

XII Encuentro Nacional de Investigación en Enfermedades Infecciosas

II Encuentro Latinoamericano de Investigación en Enfermedades Infecciosas

RESISTENCIA BACTERIANA

O-001. Acquisition and transferability mechanisms of mercury resistance genes in Latin-American *Staphylococcus aureus* strains.

Hernández A, Ortega-Recalde O, Echeverri A, Rios R, Carvajal L, Espitia-Acero C, Solano S, Shropshire W, Arias C, Diaz L, Rincon S, Reyes J, Center for Antimicrobial Resistance and Microbial Genomics; UTHealth McGovern School of Medicine. Molecular Genetics and Antimicrobial Resistance Unit at Universidad El Bosque. Bogotá.
akhernandez@unbosque.edu.co

Introducción. Our preliminary data suggest that heavy metal contamination and the widespread use of antibiotics in Latin American (LA) countries could have driven the evolution of MRSA in Latin-America. In this study, we aimed to characterize the mechanisms of acquisition and transferability of mercury resistance genes (MRG) in LA isolates of *S. aureus*. **Materiales y métodos.** Using Illumina and Oxford Nanopore sequencing platforms, we sequenced 6-MRSA and 2-MSSA clinical isolates harboring MRG recovered from patients in Colombia, Ecuador, Peru and Chile. Hybrid assemblies were constructed using Flye and iterative polishing with Minimap2 and Racon. Characterization of bacterial insertion sequences, identification of rearrangements and assessment of the genomic context was investigated using ISfinder, MAUVE, PlasmidFinder and SnapGene tools. **Resultados.** We confirmed the presence of MRG within SCCmec for MRSA strains belonging to USA300-LV (SCCmecIVc/E) and Brazilian (SCCmecIII) clones. In contrast, for the 4 MRSA belonging to Chilean/Cordobes clone (SCCmecI), MRG were located on ~30kbp related plasmids that also contained the BlaZ beta-lactamase and cadmium/arsenic resistance genes. Regarding MSSA strains, we observed both, plasmidic and chromosomal localization. Interestingly, for one of these MSSA isolates, MRG were inserted downstream of orfX, along with repA, suggesting a plasmidic origin. In all these cases, MRG were flanked by IS6 family elements. **Conclusiones.** Genomic architecture of SCCmecIVc/E and SCCmecIII might facilitate MRG transferability, whereas for the Chilean/Cordobes clone (SCCmecI) MRG acquisition occurs through plasmids. Our findings show diverse mechanisms of MRG transference in LA *S. aureus* likely related to antibiotic resistance co-selection. Funding: MinCiencias: COL130874455850 and COL130880764150, and Universidad El Bosque:PC19510-2017

O-002. Identificación y evaluación de compuestos con potencial inhibitorio de la adhesión dependiente del antígeno I/II de *Streptococcus mutans*.

Rivera R, Cardona N, Padilla L, Rivera W, Rocha C, Díaz M, Morales S, Martínez M, Universidad Antonio Nariño. Universidad del Quindío. Universidad de Antioquia. Liverpool John Moores University.
rriveraquioga@uan.edu.co

Introducción. El objetivo fue establecer una metodología computacional para identificar compuestos con afinidad por la Ag I/II de *Streptococcus mutans* y evaluar *in vitro* su potencial inhibitorio de adhesión. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio *in silico* e *in vitro*, para lo cual se seleccionaron dos

dominios cristalizados de la proteína AgI/II y se les realizó un acoplamiento molecular usando 3 librerías de aproximadamente 883.551 compuestos, seleccionados de acuerdo con la energía de afinidad, sitios de unión, propiedades ADME y citotóxicas predictivas. Tres compuestos (A,B,C) fueron seleccionados y se evaluó la citotoxicidad de los compuestos a concentraciones entre 1mM y 1x10⁻⁶ mM, en células de ligamento periodontal, *Streptococcus mutans* (WT LT-11 y Ua159), *S. dentisani* y *C. albicans*. Se realizaron ensayos de adhesión con *S. mutans* WTLT-11 y *S. mutans* spaP⁻, todos por triplicado y en 3 momentos diferentes. Finalmente, se realizó una microscopía electrónica de *S. mutans* con el compuesto de menor concentración de inhibición, para examinar cambios en la morfología bacteriana. **Resultados.** Se obtuvieron 3 compuestos ZI-187, ZI-906 y ZI-939, los cuales no tuvieron actividad citotóxica en células humanas (0,1 mM) y *C. albicans* (1 mM), aunque si inhibieron el crecimiento de *S. mutans* y *S. dentisani* a 1mM. Sin embargo, se logró una inhibición del 80% con ZI-187 (0,08mM) y ZI-906 y ZI-939 (0,09 mM) y ZI-187 no generar cambios morfológicos bacterianos. **Conclusiones.** Se encontraron 3 compuestos con potencial inhibitorio de la adhesión de *S. mutans*, a concentraciones que no son tóxicos para las células orales o bacterias no cariogénicas.

O-003. Identificación de genes de resistencia antibiótica tetQ, tetM, qnrS, qnrB en bacilos entéricos aislados de cavidad oral.

Neuta Y, Pajaro P, Delgadillo NA, Castillo Y, Castillo DM, Lafaurie G, Unidad de Investigación Básica Oral (UIBO), Facultad de Odontología, Universidad El Bosque. Bogotá.
yneuta@unbosque.edu.co

Introducción. Las bacterias entéricas se consideran microbiota transeúnte en la cavidad oral y generan resistencia a antibióticos de primera elección en odontología, reduciendo la efectividad en los tratamientos orales. La resistencia a antibióticos como tetraciclinas y fluoroquinolonas, utilizados como segunda elección, ha sido poco evaluada en aislamientos provenientes de cavidad oral, por lo cual el objetivo de este trabajo fue establecer la frecuencia de los genes de resistencia antibiótica tetQ, tetM, qnrS, qnrB en bacilos entéricos aislados de muestras de saliva. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo observacional *in vitro*, evaluando 100 aislamientos de bacilos entéricos aislados de muestras de saliva. Para la identificación de género y especie se utilizaron galerías bioquímicas. La detección de los genes tetM y tetQ, asociados con resistencia a doxiciclina, y qnrB y qnrS asociados con resistencia a ciprofloxacina fue mediante PCR convencional. Se realizó estadística descriptiva para determinar la frecuencia de los genes. **Resultados.** El gen encontrado con mayor frecuencia fue tetM, principalmente en *Klebsiella pneumoniae* (71%), *Cronobacter sakazakii* (69%), *Enterobacter gergoviae* (67%) y *Enterobacter cloacae* (57%), seguido de qnrB, el cual se detectó en *Klebsiella oxytoca* (32%), *Cronobacter sakazakii* (23%), *Enterobacter cloacae* (17%) y *Serratia marcescens* (14%). qnrS estuvo presente únicamente en *Klebsiella pneumoniae* (14%), y tetQ en *Enterobacter cloacae* (7%). **Conclusiones.** Los bacilos entéricos aislados de cavidad oral son considerados reservorios importantes de genes como tetM y qnrB, que podrían ser transferidos a bacterias orales y complicar los tratamientos en los que se usan antibióticos como doxiciclina y ciprofloxacina, empleados como tratamiento alternativo.

O-004. Descripción de las tendencias en las frecuencias de microorganismos y su sensibilidad a antibióticos en hemocultivos positivos de 61299 pacientes en instituciones hospitalarias de Antioquia, Colombia, entre 2010-2019.

Robledo J, Pino-Vélez J, Ceballos L, Hernández V, Robledo C, Maldonado N, Grupo GERMEN, Corporación para Investigaciones Biológicas; Universidad Pontificia Bolivariana. Laboratorio Médico de Referencia. Medellín.
natalia.maldonado@yahoo.com

Introducción. La morbimortalidad de la infección del torrente sanguíneo es alta y se incrementa por la emergencia y diseminación de microorganismos resistentes a antibióticos. **Materiales y métodos.** Se analizaron las tendencias en las frecuencias de microorganismos y su sensibilidad a antibióticos, provenientes de hemocultivos positivos de pacientes atendidos en instituciones hospitalarias de Antioquia, Colombia, entre 2010-2019, utilizando Whonet 5.6. Con SPSS se determinaron las tendencias en el tiempo empleando análisis de regresión lineal simple y considerando como significativo un valor $p \leq 0,05$. **Resultados.** Se analizaron 61.299 aislamientos entre 2010 y 2019. Se observó una tendencia estadísticamente significativa al aumento en la frecuencia de especies como *Escherichia coli* (17,4% a 23,4%), *Staphylococcus aureus* (12,8% a 16,3%) y *Klebsiella pneumoniae* (9,5% a 11,7%), en contraste con una tendencia a la disminución de *Staphylococcus epidermidis* (15,4% a 8,6%), *Staphylococcus hominis* (4,9% a 2,7%) y *Pseudomonas aeruginosa* (4,6% a 3,6%). Con relación a las tendencias en la sensibilidad a antibióticos, *E. coli* mostró reducción significativa de la sensibilidad a ceftazidima y cefepima, sin cambios en la sensibilidad a carbapenémicos, en *K. pneumoniae*, se observó disminución significativa en la sensibilidad a cefepima, gentamicina y ciprofloxacina. *P. aeruginosa* evidenció un incremento significativo de la sensibilidad a los antibióticos anteriores, además de piperacilina/tazobactam. La sensibilidad a vancomicina en *Enterococcus spp.* y a oxacilina en *O* fue estable, sin tendencias evidentes. **Conclusiones.** La vigilancia de las bacteriemiás permite identificar los cambios temporales en los microorganismos y su sensibilidad a antibióticos, información de utilidad para una terapia empírica adecuada y oportuna.

