énfasis en lavado de manos usando agua y jabón antiséptico, desinfección de superficies con clorados, restricción de visitas y docencia y limitación del uso de clindamicina. Sólo un caso presentó recidiva y no hubo fallecidos. **Conclusiones:** Se describe un brote de diarrea por CD que afectó a 15 pacientes ancianos hospitalizados en Unidad de Mediana Complejidad Médica, el único factor de riesgo significativo fue la utilización de clindamicina. El brote se controló con aislamiento en cohorte y adherencia estricta de precauciones de contacto, restricción de visitas y docencia y limitación en el uso de clindamicina.

Preside: **Dra. Patricia García C.**Secretaria: **Dra. Marcela San Martín S.**Sala: **B-Río Cruces**Area: **Microbiología e Infecciones Intrahospitalarias**Hora: **12:20 - 12:35****CARACTERÍSTICAS CLÍNICAS Y EPIDEMIOLÓGICAS DE LOS CASOS DE TUBERCULOSIS ATENDIDOS EN LA ÚLTIMA DÉCADA EN LA RED DE SALUD UC****Primer Autor:** Alvaro Morgado (1)**Otros Autores:** Ruth Köhnenkamp (1), Patricia García (2), M. Elvira Balcells (3)**Relator:** Alvaro Morgado**Lugar De Trabajo**

(1) Interno, Escuela de Medicina (2) Laboratorio de Microbiología y Biología Molecular, Depto Laboratorios Clínicos (3) Depto Medicina Interna. Facultad de Medicina. P. Universidad Católica de Chile

Introducción: Chile se encuentra en fase de eliminación de la tuberculosis (TBC) y tiene como meta sanitaria reducir sus tasas a menos de 10 por 100.000 habitantes para el año 2010. Es fundamental conocer cuáles son las características y factores de riesgo de la población que desarrolla TBC en esta etapa epidemiológica, y existen escasas publicaciones al respecto en Chile. **Objetivo:** Evaluar las características clínicas y epidemiológicas de los pacientes diagnosticados y atendidos por TBC en la última década en la Red de Salud UC.

Material y método: Se realizó un estudio descriptivo, retrospectivo todos los casos de tuberculosis confirmados por cultivo positivo para *Mycobacterium tuberculosis* en el laboratorio de microbiología entre el año 2000 y 2008.

Resultados: A partir de un total de 163 cultivos positivos en el período en estudio se pudo acceder a 95 fichas clínicas de pacientes atendidos en la Red de Salud UC. No todas las fichas tuvieron información completa. La edad promedio fue de 52.6 años (rango de 13 a 90 años) y un 60% de sexo femenino. Un 2.1% de los casos correspondieron a inmigrantes. Un 9.5% tenía antecedente de patología respiratoria crónica, 7.4% diabetes mellitus, 6.3% cáncer previo o concomitante y 2.1% insuficiencia renal crónica. El 31% (23/74) de los pacientes tenía antecedente de tabaquismo y 34.3% (24/70) de consumo de alcohol. Un 27.4% de los casos se dieron en pacientes sin antecedentes mórbidos previos. Un 44.4% (32/72) de los pacientes diagnosticados con TBC presentó algún tipo de inmunosupresión al momento del diagnóstico: 16.6% (12/72) infección por VIH, 27.7% (20/72) asociada a drogas inmunosupresoras (corticoides, anti TNF, otros). De los casos de TBC en inmunosuprimidos en solo un caso existe registro de PPD previo al desarrollo de TBC (6.2%). El 16.2% (12/74) de los pacientes tenía como antecedente infección tuberculosa antigua. Del total de muestras un 49.5% corresponden a muestras pulmonares (expectoración, lavado bronquioalveolar o aspirado traqueobronquial) y 50.5% corresponden a muestras extrapulmonares. Un 17% (9/53) de los pacientes presentó toxicidad asociada al tratamiento con drogas antituberculosas: 5 casos de alteración de pruebas hepáticas (9.4%), 3 casos de reacciones alérgicas (5.7%), 1 caso de intolerancia digestiva (1.9%). No hubo casos de hepatitis fulminante o muerte por reacciones adversas y sólo 1 paciente debió discontinuar tratamiento anti TBC dado reacción adversa. Del total de pacientes, un 5.45% (3/55) presentó mortalidad atribuible a tuberculosis, de los cuales 1 paciente era inmunosuprimido (corticoides).