O-005. Epidemiología molecular de infecciones cutáneas causadas por *Staphylococcus aureus* resistentes a meticilina (MRSA).

Valencia M, León I, Arévalo S, Bernal J, Ovalle M, Beltrán O, Argimón S, Underwood A, Abrudan M, Leal A, Donado-Godoy P. Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – AGROSAVIA. Texas A&M University. Grupo para el Control de la Resistencia Bacteriana en Bogotá – GREBO. Centre for Genomic Pathogen Surveillance, Wellcome Genome Campus. Facultad de Medicina. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
pidonado@agrosavia.co

Introducción. MRSA es un patógeno multidrogo-resistente causante de infecciones cutáneas, neumonías y septicemia. Inicialmente fue asociado a infecciones nosocomiales, pero en la actualidad es endémico en la comunidad. Nuestro objetivo fue analizar genéticamente la epidemiología de MRSA aislados por el grupo GREBO como parte del proyecto “Global Health Research Unit (GHRU) for Antimicrobial Resistance Surveillance”. **Materiales y métodos.** Cuarenta y siete aislamientos fueron obtenidos de pacientes en hospitales de tercer nivel de Valledupar y Bogotá durante el año 2016. La extracción del ADN se hizo usando el PureLink™ Genomic DNA Mini Kit. Las librerías fueron preparadas usando el NEBNext Ultra II FS DNA library kit y secuenciadas en la plataforma Illumina HiSeq X10. El análisis bioinformático se hizo en los pipelines del “Global Health Research Unit (GHRU) for Genomic Surveillance of Antimicrobial Resistance” del Instituto Sanger. **Resultados.** Resultados: Nueve secuenciotipos (STs) fueron encontrados, siendo el ST8 ($n=30$; 63,8%) y el ST105 ($n=5$; 10,6%) los más frecuentes. Los genes de resistencia a antimicrobianos más comunes fueron *meaC* ($n=47$; 100%) y *blaZ* ($n=41$; 87,2%). Adicionalmente, se detectaron genes de resistencia a aminoglicosidos (*aadA*, *aphA3* y *aacA-aphD*), lincosamida (*linA*), macrólidos (*ermA*) y *ermC*), tetraciclinas (*tetK*) y *tetL*) y trimetoprim (*dhfrA* y *dhfrG*). Mutaciones cromosómicas para rifamicina (*rpoB_a477t*, *rpoB_h481n*) y ciprofloxacina (*grrA_s80f* y *gyrA_s84l*) fueron identificadas. Se identificaron 5 grupos de plásmidos (*RepA_N*, *Rep_1*, *RepL*, *Rep.trans* e *Inc18*). **Conclusiones.** La expansión del linaje ST8 continúa en la comunidad. El conocimiento de los mecanismos de dispersión de MRSA contribuirá al control del desarrollo de la resistencia.

O-006. Evaluación del efecto inhibitorio de péptidos de defensa innata derivados de LL-37 en biopelícula de *Staphylococcus spp.* provenientes de aislamientos clínicos de hospitales de la ciudad de Bogotá, Colombia, 2016-2019.

Segura M, Muñoz L, Salazar L, Pinilla G, Gutiérrez S, Navarrete J, Instituto Nacional de Salud. Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
msegura@ins.gov.co

Introducción. La formación de biopelícula en *Staphylococcus spp.*, se realiza en tres pasos: adhesión controlada por proteínas MSCRAMM, proliferación/maduración y dispersión. El objetivo fue determinar la presencia de algunas de las enzimas de adhesión y la actividad anti-biopelícula en cuatro péptidos análogos a la catelicidina humana, en aislamientos clínicos de *S. aureus* y *S. epidermidis*. **Materiales y métodos.** En 62 cepas de *S. aureus* y *S. epidermidis*, se determinó la formación de biopelícula por los métodos de rojo Congo y microplaca, en presencia de BHI+glucosa 1%; por PCR se identificó la presencia de algunos de los genes de la familia MSCRAMM y la capacidad inhibitoria de los péptidos LL37-1, ACLL37-1, ACLL37-2 y DLL37-1 a concentración final de 5, 2,5, 1,25 y 0,62 μM , en microplaca, curvas de crecimiento y qPCR. **Resultados.** La formación de biopelícula en los aislamientos fue 67,8% por el método de rojo Congo, en cristal violeta fue del 72,6%. Los péptidos LL37-1 y DLL37-1 a una concentración de 5 μM , en microplaca de 96 pozos inhibieron la formación de biopelícula en un 50 y 55% respectivamente, las curvas de letalidad, presentaron cambios con respecto al control a las 24 horas 87,5%. La expresión de las enzimas de adhesión identificadas ClfA, ClfB, FnbA en *S. aureus* y SdrE, SdrF en *S. epidermidis* fueron diferentes en cada aislamiento. **Conclusiones.** Los *S. aureus* y *S. epidermidis* son altamente formadores de biopelícula y los péptidos LL37-1 y DLL37-1 presentaron actividad antibiopelícula a una concentración de 5 μM .

O-007. Análisis comparativo de la resistencia antibiótica y presencia de genes de resistencia en aislamientos clínicos de *P. intermedia*, *P. nigrescens* y *P. melaninogenica*.

Castillo Y, Delgadillo NA, Neuta Y, Cárdenas E, Montaña A, Diaztagle B, Muñoz L, Lafaurie GI, Castillo DM, Instituto-UIBO-Unidad de Investigación Básica Oral, Vicerrectoría de Investigaciones-Facultad de Odontología; Universidad El Bosque. Bogotá.
castillorymaris@unbosque.edu.co

Introducción. Prevotella se aísla con frecuencia de infecciones polimicrobianas orales, que se manejan con tratamiento antibiótico, y cobran relevancia clínica debido a que podrían ser reservorio de genes de resistencia antibiótica. El objetivo fue evaluar la susceptibilidad antibiótica y la presencia de genes de resistencia en aislamientos orales de *P. intermedia*, *P. nigrescens* y *P. melaninogenica*. **Materiales y métodos.** Fueron evaluados 500 aislamientos orales de *Prevotella spp.*, a los que se les confirmó especie y se detectaron genes de resistencia como *cfxA*, *cfxA2*, *blaTEM*, *tetM*, *tetQ*, *ermF* y *nimAB-AEF1* por PCR convencional. La susceptibilidad antibiótica, se evaluó mediante dilución en agar, siguiendo los protocolos del CLSI. Se realizó análisis descriptivo de los datos para determinar porcentaje de resistencia y MIC50, MIC90. **Resultados.** La frecuencia de *P. nigrescens*, *P. intermedia* y *P. melaninogenica* fue del 20,4%, 11,4% y 8,4% respectivamente. El porcentaje de resistencia en los aislamientos fue de 67,3% para amoxicilina, amoxicilina ácido clavulánico 42,5%; eritromicina 41,3%; clindamicina 31,8%; metronidazol 19,6%; tetraciclina 14,8% y doxiciclina 2,1%. *P. nigrescens* y *P. melaninogenica* presentaron mayores valores de MIC50 8 $\mu\text{g/mL}$ y MIC90 $\geq 64\mu\text{g/mL}$ para amoxicilina y amoxicilina ácido clavulánico. *P. intermedia* tuvo valores de MIC inferiores para estos antibióticos. Un comportamiento similar se observó con los otros antibióticos evaluados. La frecuencia de genes detectada fue *tetQ* (41,8%); *cfxA* (32,3%); *tetM* (27,4%); *ermF* (20,1%), *blaTEM* (17,9%) y *cfxA2* (5,4%). **Conclusiones.** *P. nigrescens* y *P. melaninogenica* presentan resistencia a todos los antibióticos evaluados. Estos resultados podrían asociarse con pobre respuesta a la terapia antibiótica en procesos infecciosos orales.

O-008. Detección rápida de carbapenemasas en Enterobacterales y bacilos Gram negativos no fermentadores mediante ensayo inmunocromatográfico NG – Test CARBA 5®.

Rojas J, Josa D, Leal R, Fundación Clínica Shaio. Bogotá.
julieth.rojas@shaio.org

Introducción. Los Enterobacterales productores de carbapenemasas (EPC) han aumentado su frecuencia por el aumento en el número de infecciones asociadas a altas tasas de mortalidad, elevados niveles de resistencia y alto po-

tencial de diseminación, generando un problema de salud pública a nivel mundial. El objetivo del estudio fue implementar el ensayo inmunocromatográfico NG-Test CARBA 5 para la detección rápida de carbapenemasas. **Materiales y métodos.** Se evaluaron 48 aislamientos clínicos, resistentes a carbapenémicos: *K. pneumoniae*: 21 aislamientos, *P. aeruginosa*: 8, *E. cloacae*: 7, *K. oxytoca*: 4, *E. coli*: 2, *Citrobacter koseri*: 1, *K. cryocres*: 1, *E. aerogenes*: 1, *A. baumannii*: 1, *S. marcescens*: 1, *P. mirabilis*: 1. Se realizó a cada aislamiento el ensayo inmunocromatográfico NG-Test CARBA 5 (NG Biotech, Francia) y se comparó por prueba molecular PCR para los genes blaNDM, blaVIM, blaIMP, blaKPC y blaOXA-48. **Resultados.** Los resultados del inmunoensayo NG-Test CARBA 5 mostraron 100% de concordancia con los obtenidos por PCR en todos los 48 aislamientos. 36 aislamientos portaban el gen blaKPC, predominante en Enterobacteriales; 8 blaVIM en *Pseudomonas aeruginosa* y en un aislamiento de *Acinetobacter baumannii*; 1 blaNDM en *Proteus mirabilis* y blaOXA-48 en *E. coli*. Además, se detectó de manera correcta la coproducción de carbapenemasas blaKPC + blaNDM en dos aislamientos por el inmunoensayo NG-Test CARBA 5. **Conclusiones.** La implementación de la prueba de inmunocromatografía permite lograr la detección rápida de carbapenemasas de forma confiable y fácil de implementar en laboratorio como alternativa a los métodos moleculares, que nos guíen a un tratamiento oportuno al paciente.

MEDICINA TROPICAL

O-009. Encuesta entomológica de mosquitos en áreas urbanas y suburbanas del municipio de Nuquí, pacífico colombiano.

Hernández J, Escobar M, Castrillón C, Gómez A, Patiño M, Ortiz G, Pérez M, Zuluaga J, Universidad Pontificia Bolivariana. Corporación para Investigaciones Biológicas. Medellín.
jose_mauricio_h@hotmail.com

Introducción. El presente proyecto tiene como propósito inspeccionar la zona urbana y suburbana del municipio de Nuquí para identificar criaderos y mosquitos. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, transversal. Se realiza un muestreo sistemático. Se identifican las residencias y con previa autorización de los moradores se procede a revisar su interior y exterior buscando criaderos de mosquitos. En las viviendas con larvas de mosquito, se tomaron muestras, se llevaron al laboratorio y una vez evolucionaron a forma adulta, se hizo un reconocimiento morfológico por un entomólogo experto. **Resultados.** En la zona urbana se visitaron 48 casas que corresponden al 10% de viviendas del municipio. En 25 (52,08%) de ellas se evidenció la presencia de criaderos positivos de mosquitos. En la zona suburbana se visitaron 23 casas que representan la totalidad de los hogares, encontrando criaderos positivos en el 28% de las casas. De los mosquitos adultos identificados, el 72% fueron del género Aedes, el 5% del género Culex y el 23% no lograron ser identificados. No se encontraron mosquitos del género Anopheles. **Conclusiones.** Existe un alto porcentaje de viviendas que presentan criaderos de mosquito. Llama la atención que no encontramos mosquitos del género Anopheles y que en la zona suburbana predominan los Aedes. Es importante educar y motivar a la comunidad para que ella misma realice la identificación-eliminación-modificación de estos criaderos de vectores; además de mantener una constante vigilancia entomológica para identificar y disminuir los riesgos por transmisión de enfermedades tropicales.

O-010. Enfermedad febril aguda indiferenciada en pacientes fallecidos con sospecha clínica de leptospirosis en Colombia, 2016-2019.

Parra-Barrera E, Reales-González J, Salas D, Reyes E, Bello S, Rico A, Pardo L, Parra E, Alarcón Z, Rodríguez K, Duarte C, Moreno J, Instituto Nacional de Salud. Bogotá.
elipabarrera@yahoo.es

Introducción. Colombia tiene características demográficas y sociales que favorece la circulación de microorganismos causantes de enfermedades febriles. El objetivo del estudio fue describir la enfermedad febril aguda no diferenciada en pacientes post mortem, reportados como casos sospechosos de leptospirosis a través de la vigilancia nacional de leptospirosis en Colombia entre 2016 y 2019. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo y descriptivo. Se analizaron muestras post-mortem de 92 pacientes con sospecha clínica de leptospirosis reportados a través de la vigilancia nacional de la leptospirosis, en el Instituto Nacional de Salud, Bogotá, Colombia, durante 2016 y 2019. La confirmación de la leptospirosis se realizó mediante inmunohistoquímica y

PCR en tiempo real. Además, se realizó la detección de dengue, Zika, Chikungunya, *Brucella spp.* y *Rickettsia spp.* mediante PCR en tiempo real. **Resultados.** En el 25% de los casos se realizó la confirmación de leptospirosis. Se identificaron casos de dengue (6,52%), hepatitis (3,26%) y fiebre amarilla (2,17) por patología y de *Brucella spp.*, (10,9%), *Rickettsia spp.*, (14,1%) y dengue (2,17%) por PCR en tiempo real. No se observó ningún caso de chikungunya. Se observó co-infección por dos patógenos en el 10,8% de los casos. El 71,73% de los casos se clasificaron como enfermedades febriles indiferenciadas. **Conclusiones.** Los resultados evidencian la dificultad para identificar agentes causantes de síndrome febril, principalmente debido a la presentación clínica y la similitud de los signos y síntomas con otras enfermedades febriles.

O-011. Broad differential diagnosis for acute febrile illness in an agricultural tropical area, Colombia. Time to think beyond malaria and arboviruses.

Cano M, Ortiz N, Campo V, Keynan Y, López L, Mendoza W, Lopez-Mosquera L, Cabrera R, Espinosa D, Gutierrez-Builes L, Rueda Z, Universidad Pontificia Bolivariana; Colombia. University of Manitoba; Canada.
zulmaruedav@gmail.com

Introducción. We aimed to describe the epidemiology, etiology, manifestations and outcomes of acute febrile illness (AFI) in a rural tropical region in Colombia. **Materiales y métodos.** Cohort study that included 180 people, 18 years or older, with AFI presentation in agricultural areas and municipalities of Antioquia, Colombia, that agreed to participate in the study. Baseline blood samples were processed for dengue and *Leptospira* by serology, malaria by smear, and *Coxiella burnetii*, *Rickettsia spp.* and *Babesia spp.* by PCR. **Resultados.** The median age was 29.5 years, 63.9% males, 43.3% resided in rural areas, and 56.7% in small villages. 70.4% were seen in emergency department and 23.5% required hospital admission. 13.8% worked with animals, 79.2% had either domestic or farm animals around the home, and 34.8% had farm animals in proximity to their residence. Common symptoms included chills (93.3%), anorexia (84.4%) fatigue (83.3%), myalgias (84.4%) and joint pain (73.3%). The most common identified etiologies were *C. burnetii* (43/180), *Plasmodium vivax* (14/180), only one case of *P. falciparum* identified, dengue IgM was positive in 6. No cases of *Babesia spp.*, *Rickettsia spp.* or *Leptospira* were identified. **Conclusiones.** Dengue accounted for small proportion for AFI, and *P. vivax* predominated malaria pathogens. The contribution of *Coxiella* to burden of febrile illness in this mainly farming communities suggests importance of expanding availability of diagnostic tests beyond traditional malaria and arboviruses. Most individuals had a mild disease but close to a quarter require hospital admission. Further investigation including assessment of late consequences and expanded panel of molecular tests and serologies are warranted.

O-012. Seroprevalence of Ehrlichia, Borrelia, Anaplasma and Dirofilaria among dogs of the Metropolitan Area of Medellín, Colombia, 2019.

Bonilla-Aldana D, Rodríguez-Morales A, Rua-Ceballos L, Álvarez J, Jaramillo-Delgado I, SIZOO; Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, GISPEI; Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira. Test Laboratorio Clínico Veterinario. Testmol Centro Diagnóstico Especializado. Medellín. arodriguez@utp.edu.co

Introducción. Among vector-borne diseases, those transmitted by ticks are considered still neglected in Colombia, in humans and animals. Ehrlichiosis, anaplasmosis, borreliosis, dirofilariosis, are zoonotic and relevant in both. The aim of this study was to determine its seroprevalence. **Materiales y métodos.** Samples were tested using a rapid assay test system (SNAP® 4Dx®), this is based on an enzyme immunoassay technique, checking for antibodies to *Anaplasma phagocytophilum*/platys (sensitivity 99.1%), *B. burgdorferi* s.l. (98.8%) and *E. canis/ewingii* using specific antigens (96.2%), and checking for *D. immitis* antigen on the basis of specific antibodies (99.2%). Samples of 2019, from 424 dogs of metropolitan Medellín, Colombia, were analyzed. **Resultados.** From the total 37.74% were positive with a least one or more pathogens, 35.38% for *E. canis/ewingii*, 11.08% for *Anaplasma phagocytophilum*/platys, 0.71% for *D. immitis* and 0% for *B. burgdorferi* s.l. There were 9.43% cases with coinfections, 8.49% (36) corresponded to *Ehrlichia/Anaplasma* coinfections, followed by *Ehrlichia/Dirofilaria* 0.47% (2 cases) and 1 case of triple coinfection *Ehrlichia/Anaplasma/Dirofilaria* (0.24%). The median age of dogs was 5 years old, 50.94% were male, and 27.68% were mongrel dogs, 5.01% German shepherd, and Schnauzer, among others. Mongrel dog ehrlichiosis was observed in 43.1%, compared to other breeds (32.47%) (p=0.041). All the cases of

dirofilariosis occurred in Mongrel dog, 2.59%, no cases in other breeds (0.0%) ($p=0.005$). **Conclusiones.** The prevalence observed is high and may be explained to multiple social and environmental factors. This highlights the relevance of more studies with the One Health approach as these are zoonotic diseases.