Conclusiones: La TBC en nuestro centro se ha ido centrando a ciertos grupos de pacientes de mayor riesgo, encontrando en nuestra serie que un 44% de los casos ocurren en pacientes inmunosuprimidos, de estos casi 2/3 corresponden a inmunosupresión farmacológica, y que la mitad de los casos corresponden a TBC extrapulmonar. Este porcentaje es superior a lo reportado por el Programa Nacional de Tuberculosis. De los datos anteriores se aprecia que falta optimizar en pesquisa y prevención de reactivación de TBC, especialmente en los grupos de riesgo.

Preside: **Dra. Patricia García C.**Secretaria: **Dra. Marcela San Martín S.**Sala: **B-Río Cruces**Area: **Microbiología e Infecciones Intrahospitalarias**Hora: **12:35 - 12:50**

VALOR PREDICTIVO DE LA BACILOSCOPIA Y DEL CULTIVO AUTOMATIZADO PARA MICOBACTERIAS EN EL DIAGNÓSTICO DE LA TUBERCULOSIS EN POBLACIÓN ATENDIDA EN LA RED DE SALUD DE LA UC ENTRE LOS AÑOS 2006-2010

Primer Autor: Marcos Huilcamán P.

Otros Autores: Daniela Pavez A., Hector Cabrera M., Patricia Garcia C., Elvira Balcells M., Claudia Castillo V.

Relator: Daniela Pavez A.

Lugar De Trabajo

Departamentos de Medicina Interna, Pediatría y Laboratorios Clínicos. Facultad de Medicina. Pontificia Universidad Católica de Chile

Introducción: *Mycobacterium* spp incluye más de 80 especies, siendo *Mycobacterium tuberculosis* (MTBC) el de mayor importancia clínica y epidemiológica en Chile. La prevalencia de MTBC en nuestro país en 1987 era de 97,9% en muestras respiratorias, sin embargo esta realidad ha ido cambiando por descenso de las tasas de MTBC en Chile, aumento de pacientes inmunodeprimidos y mejoría de las técnicas diagnósticas. El ISP de Chile reporta entre los años 2002 al 2004 un aumento de micobacterias no tuberculosas (MNT) desde 15,8% a 35% del total de cepas de micobacterias estudiadas. Actualmente en EEUU el CDC recomienda la amplificación de ácidos nucleicos, en al menos una muestra respiratoria de cada paciente con síntomas/signos de TBC pulmonar, debido al bajo valor predictivo positivo (VPP) de la baciloscopía para MTBC (50-80%). **Objetivo:** Evaluar el valor predictivo positivo de la baciloscopía y del cultivo automatizado para el diagnóstico de MTBC en la actualidad. **Material y método:** Estudio retrospectivo y descriptivo. Se incluyeron todos los cultivos positivos para *Mycobacterium* spp obtenidos de muestras respiratorias y no respiratorias en la Red de Salud UC desde enero 2006 a agosto del 2010. De estos cultivos se consideró sólo una muestra por paciente, a menos que se identificaran 2 especies diferentes de micobacterias o las muestras fueran de origen diferente al respiratorio. De cada paciente con cultivo positivo se revisó su respectiva baciloscopía, reacción en cadena de la polimerasa (RCP) para MTBC en los casos que estaba disponible, y la presencia o ausencia de VIH como comorbilidad. En el laboratorio de microbiología UC, todas las muestras se inoculan en medio sólido (método de referencia) y cultivo automatizado. Además toda cepa con morfología no sugerente de MTBC, cepas de muestras extra pulmonares y muestras de pacientes VIH, son enviadas al ISP para confirmación diagnóstica y tipificación. Los datos se analizaron con técnicas descriptivas habituales. **Resultados:** Durante el período estudiado se obtuvieron 213 cultivos de los cuales se excluyeron 49 muestras de acuerdo a los criterios señalados, quedando 166 cultivos para análisis. De este grupo un 64.5% corresponden a MTBC, mientras que el 35.5% restante fueron no MNT, donde Complejo *Mycobacterium avium* (MAC) correspondía a un 8.4% del total, *Mycobacterium gordonae* correspondía a un 6% del total y otras especie de MNT fueron un 20% del total de muestras. La muestras de origen respiratorio fueron 58.4% y las extra pulmonar corresponden a 41.6%, de éstas un 49.3% son de tejido, un 20.5% son de orina, un 14.5% son de sangre y abscesos, mientras que el resto se distribuye uniformemente entre liquido pleural, peritoneal y LCR. En el 91% de los cultivos estudiados, se solicitaron baciloscopías de la cuales un 40.4% fueron positivas y un 59.6% fueron negativas. En cuanto a la RPC para complejo tuberculoso se realizó en un 19.3% de todas las muestras analizadas con VPP como era de esperar de 100%, mientras que el VPN para muestras respiratorias fue de 80% y de las muestras NO respiratorias fue de 14.3% En relación a la presencia de VIH, 23 muestras eran de pacientes portadores de la infección lo que correspondía a un 13.9%. Al realizar análisis de subgrupos respecto de muestras respiratorias el VPP de las baciloscopías para MTBC es de 68.9% y en muestras no respiratorias es de 81.3%, sin diferencias respecto a la presencia o ausencia de VIH. En cuanto al VPP del cultivo acelerado para MTBC en muestras respiratorias era de 56.7% y para las muestras no respiratorias era de un 75.4%, tampoco existiendo diferencias respecto a la presencia o ausencia de VIH. **Conclusión:** La prevalencia de MNT corresponde a más de un tercio de las cepas estudiadas en los últimos 5 años en nuestra institución. El bajo VPP de las baciloscopías y de los cultivos acelerados para MTBC encontrado, es concordante con lo reportado en otras cohortes, con estos antecedentes se podría sugerir que en aquellos pacientes en que la clínica no es totalmente sugerente de MTBC y de acuerdo a la prevalencia local de éste microorganismo en la comunidad, ante una baciloscopía o cultivo acelerado positivo se debería realizar otros estudios, como biología molecular para identificar MTBC, dado que el VPP de ambas técnicas es baja.