O-013. *Ehrlichia* infection rates by molecular and immunological techniques in dogs: a systematic review and meta-analysis.

Bonilla-Aldana D, Castaño-Betancourt K, Martínez-Hidalgo J, Reina-Mora M, Cardona-Trujillo M, García-Barco A, Jaramillo-Delgado I, Pecho-Silva S, Faccini-Martínez Á, Rodríguez-Morales A, SIZOO; Fundación Universitaria Autónoma de las Américas. GISPEI; Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira. Testmol Centro Diagnóstico Especializado. Medellín. Master in Clinical Epidemiology and Biostatistics; Universidad Científica del Sur; Lima; Peru. Red Colombiana de Enfermedades Transmitidas por Garrapatas en Pequeños Animales (RECEPA).
arodriguezm@utp.edu.co

Introducción. Canine ehrlichiosis is a tick-borne disease caused by *Ehrlichia canis*, *E. chaffeensis*, and *E. ewingii*. These species also have been reported to cause infection in humans. How frequent is this pathogen in dogs is still improperly answered. The objective of this study is to assess the combined prevalence of *Ehrlichia* spp. infections in dogs globally. **Materiales y métodos.** We performed a literature systematic review in six databases (Web of Sciences/Scopus/PubMed/SciELO/Lilacs/Google Scholar) to assess the proportion of dogs infected with *Ehrlichia* spp. (molecular and/or immunologically). A meta-analysis with a random-effects model was performed to calculate the pooled prevalence (standardized mean), and 95%CI. Measures of heterogeneity were reported. **Resultados.** From August 1, 1950 to July 1, 2020, the literature search yielded 1758 articles, 155 studies were valid for analysis. The pooled PCR+ prevalence of *Ehrlichia* spp. ($N=13989$) was 12% [95%CI(11%-12,9%); $\tau^2=0.001$; $I^2=98,088$; $Q=3765,026$; $p<0.001$], highest value 91,3%. The pooled *Ehrlichia canis* prevalence ($N=8783$) was the higher, 24,3% [95%CI(20,9%-27,6%)], followed by *E. ewingii* (2%), and *E. chaffeensis* (1%). The years reporting the highest prevalence were 2005 (53,8%), 2013 (48,0%), and 2012 (29,7%). The continents with the highest prevalence were Oceania (26,2%), Europe (18,3%), Africa and Asia (14,1%), and America (11,5%). **Conclusiones.** Canine ehrlichiosis is not only caused by *E. canis*, other species are involved, being eventually zoonotic. Canine monocytic ehrlichiosis (*E. canis* infection) is an important disease with a worldwide distribution and a considerable prevalence as observed in the current meta-analysis. Although apparently with time a low prevalence is observed in studies, it still prevalent and deserves more study and control.

O-014. Confirmación de serogrupos de *Salmonella* por PCR múltiple.

Restrepo L, Sánchez M, Dalsgaard A, Cardona N, Veloza L, Roldán M, Universidad CES. Medellín. Universidad de Copenhagen. Dinamarca.
restrepor.lina@uces.edu.co

Introducción. La serotipificación de *Salmonella* siguiendo el esquema de Kauffmann-White-Le Minor (KWM) es ampliamente usada, aunque es costosa y requiere muchos antisueros. Pruebas moleculares como PCR son una alternativa rápida y reproducible. El objetivo fue confirmar los serogrupos O:4 (B) y O:9 (D1) de *Salmonella enterica* (*S. enterica*) mediante la reacción en cadena de la polimerasa múltiple (PCR-M) desarrollada por investigadores del Instituto Colombiano de Medicina Tropical (ICMT). **Materiales y métodos.** Es un estudio descriptivo (experimental *in vitro*) realizado con cepas de *S. enterica* serotipificadas por el método de KWM como *S. enterica* ser. *Typhimurium* y *S. enterica* ser. *Typhi* (que son serotipos frecuentes en Colombia), disponibles en el Banco de muestras del ICMT. Se incubaron 44 cepas de *S. enterica* (viables y con datos de recolección) en agar MacConkey y luego en caldo BHI. La extracción y purificación del DNA se realizó por boiling prep. Por PCR-M se confirmaron los genes *rfb* de los serogrupos B y D de *Salmonella*, siguiendo las condiciones descritas por Cardona-Castro et al. (2009). Los resultados fueron visualizados por electroforesis. **Resultados.** En total 36 cepas fueron clasificadas en el serogrupo O:4 (B) (*S. Typhimurium*) y 8 en el serogrupo O:9 (D1) (*S. Typhi*). La PCR-M fue 100% concordante con la serotipificación por KWM. **Conclusiones.** La detección por PCR-M de los genes *rfb*, es una alternativa para la serotipificación convencional, siendo rápida, reproducible y costo-efectiva. El estudio hace parte del proyecto SalPork, financiado por el Gobierno de Dinamarca y la Universidad de Copenhagen.

O-015. Caracterización molecular y fenotípica de aislamientos clínicos de *Salmonella* serovar 1,4, [5],12: i - recuperados en Colombia.

Cuenca P, Montañón L, Villarreal J, Wiesner M, Grupo de Microbiología; SICT-DISP; Instituto Nacional de Salud. Departamento de Química; Facultad de Ciencias; Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
pcuenca@ins.gov.co

Introducción. *Salmonella Typhimurium* variante monofásica-STVM (1,4, [5],12: i-), en los últimos años se ha posicionado entre los principales aislamientos de *Salmonella* a nivel global. En Colombia, *Salmonella monofásica* es el cuarto microorganismo con mayor recuperación en la vigilancia por laboratorio de EDA del Grupo de Microbiología del INS. Este trabajo pretende confirmar STVM en estos aislamientos, identificar clones y diferencias en adaptación a medios de cultivo. **Materiales y métodos.** Se analizaron 286 aislamientos clínicos de *Salmonella monofásica* recuperados entre 2015 y 2018 por PCR para confirmar si eran STVM. Se determinó en 54 aislamientos la estructura genética del operón *fljAB* que codifica la segunda fase flagelar, por PCR y WGS. Se evaluó motilidad, crecimiento y expresión de las proteínas de membrana externa en 23 aislamientos provenientes de materia fecal ($n=5$), hemocultivo ($n=16$) y orina ($n=2$) en medio LB y mínimo M9. **Resultados.** El 61% ($n=174$) de los aislamientos analizados de *Salmonella monofásica* corresponden a STVM. Se determinó por PCR el patrón de delección de los genes del operón *fljAB* correspondientes a: el clon europeo/español predominante en 64,8% ($n=35/54$), seguido del clon estadounidense en 13% ($n=7/54$). Dos aislamientos de orina mostraron diferencia significativa en motilidad, crecimiento y ausencia de la porina *OmpD* en medio mínimo M9. **Conclusiones.** STVM circula en Colombia principalmente con delección completa del operón *fljAB*; las diferencias fenotípicas en muestras de orina sugieren adaptación en procesos invasivos, se espera confirmar en posteriores estudios. Financiado proyecto Colciencias SIGP 210471250745, fondos internos INS, Universidad de Liverpool en colaboración con el Proyecto: 10,000 *Salmonella* Genomes.

MEDICINA TROPICAL

O-016. Efecto de la infección con virus del Zika en la estructura histológica del cerebelo de ratones neonatos.

Torres O, Santamaría G, Rivera J, Pérez L, Beltrán J, Rengifo A, Instituto Nacional de Salud. Universidad de La Salle. Bogotá.
otorresf@ins.gov.co

Introducción. Las neuronas y las células gliales pueden ser infectadas por el virus del Zika. Previamente se reportó pérdida de tamaño y formación de calcificaciones en el cerebelo de ratón afectado por Zika. En este trabajo se evaluó el efecto de esta infección sobre la histomorfología del cerebelo y dos de sus tipos celulares más representativos. **Materiales y métodos.** Un grupo de ratones Balb/c de menos de 24 horas de nacidos se inocularon con virus del Zika por vía intraperitoneal. También se inocularon controles con solución vehículo sin el virus. A los diez días postinoculación los animales se anestesiaron y se fijaron por perfusión intracardíaca con paraformaldehído al 4%. Mediante dos protocolos de histotecnica se obtuvieron cortes sagitales de cerebelo de 5 o 50 micrómetros de espesor. Estos se procesaron para tinción con hematoxilina y eosina o inmunohistoquímica de calbindina (CB), un marcador neuronal, y de GFAP y S-100 β , dos marcadores de células gliales. **Resultados.** En los animales infectados se observó deterioro generalizado en la estructura histológica de las folias y capas corticales del cerebelo. Esto se reflejó en pérdida de células de Purkinje y alteraciones de su patrón dendrítico (inmunorreactivos a CB). Igualmente disminuyó la población de astrocitos (inmunorreactivos a GFAP y S100 β), incluyendo la glía de Bergmann, un tipo de astrocito específico del cerebelo. **Conclusiones.** El cerebelo en fase temprana del desarrollo postnatal del ratón (equivalente al segundo trimestre del neurodesarrollo prenatal humano) es un blanco muy susceptible, y por lo tanto un buen modelo, de la infección con virus Zika.