Preside: **Dra. Patricia García C.**Secretaria: **Dra. Marcela San Martín S.**Sala: **B-Río Cruces**Area: **Microbiología e Infecciones Intrahospitalarias**Hora: **12:50 - 13:05****MECANISMOS DE RESISTENCIA A CARBAPENÉMICOS EN AISLADOS CLÍNICOS DE ENTEROBACTERIACEAE****Primer Autor:** Wozniak A**Otros Autores:** Wozniak A, Román JC, Gallardo N, Keller N, Villagra N, Mora G, Bello H, González G, Domínguez M, Labarca J, Porte L, García P y Grupo Colaborativo de Resistencia*.**Relator:** Román JC**Lugar De Trabajo**

Laboratorio de Microbiología, Departamentos de Laboratorios Clínicos y de Medicina Interna; Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile; Unidad de Microbiología, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Andrés Bello. Laboratorio de Investigación en Antibióticos, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.

Introducción: Los antibióticos carbapenémicos juegan un importante rol en el tratamiento de las infecciones por bacilos Gram negativos multiresistentes. En los últimos años se ha detectado en el mundo y en nuestro país cepas de *Enterobacteriaceae* resistentes a estos antibióticos. El informe acumulativo de los datos de susceptibilidad bacteriana de la Red de Salud UC, en el período 2006-2009, muestra 8,3% de cepas resistentes a ertapenem, 1,2% a imipenem y 0,8% a meropenem. Sin embargo, se desconocen los mecanismos responsables de esta resistencia.

Objetivo: Determinar los mecanismos de resistencia a carbapenémicos en *Enterobacteriaceae* aisladas de pacientes hospitalizados en Centros de la Red Salud UC, como también en otros centros hospitalarios de Santiago. **Material**

y método: Se trabajó con 49 cepas de *Enterobacteriaceae* aisladas entre enero de 2006 y junio de 2010 con susceptibilidad disminuida al menos a un carbapenémico (imipenem, ertapenem o meropenem), por método de referencia de dilución en agar. Las especies identificadas corresponden a *Enterobacter cloacae* (9), *E. aerogenes* (3) y *E. asburiae* (1), *Serratia marcescens* (1), *Morganella morganii* (7), *Escherichia coli* (7) y *Klebsiella pneumoniae* (21). Se detectó la producción de carbapenemasas por el test de Hodge modificado y por reacción en cadena de la polimerasa (RCP) para los genes bla_{KPC} , bla_{GES} , bla_{IMI} y bla_{SME} . Las metalobetalactamasas (MBL) se detectaron por el test de sinergia del E-test para Imipenem con EDTA como inhibidor y por RCP para los genes bla_{IMP} y bla_{VIM} . También se investigó la producción de β -lactamasas de espectro expandido (BLEE) por el método de sinergia con ácido clavulánico y por RCP para los genes bla_{CTX-M} , bla_{TEM} y bla_{SHV} . Las β -lactamasas AmpC se detectaron por el método fenotípico utilizando ácido fenilborónico y ácido clavulánico y por RCP múltiple para los genes de AmpC plasmídica para los subtipos MOX, CMY, LAT, BIL, DHA, ACC, MIR, ACT y FOX. Todas las cepas fueron estudiadas para pérdida de porinas mediante electroforesis en gel de poliacrilamida (SDS-PAGE). **Resultados:** De las 49 cepas consideradas en el estudio, 88% fue resistente a ertapenem, 35% a imipenem y 33% a meropenem. La búsqueda de carbapenemasas (KPC, GES, IMI y SME) por RCP demostró que ninguna de las cepas poseía los genes para estas enzimas. El E-test con EDTA y el RCP demostró que ninguna de las cepas poseía MBL. El estudio fenotípico para detectar la presencia de BLEE y AmpC determinó que 51% de las cepas sintetizaba BLEE y 37% poseía AmpC. La presencia de BLEE fue confirmada por RCP y demostró que 82% de las cepas tenía al menos genes para un tipo de BLEE (CTX-M, SHV o TEM). Las 21 cepas de *K. pneumoniae* poseían bla_{TEM} (100%), además 81% de ellas tenían CTX-M; solamente una cepa de esta especie poseía AmpC; 18/21 *K. pneumoniae* (86%) habían perdido la porina OmpK36. El 61% de las cepas de *Enterobacter spp* poseían AmpC (8/13) y 54% poseían al menos una BLEE. Se analizaron las porinas de 7 cepas *Enterobacter spp* y en 6 de ellas se había perdido estas proteínas de membrana externa. **Discusión:** Hasta la fecha no se ha detectado la presencia de carbapenemasas en las cepas de *Enterobacteriaceae* estudiadas, a pesar de que ya han sido descritas en varios países de la Región. La resistencia a carbapenémicos en las cepas estudiadas está mediada por una combinación de pérdida de porina y β -lactamasa. La distribución de BLEE y AmpC fue diferente según la especie; en *K. pneumoniae* se observó más frecuentemente la pérdida de porina más BLEE mientras que en *Enterobacter spp* fue la pérdida de porina más una AmpC.

Preside: **Dra. Patricia García C.**Secretaria: **Dra. Marcela San Martín S.**Sala: **B-Río Cruces**Area: **Microbiología e Infecciones Intrahospitalarias**Hora: **13:05 - 13:20****MECANISMOS DE RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS CARBAPENÉMICOS EN CEPAS HOSPITALARIAS DE *ACINETOBACTER BAUMANNII*****Primer Autor:** Opazo Andrés**Otros Autores:** Opazo Andrés¹, Bello Helia¹, Opazo Alexis¹, Domínguez Mariana¹, Sakurada Andrea², San Martín Marcela³, García Patricia⁴ y González Gerardo⁴**Relator:** González Gerardo**Lugar De Trabajo**¹Laboratorio de Investigación en Antibióticos, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción; ²Unidad de Microbiología, Hospital Clínico Universidad de Chile; ³Laboratorio Centralizado, Hospital Barros Luco, Santiago; ⁴Laboratorio de Microbiología, Departamentos de Laboratorios Clínicos. Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile;