INFECTOLOGÍA ADULTOS

O-017. Macrolide Treatment Reduces one-year Mortality in Patients Admitted to the ICU due to CAP: A Propensity Score Analysis of the MIMIC-III Database.

Reyes L, García E, Serrano C, Torres V, Bastidas A, Celi L, Rodríguez A, Waterer G, Hospital Universitari Joan XXIII; Critical Care Medicine. Universidad de La Sabana. Bogotá. Universidad de Antioquia.

Medellín. Laboratory of Computational Physiology; Harvard-MIT Division of Health Sciences & Technology. Royal Perth Bentley Hospital Group; University of Western Australia; Perth; Australia. cristiasema@unisabana.edu.co

Introducción. Severe community-acquired pneumonia (SCAP) is the leading cause of ICU admission around the globe. SCAP mortality has remained steady during the last decade. Some data suggests that macrolide treatment might improve clinical outcomes in SCAP patients. Thus, IDSA/ATS guidelines recommend a beta-lactam plus macrolide treatment in patients diagnosed with SCAP. There is no evidence regarding the long-term impact of macrolide treatment in patients with SCAP. Therefore, we used a propensity score matching analysis to solve this gap in the literature. **Materiales y métodos.** This is a secondary analysis of a prospective cohort of patients admitted to the ICU registered in the Medical Information Mart for Intensive Care III (MIMIC-III) database. CAP patients were identified using ICD-9 code at ICU discharge. Adults with complete data (32 selected comorbid conditions, baseline laboratories, physiological data of the first 24 hours, medication information and clinical outcomes) were included. A multivariate analysis was carryout to identify variables associated with clinical outcomes. Then, a balanced cohort was constructed using propensity score matching to test the effect of macrolide treatment on one-year mortality. **Resultados.** A total of 3656 patients were included. The median (interquartile range [IQR]) age of 70 (55, 81) years old and 1484 (51%) were male. A total of 823 patients were treated with macrolide with a beta lactam antibiotic for CAP. Matched cohort included a total of 3292 patients. General One-year Mortality was 1337/3292 (40.6%), one-year mortality was lower in macrolide group vs no macrolide [304/823 (36.9%) VS 1033/2469 (41.8%) $p=0.01$]. **Conclusiones.** Macrolide treatment reduces one-year mortality in SCAP patients.

O-018. *Helicobacter pylori* liquid culture improvements for activation time and recovery rates in contrast to agar culture.

Atehortua J, Salazar B, Martínez A, Pérez T, Universidad de Antioquia. Medellín. danilo.atehortua@udea.edu.co

Introducción. *Helicobacter pylori* (*H. pylori*) is a gastroduodenal pathogen with special requirements to grow. Increasing the biomass production of *H. pylori* in a defined liquid medium could facilitate research studies. Our objective was to compare the use of *H. pylori* liquid culture against solid culture in terms of activation time and recovery rates. **Materiales y métodos.** Three-day-old *H. pylori* control strain (*H. pylori* ATCC 43504) cells were harvested from Brucella agar culture plates and suspended in several cell culture flasks with 10 mL Brucella broth. Different concentrations of Isovitalex® and 10% (v/v) heat-inactivated fetal bovine serum or 10% (v/v) heat-inactivated regular horse serum. The broths were later incubated, and different speeds of shaking were evaluated. After 72h, the optical density was measured, and aliquots of 100 µL were plated using the same activation solid medium. Biochemical identification of colonies of control strain was performed. **Resultados.** After comparing the evaluated conditions, the liquid culture with 10% heat-inactivated fetal bovine serum was apt for growing the bacteria. Additionally, no differences in the effect of Isovitalex® concentrations variation were observed. The OD600 after 72 h of liquid cultures was higher, nearly 1.0, that approximates to a concentration of 1x10⁸ colony forming units (CFU/mL) than solid culture. **Conclusiones.** The best results were obtained with the following liquid culture media: 10 ml Brucella broth supplemented with 10% heat-inactivated fetal bovine serum and 0.4% Isovitalex® at 100 rpm of shaking speed. Finally, *H. pylori* liquid culture improves activation time and recovery rates in contrast to solid culture.

O-019. Patients with meningitis due to *Streptococcus pneumoniae* develop major adverse cardiovascular events.

Serrano C, Ramirez P, Bravo L, Saens M, Gomez S, Vargas H, Orihuela C, Reyes L, Universidad de La Sabana. Secretaría de Salud de Bogotá. Bogotá. Hospital Universitario Joan XXIII; Medicina de Cuidados Críticos; Universidad Rovira. The University of Alabama at Birmingham. cristiasema@unisabana.edu.co

Introducción. *Streptococcus pneumoniae* (Spn) is the leading cause of community-acquired pneumonia (CAP) and bacterial meningitis in adults. Recent studies have shown that up to 30% of patients admitted to the hospi-

tal due to pneumococcal CAP develop major adverse cardiovascular events (MACE, i.e., new/worsening arrhythmia, new/worsening heart failure, and myocardial infarction). However, it is unknown whether MACE could also be identified in patients with pneumococcal meningitis. **Materiales y métodos.** Observational, multicentric retrospective study. We analyzed medical records from adult patients with invasive pneumococcal disease (IPD) reported in a surveillance program across all hospitals in Bogotá, Colombia, between 2012 and 2019. Pneumococcal meningitis was confirmed by the identification of Spn in blood cultures and/or cerebrospinal fluid cultures and clinical presentation of meningitis. Adverse cardiac outcomes were blinded evaluated in each case by a retrospective chart review. **Resultados.** From a total of 310 patients with microbiological Spn isolation, 18.7% (58/310) were diagnosed with pneumococcal meningitis. Out of the 58 patients evaluated, 8 (13.7%) developed MACE, out of those patients 50% (4/8) new/worsening heart failure, 50% (4/8) new/worsening arrhythmia, 12.5 % (1/8) myocardial infarction and myocardial injury 25% (2/8). The only significant Spn strains that were identified in patients with meningitis that developed MACE were 6B and 25F. **Conclusiones.** To our knowledge, this is the first clinical study showing that patients with pneumococcal meningitis could be at risk of MACE as previously reported in patients with pneumococcal CAP. Further studies are needed to better characterize the patients at risk.

O-020. La colonización por *Staphylococcus aureus* incrementa el riesgo de bacteriemia en pacientes en hemodiálisis.

Vanegas JM, Salazar-Ospina L, Roncancio G, Jiménez JN, Universidad de Antioquia. Clínica CardioVid. Medellín. johanna.vanegas@udea.edu.co

Introducción. La bacteriemia es la segunda causa de muerte en los pacientes en hemodiálisis y la colonización podría ser un factor de riesgo. El objetivo de este estudio fue analizar la asociación entre la colonización por *S. aureus* y el desarrollo de bacteriemia en una cohorte de pacientes en hemodiálisis. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de cohorte en una unidad de diálisis de Medellín, en el que se incluyeron pacientes en hemodiálisis con catéter venoso central (octubre 2017-octubre 2019). El estado de la colonización fue evaluado al inicio del estudio, dos y seis meses después. El desarrollo de bacteriemia fue observado durante un periodo de seguimiento de 12 meses. El análisis estadístico incluyó modelos de Cox y de Poisson para variables dependientes del tiempo. La relación genética de los aislados que colonizaron y causaron infección fue determinada por electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE). **Resultados.** En el estudio fueron incluidos 210 pacientes. Durante el periodo de seguimiento se presentaron 71 bacteriemias, la mayoría de estas causada por *S. aureus* (n=28; 39.4%). El estado de colonización fue asociado con el riesgo hasta la primera bacteriemia (HR=4.64; 95%CI: 1.72, 12.53) y con la recurrencia de la infección (IRR=5.90, 95%CI: 2.29, 15.16). La PFGE reveló que el 77.8% de los pacientes infectados, estuvieron colonizados con el mismo clon bacteriano que causó la bacteriemia. **Conclusiones.** *Staphylococcus aureus* es una causa de infección endógena en pacientes en hemodiálisis. Es necesario realizar tamizaciones permanentes y considerar estrategias como la descolonización en pacientes con alto riesgo de infección. Financiación: Comité para el Desarrollo de la Investigación CODI, Universidad de Antioquia, proyecto: 2017-15526. Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e innovación Colciencias, proyecto: 111577756947

O-021. Un estudio longitudinal de epidemiología molecular revela colonización intermitente por clones genéticamente diversos de *Staphylococcus aureus* en pacientes en hemodiálisis.

Vanegas JM, Gallego M, Roncancio G, Jiménez JN, Universidad de Antioquia. Clínica CardioVid. Medellín. johanna.vanegas@udea.edu.co

Introducción. La colonización por *Staphylococcus aureus* aumenta el riesgo de infecciones. El objetivo de este estudio fue analizar la dinámica y los factores asociados con la colonización por *S. aureus* en un grupo de pacientes en hemodiálisis. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio longitudinal en una unidad de diálisis ambulatoria de Medellín, en el que se incluyeron pacientes en hemodiálisis con catéter venoso central (octubre 2017-octubre 2019). La colonización por *S. aureus* fue evaluada en tres momentos en fosas nasales y en piel alrededor de la inserción del catéter. El análisis molecular incluyó electroforesis en gel de campo pulsado y la tipificación de la proteína A. Un modelo GEE fue utilizado para analizar los factores asociados con el cambio de

la colonización en el tiempo. **Resultados.** En el estudio fueron incluidos 210 pacientes. Las frecuencias de colonización por *S. aureus* sensible (SASM) y resistente a meticilina (SARM) fueron del 29,1% vs. 4,8%, 29,2% vs. 6,7% y 24,1% vs. 7,1% en la primera, segunda y tercera observación; respectivamente. La mayoría de los pacientes estuvieron colonizados de manera intermitente (77,8%; n=63). Los métodos de tipificación molecular revelaron alta diversidad genética en los aislados colonizantes. El tabaquismo actual (OR:7,22, 95%CI:2,24-23,27), el índice de Charlson (OR:1,22, 95%CI:1,03-1,43) y la infección previa por *S. aureus* (OR:2,41, 95%CI:1,09-5,30) fueron asociados con la colonización. **Conclusiones.** La colonización por *S. aureus* en pacientes en hemodiálisis es un evento cambiante en el tiempo. Es necesario vigilar de manera permanente el estado de colonización y la aplicación de métodos moleculares para la identificación de nuevos portadores. Financiación: Comité para el Desarrollo de la Investigación CODI, Universidad de Antioquia, proyecto: 2017-15526. Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e Innovación Colciencias, proyecto: 111577756947

O-022. Major adverse cardiovascular events during invasive pneumococcal disease are serotype dependent.

Ramírez P, Serrano C, Africano H, Gómez S, Vargas H, Orihuela C, Reyes L, Universidad de la Sabana; Clínica Universidad de la Sabana. Laboratorio de Salud Pública; Secretaría de Bogotá. Bogotá. University of Alabama at Birmingham.
paularava@unisabana.edu.co

Introducción. Up to 30% of patients admitted to hospitals with invasive pneumococcal disease (IPD), experience major adverse cardiovascular event (MACE) including new/worsening heart failure, new/worsening arrhythmia, and/or myocardial infarction. *Streptococcus pneumoniae* (Spn) is the most frequently isolated bacterial pathogen among CAP patients and the only etiological agent linked independently to MACE. Nevertheless, no clinical data exists identifying which serotypes of Spn are principally responsible for MACE. **Materiales y métodos.** This was an observational multicenter retrospective study conducted through the Public Health Secretary of Bogotá, Colombia. We included all patients with a confirmed clinical diagnosis of IPD between 2012 and 2019. Spn were serotyped by the National Center of Microbiology. MACE were determined by a retrospective chart review. **Resultados.** The prevalence of MACE was 23% (71/310) in IPD patients; 28% (53/181) in patients admitted for CAP. The most prevalent *S. pneumoniae* serotype identified in our study was the 19A, responsible for the 13% of IPD in our cohort, of which 21% (9/42) presented MACE. Serotypes independently associated with MACE in IPD patients were serotype 3 (OR 1, 48; 95% CI [1.21-2.27]; p=0.013) and serotype 9n (OR 1.29; 95% CI [1.08-2.24]; p=0.020). Bacteremia occurred in 87% of patients with MACE. Serum concentrations of C-reactive protein were elevated in patients with MACE versus in non-MACE patients (mean [SD], 138 [145] versus 73 [106], p=0.01). **Conclusiones.** MACE are common during IPD with serotype 3 and 9n independently of frequency.

O-023. Coinfección asociada a SARS-CoV-2 en una institución hospitalaria en Medellín.

Vargas A, Franco L, García C, Roncancio G, Clínica Cardio VID. Medellín.
roncancio@gmail.com

Introducción. No se ha establecido en nuestro medio la incidencia de coinfección asociada con SARS-CoV-2 pero se percibe gran uso de antibióticos en el medio. El presente trabajo buscó determinar frecuencia de co-infección y su etiología en pacientes hospitalizados con diagnóstico de infección por SARS-CoV-2. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo, en pacientes hospitalizados entre abril y agosto de 2020 con sospecha o confirmación de SARS-CoV-2 en Clínica CardioVID, Medellín. **Resultados.** 61 pacientes requirieron hospitalización (mediana de edad 68 años), 11 fallecieron (mediana 73 años, 57 a 92). En 1 caso se encontró coinfección al ingreso no confirmada (empiema). En total, 14 pacientes fueron estudiados con RT-PCR multiple, no se documentó coinfección viral pero hubo 8 casos positivos para bacterias (7 gram-negativos y 1 SAMS). En 18/53 pacientes en piso de hospitalización se iniciaron antibióticos, de estos 6 fueron continuados por más de 48 horas. En un caso de piso se consideró superinfección pulmonar después de 21 días de diagnóstico de SARS-CoV-2 (no hubo etiología). 11/53 pacientes hospitalizados en piso pasaron a UCI. 11/17 pacientes de UCI recibieron antibióticos y se demostró coinfección en 9 pacientes, 2 con infección polimicrobiana. En 1 caso se demostró candidemia y en 8 pacientes infección bacteriana (4 por

K. pneumoniae 1 caso de *Pseudomonas*, *Proteus*, *E.coli*, *H. influenza* y SAMS). El tiempo promedio de superinfección fue 11,7 días (9-17 días) **Conclusiones.** La coinfección al ingreso es baja. Debe promoverse el estudio etiológico y el uso adecuado de antibióticos. La superinfección es más frecuente en UCI después de varios días.

O-024. Seguimiento clínico y microbiológico de las infecciones en el primer año de trasplante pulmonar en un centro de referencia en Colombia entre 2007 y 2019.

Neira J, Orozco E, Gaviria D, Ceballos L, Aguilar Y, Roncancio G, Universidad Pontificia Bolivariana. Clínica Cardio VID. Medellín.
roncancio@gmail.com

Introducción. El trasplante pulmonar es una alternativa terapéutica en neumopatías terminales en Colombia, no obstante, su éxito puede afectarse por la susceptibilidad a infección. En Latinoamérica se desconoce su prevalencia y etiología. Se pretende caracterizar las infecciones en el primer año de trasplante en un programa en Colombia, buscando optimizar protocolos y desenlaces en nuestro medio. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, retrospectivo y longitudinal. Se incluyeron los pacientes trasplantados entre 2007-2019 en una institución. Las variables se tomaron de historias clínicas. El análisis se hizo con SPSS®. **Resultados.** Se incluyeron 85 pacientes. Se excluyeron 5 (5,9%) por mortalidad perioperatoria y 4 (4,7%) por seguimiento incompleto. 52,6% (n=40) eran hombres, la mediana de edad al trasplante fue 51 años (RIC: 38-59) y su causa principal fue EPOC (40,8%). Al año se infectaron 65 pacientes (85,5%), con 185 infecciones, siendo neumonía el 40,5% (n=75). El 35,7%, 42,2% y 22,2% de las infecciones se presentaron en los meses 1, 2-6 y 7-12, respectivamente. La etiología fue bacteriana (35,7%), fúngica (15,1%), viral (9,7%) y parasitaria (1,6%). Los microorganismos más frecuentes fueron *Pseudomonas aeruginosa* (8,7%), CMV (6,5%), *Candida spp.* (6,5%), *Klebsiella pneumoniae* (5,9%) y *Aspergillus spp.* (5,4%). La infección fue polimicrobiana en 8,1% (n=15) y no se identificó etiología en 29,7% (n=55). La supervivencia al primer año fue del 63,1% (n=48). La mortalidad atribuible a infección fue 64,3% **Conclusiones.** Las infecciones impactan significativamente los desenlaces de trasplante de pulmón en nuestro medio. La tipificación de las infecciones y su microbiología permitirá ajustar guías y protocolos locales y mejorar desenlaces

INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA

O-025. Detección de virus respiratorios en población pediátrica en dos clínicas de alto nivel de complejidad, Medellín – Colombia 2019.

Galvis J, Sierra E, Montaña A, Gutiérrez X, Arroyave B, Robledo C, Beltrán C, Maldonado N, Robledo J, Laboratorio Médico de Referencia. Departamento Pediatría Universidad de Antioquia; Clínica El Rosario; Clínica del Prado; grupo Quirón. Corporación para Investigaciones Biológicas; Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín.
natalia.maldonado@yahoo.com

Introducción. La infección respiratoria aguda (IRA), es la enfermedad infecciosa más frecuente en el mundo y un importante problema de salud pública en nuestro país. El objetivo de este estudio es describir la frecuencia de detección de virus respiratorios en población pediátrica local con diagnóstico de IRA. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo realizado entre enero-diciembre de 2019, que incluyó 1.316 muestras de aspirado nasofaríngeo obtenidas de pacientes menores de 15 años con manifestaciones clínicas de IRA a quienes se les realizaron pruebas de inmunofluorescencia y/o pruebas rápidas para la detección de virus respiratorios. **Resultados.** El 24,6% (n=322) de las muestras fueron positivas al menos para uno de los virus respiratorios analizados. De éstas, el 48,1% (n=155) se obtuvieron de niños entre 1-5 años. En el total de las muestras positivas, el vrs fue el más frecuente (61,8%), seguido de los virus Influenza A (12,4%), Influenza B (11,8%), Parainfluenza III (5,9%), y Adenovirus (3,7%). Se encontraron 14 casos de co-infección, entre influenza B y vrs (n=5), Influenza A y B (n=4), vrs y Metapneumovirus (n=4), Parainfluenza III y Metapneumovirus (n=1). La distribución temporal mostró que el 44,5% de los casos se presentó entre mayo-julio. **Conclusiones.** Las detecciones de virus respiratorios son más frecuentes en niños menores de 5 años, siendo el vrs el virus detectado con mayor frecuencia; mientras que los virus influenza A y B fueron más frecuentes en mayores de 1 año. Se observó un pico de mayor detección entre mayo-julio de 2019, con casi la mitad de los casos.