Introducción: *A. baumannii* es considerado un patógeno oportunista que frecuentemente causa brotes epidémicos en unidades de cuidados intensivos, causando neumonía, infecciones del tracto urinario, infecciones de heridas y bacteriemias. La mayoría de las cepas son multiresistentes, por lo que los carbapenémicos constituyen una importante alternativa en el tratamiento de las infecciones que causan, especialmente para pacientes hospitalizados con infecciones graves. Sin embargo, durante los últimos años ha incrementado el número de cepas resistentes a estos compuestos. Esta resistencia puede deberse a la combinación de distintos mecanismos, tales como inactivación enzimática, expulsión del antibiótico, pérdida de porinas o alteraciones del sitio blanco, siendo la hidrólisis enzimática el principal mecanismo de resistencia. **Objetivo:** Investigar los mecanismos de resistencia a carbapenémicos en cepas de *A. baumannii*, aisladas en tres hospitales de Santiago de Chile. **Material y método:** Se incluyó 36 cepas de *A. baumannii* resistentes a imipenem y/o meropenem aisladas durante el año 2008, de las cuales 13 cepas fueron aisladas en un hospital privado y 23 de dos hospitales públicos. Se investigó el comportamiento de las cepas frente a piperacilina/tazobactam, cefepima, gentamicina, amikacina y tigeciclina. La relación clonal se evaluó mediante macrorestricción del genoma con *ApaI*, seguido de PFGE y análisis con BioNumerics v5.10. La detección de carbapenemasas se realizó mediante la prueba de Hodge modificada y las metalobetalactamasas (MBL) se detectaron por el test de sinergia entre imipenem o meropenem y EDTA. Además, se pesquisaron los genes de carbapenemasas *bla*_{OXA-51}, *bla*_{OXA-23}, *bla*_{OXA-58}, *bla*_{OXA-24}, *bla*_{VIM}, *bla*_{IMP}, *bla*_{SPM}, *bla*_{GIM} y *bla*_{SIM} por RPC múltiple. La participación de bombas de expulsión en la resistencia a carbapenémicos fue evaluada por medición de la CIM de imipenem y meropenem en ausencia y presencia de 20 mg/ml del inhibidor Phe-Arg- β -naftilamida. Además, se realizó la pesquisa del gen *adeB* mediante RPC. El perfil de proteínas de membrana externa se investigó por electroforesis de proteínas en condiciones desnaturizantes y la pesquisa del gen *carO* se realizó mediante RPC. **Resultados:** Todas las cepas fueron resistentes a cefepima y piperacilina/tazobactam y susceptibles a tigeciclina y amikacina, pero sólo 50% de ellas susceptibles a gentamicina. El análisis de PFGE permitió agrupar las cepas en 16 pulsotipos, distribuidos en diversos servicios hospitalarios. Mediante la prueba de Hodge, todas las cepas resultaron ser productoras de carbapenemasas, pero ninguna de ellas correspondió a una MBL. Esto fue confirmado por RPC al no detectar los genes *bla*_{VIM}, *bla*_{IMP}, *bla*_{SPM}, *bla*_{GIM} y *bla*_{SIM}; sin embargo, en todas las cepas se detectó el gen *bla*_{OXA-51} más otro gen de carbapenemasas del tipo OXA. Se encontró que en 8 cepas existió contribución positiva del mecanismo de expulsión en la resistencia a meropenem, mientras que sólo en una cepa este mecanismo contribuiría en la resistencia a imipenem. El análisis de perfiles de proteínas de membrana externa indicó que en cinco cepas se pierde la porina CarO, lo que también puede contribuir a la resistencia de las cepas a los antibióticos carbapenémicos. **Discusión:** Los resultados permiten afirmar que los distintos pulsotipos de *A. baumannii* se encuentran diseminados en distintos servicios médicos, en cada uno de los hospitales estudiados, lo que significa que es necesario optimizar los protocolos de contención de infecciones intrahospitalarias. Además, el principal mecanismo de resistencia a carbapenémicos en las cepas de *A. baumannii* estudiadas corresponde a la hidrólisis enzimática, determinada por la presencia de carbapenemasas tipo OXA, que puede estar asociado a otros mecanismos como bombas de expulsión o impermeabilidad.