O-026. Meningitis por *Streptococcus pneumoniae* en niños en Colombia: caracterización clínica y microbiológica después de la vacunación masiva.

Farfán J, Camacho G, Leal A, Patiño J, Gutiérrez I, Beltrán S, Álvarez-Olmos M, Mariño C, Barrero R, Rojas J, Espinosa F, Arango C, Suárez M, Trujillo M, López E, López P, Coronell W, Pinzón H, Ramos N, Moreno V, Red Neumocolombia. Universidad Nacional de Colombia. HOMI Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia. Grupo para el Control de la Resistencia Bacteriana en Bogotá (GREBO). Fundación Valle de Lili. Clínica Infantil Colsubsidio. Clínica universitaria Colsanitas. Fundación Cardioinfantil-Instituto de Cardiología. Hospital Universitario Clínica San Rafael. Hospital Militar Central. Unidad de Servicios de Salud Santa Clara. Hospital Infantil Universitario de San José. Hospital Universitario San Vicente Fundación. Unidad de Servicio de Salud Tunal. Hospital Pablo Tobón Uribe. Centro Médico Imbanaco. Universidad Libre Seccional Cali. Fundación Clínica Infantil Club Noel. Universidad del Valle. Hospital Infantil Napoleón Franco Parejo. Clínica el Bosque. Hospital Universitario del Valle. jdfarfana@unal.edu.co

Introducción. La meningitis bacteriana en niños es una de las enfermedades con más alta morbilidad, constituyendo un problema de salud pública importante. Desde 2012 se ha introducido la vacunación masiva en Colombia con el objetivo de impactar la carga de esta enfermedad. **Materiales y métodos.** Se buscó caracterizar la meningitis aguda bacteriana por *Streptococcus pneumoniae* y los cambios que se han presentado en la enfermedad antes y después de la introducción de la vacunación masiva. Se recolectaron datos de forma ambispectiva de 17 hospitales que atienden población pediátrica en 4 ciudades de Colombia. En Bogotá entre 2008 y 2019, y en las demás ciudades entre 2017 y 2019. **Resultados.** 81 casos en total. El antecedente más frecuente fue Fístula de LCR. El 17,3% presenta neumonía. Los síntomas más frecuentes fueron fiebre, hiporexia, vómito, somnolencia y crisis epilépticas. Las principales complicaciones fueron falla ventilatoria y choque, seguidas de estado epiléptico. Los serotipos más frecuentes en la etapa postvacunal fueron 19A(31,8%), 34(13,6%) y 23B(9,1%), evidenciando una emergencia de los no incluidos en PCV10. El aumento de 19A, asociado a multidrogorresistencia, explica disminución de sensibilidad a cefalosporinas de tercera generación. La letalidad fue 23,5%. Se asoció con mayor letalidad: hipoglucorraquia; recuento disminuido de leucocitos y neutrófilos en sangre; baja hemoglobina y hematocrito en sangre; PCR en sangre elevada; necesidad de ventilación mecánica y de vasopresores. **Conclusiones.** La meningitis aguda por neumococo tiene una alta morbilidad. La vacunación con PCV10 ha generado un cambio en los serotipos circulantes, asociado a mayor resistencia a cefalosporinas de tercera generación.

O-027. Presentación clínica del virus linfotrópico humano de células T tipo 1 en pediatría.

Mejía J, Urbano J, Rojas J, Universidad Libre Seccional Cali. Universidad del Valle. Fundación Clínica Infantil Club Noel. Cali. juanpa8506@hotmail.com

Introducción. El Virus Linfotrópico Humano de Células T tipo 1 (HTLV-1), es un potente oncovirus retrovirus. En Colombia la prevalencia real se desconoce, se estima alrededor del 10% con altas concentraciones en la Costa Pacífica. Afecta principalmente linfocitos T CD4, produciendo extenso compromiso del sistema inmune con expresión en múltiples sistemas. Las manifestaciones clínicas en pediatría están poco estudiadas. **Objetivo:** Describir el perfil clínico de once pacientes con HTLV 1 en una institución pediátrica de Cali, Colombia. **Materiales y métodos.** Análisis retrospectivo descriptivo, tipo serie de casos, realizado en la Fundación Clínica Infantil Club Noel, pacientes pediátricos (>1 mes y **Resultados.** Evaluamos 11 pacientes con HTLV-1; 10 procedentes del pacífico colombiano; 9 con desnutrición proteico calórica; 8 presentaron síntomas respiratorios e inflamación crónica pulmonar, 4 coinfectados por *Aspergillus* y 2 por *Mycobacterium tuberculosis*; 6 presentaron compromiso dermatológico, 4 con dermatitis infecciosa, 2 escabiosis. En cuanto a enfermedad autoinmune 1 paciente presentó enfermedad de Crohn, otro púrpura trombocitopénica autoinmune y un tercero Síndrome Vogt Koyanagi Hara (panuveitis). **Conclusiones.** Estudios de expresión clínica de HTLV-1 en pediatría se encuentra todavía muy limitados. Se ha venido constatando que la expresión clínica es más amplia. Es necesario ampliar estudios de HTLV 1 en la población pediátrica de Colombia, concientizar sobre la forma de presentación de la enfermedad; acercarse a la seroprevalencia real, e involucrar al familiar de estos para lograr mejor control desde la salud pública

O-028. Experiencia en la implementación de prueba de identificación rápida de microorganismos por FilmArray® en sangre en una población pediátrica.

Beltrán M, Álvarez-Olmos M, Rincón L, Sánchez M, López S, Rodríguez D, Universidad El Bosque. Facultad de Medicina, Universidad del Rosario. Fundación Cadrioinfantil. GETS-Universidad Nacional de Colombia. Bogotá. mialvarez130@gmail.com

Introducción. La identificación etiológica en bacteremias es un reto diagnóstico. El objetivo fue caracterizar la identificación rápida de microorganismos en hemocultivos y por FilmArray® en pediatría. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo en niños con hemocultivos positivos y FilmArray® de sepsis en un hospital de IV nivel de Bogotá, entre enero-2017 a julio-2019. Se describen características sociodemográficas, clínicas, resultados diagnósticos, terapia antibiótica y desenlaces clínicos. Se utilizó el sistema BacT/ALERT 3D Biomérieux Company para hemocultivos y FilmArray® (PCR multiplex) con el sistema Biofire de Biomérieux Company®. Para el acuerdo se usó el kappa de Cohen. Se reportó frecuencia de cada uno de los gérmenes. El análisis se realizó en el software Stata V.15®. **Resultados.** De 149 bacteremias, 141 pacientes, 49 neonatos (34,8%) y 92 pediátricos (65,3%) , 45,4% cursaban con mínimo una patología. La distribución en HC correspondió a 60,5% Gram positivos (GP), 35% Gram negativos (GN), 3,8% GP/GN, sin aislamiento en el 0,6% de los casos mientras por FA 59,6% GP, 32,1% GN, 4,5% GP/GN y sin aislamiento 3,9%. El acuerdo entre los métodos fue de 92,2% con un Kappa de Cohen de 0,85. Se realizó modificación de terapia por FA en 32,9% de los episodios y posterior al HC en 20,8%. En ocho pacientes (5,4%), se modificó la terapia antibiótica tanto después de FA como HC. **Conclusiones.** Se encontró un porcentaje importante de cambio en la terapia antibiótica con el resultado de FA. El acuerdo entre este último y el HC fue alto, ofreciendo mayor confianza en sus resultados hacia el cambio de la terapia empírica

O-029. Características epidemiológicas y distribución de serotipos de neumonía neumocócica pediátrica, antes y después de la introducción del PCV 10: un estudio multicéntrico en Bogotá, Colombia, 2008 – 2019.