Preside: **Dra. Patricia García C.**Secretaria: **Dra. Marcela San Martín S.**Sala: **B-Río Cruces**Area: **Microbiología e Infecciones Intrahospitalarias**Hora: **13:20 - 13:35****BETA-LACTAMASAS EN AISLADOS CLÍNICOS DE ENTEROBACTER SPP. EN HOSPITALES CHILENOS****Primer Autor:** Raul Molina**Otros Autores:** Molina Raúl^{1,2}, González Gerardo¹, Bello Helia¹, Mella Sergio³, García Patricia⁴, Labarca Jaime⁴, Domínguez Mariana¹ y Grupo Colaborativo de Resistencia***Relator:** Raúl Molina**Lugar De Trabajo**¹Laboratorio de Investigación en Antibióticos, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas,²Facultad de Farmacia, ³Departamento de Medicina Interna, Facultad de Medicina, Universidad de Concepción,⁴Laboratorio de Microbiología, Departamentos de Laboratorios Clínicos y de Medicina Interna, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Introducción. *Enterobacter* está emergiendo como importante patógeno nosocomial dado que, frecuentemente, coloniza pacientes hospitalizados. Uno de los problemas que se presenta con las especies del género *Enterobacter* es la resistencia a agentes antibacterianos, especialmente a antibióticos β -lactámicos debido a la producción de β -lactamasa (BL) AmpC cromosomal inducible. El tratamiento con cefalosporinas de tercera generación o aztreonam pueden seleccionar mutantes desreprimidas resistentes a todos los β -lactámicos, excepto a los carbapenémicos.

Objetivo: Determinar los mecanismos de resistencia enzimáticos a cefalosporinas de tercera generación (C3G) en aislados clínicos de *Enterobacter* spp. provenientes de cuatro centros hospitalarios del país. **Material y Método:** Se trabajó con 37 cepas de *Enterobacter* spp. aisladas, en los años 2008 y 2009, desde pacientes internados en cuatro hospitales a lo largo país. Se evaluó la susceptibilidad frente a cefalosporinas de tercera generación y aztreonam mediante difusión en agar, de acuerdo a las recomendaciones de CLSI (2009). Por reacción en cadena de la polimerasa (RCP) se investigó la presencia de genes codificantes de enzimas AmpC cromosomal (AmpC-cr) y β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) de CTX-M, PER y GES, y por RCP múltiple se pesquisó β -lactamasas AmpC plasmídicas (AmpC-pl). **Resultados:** Las cepas de *Enterobacter* spp. presentaron resistencia, principalmente, a cefpodoxima (91,7%) y cefotaxima (82,9%), seguido de aztreonam (76,5%), ceftriaxona (75%) y ceftazidima (66,7%). Sólo una cepa resultó ser susceptible a todos los agentes antibacterianos ensayados. Mediante RCP se encontró β -lactamasas AmpC-pl en 91,9% de los aislados, AmpC-cr en 81,1% y BLEE de la familia CTX-M en 43,2% de las cepas. Ningún aislado demostró poseer BLEE tipo PER y BLEE tipo GES. En la mayoría de los aislados de *Enterobacter* spp. se detectó la presencia de dos o más BLs, siendo las combinaciones AmpC-cr/AmpC-pl (45,9%) y AmpC-cr/AmpC-pl/CTX-M (32,4%) las más frecuentes. La enzima CTX-M en conjunto con AmpC-cr y con AmpC-pl fue detectada en una (2,7%) y dos (5,4%) cepas, respectivamente. Un aislado demostró sólo AmpC-pl y en dos se encontró sólo la producción de CTX-M. **Conclusión:** En la resistencia a cefalosporinas de tercera generación, que presentan los aislados de *Enterobacter* spp. de los hospitales chilenos incluidos en este estudio, participa más de una beta-lactamasa, siendo frecuente la asociación de AmpC con CTX-M.

Financiamiento: Proyecto DIUC N° 207036032 y Proyecto MSD

*Hospitales: Clínico PUC, Carlos Van Buren, Regional de Temuco, Base de Puerto Montt.