Gutierrez I, Mariño C, Beltrán S, Londoño J, Leal A, Camacho G, Patiño J, Moreno V, Álvarez-olmos M, Espinosa F, Barrero R, Suárez M, Ramos N, Montañez A, Red Neumocolombia. Clínica Infantil Colsubsidio. Hospital Militar Central. Clínica Universitaria Colsanitas - Clínica Pediátrica. Universidad Nacional de Colombia. Grupo para el Control de la Resistencia Bacteriana en Bogotá (GREBO). HOMI Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia. Fundación HIUSJ. Bogotá. Fundación Valle de Lili. Cali. Fundación Cardioinfantil- Instituto de Cardiología. Hospital Infantil Universitario de San José. Hospital Universitario Clínica San Rafael. Unidad de Servicios de Salud Santa Clara. Unidad de Servicios de Salud Tunal. Clínica El Bosque. Bogotá. neumocolombia@gmail.com

Introducción. El uso de PCV10 reduce casos totales de neumonía, pero con incremento de empiema. Se describen las características clínicas, de laboratorio y serotipos posterior a la vacunación sistemática con PCV10. **Materiales y métodos.** Se incluyeron aislamientos de neumococo en neumonía en niños en 10 hospitales de Bogotá. Estudio ambispectivo con análisis antes y después de introducción de PCV10, en 3 periodos; pre-PCV10 antes de 2012; transición, 2012 y 2013, y post-PCV10. Se obtuvieron variables sociodemográficas, clínicas y desenlace. Se analizó utilizando R v3.5.2 ®; se comparó el periodo pre y el post-vacunal. **Resultados.** Se incluyeron 369 pacientes. En el periodo post PCV10 aumento la neumonía complicada del 13,4% al 31,8% (p<0,001), disminuyeron serotipos PCV10 de 42,5% a 13,5%(p<0,001), mientras los PCV13 aumentaron de 3,7% a 50,5% (p<0,001) y aumento en resistencia a penicilina de 6% a 20,3% (p=0,008), a ceftriaxona 0,7% a 7,8% (p = 0,007) a clindamicina de 2,2% a 26,6% (p<0,001). Se reporta mayor uso de ampicilina-sulbactam (0,7% vs 24%) y de ceftriaxona/clindamicina (0,7% a 5,7%). La duración del antibiótico aumentó de 7 (4-11) a 10 (6-17) días (p<0,001). La hospitalización aumentó de 8 (5,5-15) a 12 (7-22) días (p<0,001), ingreso a UCIP 32,8% a 51,6%(p=0,001). La letalidad fue similar. **Conclusiones.** Después de PCV10 aumentaron serotipos 19A, 6A y 3(PCV13), con mas casos de neumonía complicada, con aumento de estancias hospitalarias, UCIP, y resistencia. Hallazgos descritos respaldan la importancia de considerar cambio a PCV13 en Colombia

O-030. Caracterización clínica, microbiológica y epidemiológica de la enfermedad invasiva por *Streptococcus pneumoniae* en 17 hospitales de Colombia. 2017 – 2019.

Camacho G, Leal A, Patiño J, Moreno V, Arango C, Coronell W, Rojas J, Trujillo M, Beltrán S, Espinosa F, López P, Gutiérrez I, Álvarez-Olmos M, Mariño C, Barrero R, López E, Suarez M, Pinzon H, Ramos N, Red Neumocolombia. HOMI Fundación Hospital Pediátrico la Misericordia. Universidad Nacional de Colombia. Clínica El Bosque. Grupo para el Control de la Resistencia Bacteriana en Bogotá (GREBO). Bogotá. Fundación Valle de Lili. Cali. Hospital Universitario San Vicente Fundación. Medellín. Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja. Cartagena. Fundación Clínica Infantil Club Noel. Universidad Libre. Universidad del Valle. Cali. Hospital Pablo Tobón Uribe. Medellín. Clínica universitaria Colsanitas - Clínica Pediátrica. Hospital Infantil Universitario de San José. Bogotá. Hospital Universitario del Valle. Cali. Clínica Infantil Colsubsidio. Fundación Cardioinfantil - Instituto de Cardiología. Hospital Militar Central. Hospital Universitario Clínica San Rafael. Unidad de Servicios de Salud Santa Clara. Bogotá. Centro Médico Imbanaco. Cali. Unidad de Servicios de Salud Tunal. Bogotá. neumocolombia@gmail.com

Introducción. La enfermedad neumocócica invasiva (ENI), causa alta morbilidad y mortalidad en menores de 5 años. En Colombia se administra PCV10 desde 2012, la red Neumocolombia vigila la ENI en pacientes pediátricos de Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio de series de casos de tipo ambispectivo en pacientes pediátricos admitidos con ENI en diez hospitales de Bogotá 2008-2019, cuatro hospitales de Cali, dos de Medellín y uno de Cartagena en 2017-2019, se obtuvo información clínica, del serotipo (Spn) y resistencia. **Resultados.** 284 pacientes incluidos, 164(57,7%) masculino; 139(49%) fueron menores de 2 años; 88(31%) entre 24 y 59 meses; 57(20%) >60 meses. Presentaron neumonía 176(62%); bacteriemia 51(17,9%); meningitis 30(10,5%) meningitis más neumonía 5(1,76%) y otros 22(7,7%); el promedio de estancia 17,7 días, 152(53,5%) pacientes requirieron UCI, promedio de estancia en UCI fue 11,5 días, 38 pacientes murieron (13,3%), el 23,2% de los aislamientos no meníngeos presentaron resistencia a penicilina. Se obtuvo serotipificación en 167 aislamientos (59%), los serotipos más frecuentes fueron 19A en 70 casos (42%), 3 en 16 casos (9,5%), y 14 en 8 casos (4,8%). Los serotipos con mayor proporción de ingreso a UCI fueron 6C (80%), 3 (75%) y 19A(57,1%), los serotipos con mayor letalidad fueron: 14(25%), 6A (12,5%) y 19A(11,4%). **Conclusiones.** La ENI más frecuente fue neumonía en menores de dos años, existe una elevada prevalencia de serotipos 19A y 3 los cuales no están incluidos en PCV 10. Alta proporción de resistencia a los antibióticos. Es importante vigilar la ENI después de la implementación de la vacunación en Colombia.

O-031. The impact of Antimicrobial Stewardship Program (ASP) in narrow spectrum antibiotics in a pediatric hospital in Bogotá, Colombia.

Londoño J, Gutiérrez I, Baquero O, Bermúdez N, Clínica Infantil de Colsubsidio. Bogotá.
jp.londono81@gmail.com

Introducción. Antibiotics are the second most common prescribed drugs in hospital settings. Some studies have found that 20-50% of antibiotics prescriptions are inadequate or not necessary. We implement an ASP program surveilling all prescribed antibiotics (broad and narrow-spectrum antibiotics) in a children hospital in Bogotá, Colombia. **Materiales y métodos.** A before and after study was designed. We initiated an ASP program for broad-spectrum antibiotics (BS-ASP) in January of 2016, and in November of 2019 we began the ASP program for narrow-spectrum antibiotics (NS-ASP). We designed an antibiotic local recommendations guideline for more prevalent infectious diseases. We use an audit and feedback in real-time strategy. We compare prescriptions habits before and after the begin of the program. **Resultados.** 45% of antibiotics in pre-NS-ASP were considered inadequate according to pediatric infectious disease specialist analysis. We evaluated 789 prescriptions. 444 (56%) didn't need any adjustment, 83 (10,5%) were adjusted before ASP intervention and 41 (5,2%) required antibiotic change. Pre-NS-ASP the oral route was used in 0,01% of the cases, and post NS-ASP 12,8%. Total costs in three more frequent antibiotics decreased from 7.929 USD to 5.862 USD. Mortality before and after ASP in the same period was 1,78 and 1,64 x 100.000, respectively. Guidelines adherence increased from 55% to 75. **Conclusiones.** This is the first narrow-spectrum ASP program in children. We found an improve in local guidelines adherence and increase in oral route use. We didn't find any change in mortality. NS-ASP showed some economic impact that need further studio

O-032. Comportamiento de la COVID-19 en niños, niñas y adolescentes, Colombia 2020.

Lozano-Lesmes L, Pinto-Díaz C, Universidad del Tolima. Universidad del Rosario. Bogotá.
ylozano@ut.edu.co

Introducción. La pandemia por COVID-19 declarada a nivel mundial ha generado una gran cantidad de afectación en la salud de las poblaciones. La población infantil y joven presenta menor riesgo de adquirir esta enfermedad, aunque sean susceptibles. Se realizó una descripción del comportamiento de la COVID-19 en población pediátrica en Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de corte transversal, se realizó un análisis de datos de fuente secundaria. La población: casos confirmados de COVID-19 de 0 a 19 años. Se analizaron variables como edad, sexo, ciudad y departamento de procedencia del caso, estado del caso. Se calcularon tasas de incidencia específicas por grupo de edad y sexo. Se usó la información poblacional del censo del Dane 2018, por ciudades y departamentos. **Resultados.** Se notificaron 46.076 casos de COVID-19 en menores de 19 años, para una tasa de contagio de 288,4/100000 menores de 19 años. El 18,7% (n=8.371) corresponde a niños de 0 a 4 años, 18,35% (n=8.453) 5 a 9 años, 24,16% (n=11.131) 10 a 14 y el 39,3% (n=18.121) de 15 a 19 años. Soledad (Atlántico) es el municipio con mayor número de casos (n=1.278). 44 casos fueron reportados como fallecidos por COVID-19, con una letalidad de 0,095, siendo mayor en los menores de 0 a 4 años que presentaron una letalidad de 0,19%. **Conclusiones.** Las tasas de contagio aumentan con la edad, en cuanto a la letalidad es mayor en menores de 0 a 4 que en los niños de 5 a 9 años.

**EPIDEMIOLOGÍA HOSPITALARIA, INFECCIONES
INTRAHOSPITALARIAS Y CONTROL DE INFECCIONES**

O-033. Impacto de la sistematización de un Programa de Optimización de Antimicrobianos (PROA) en la Clínica Infantil Santa María del Lago en Bogotá, Colombia.

Gutiérrez I, Bravo J, Hernández M, Cabrera A, Sánchez C, Preciado J, Beltrán A. Clínica Infantil Santa María del Lago. Bogotá.
ivanfelipegutierrez@gmail.com

Introducción. Se requieren estrategias que optimicen la recolección y análisis de información de la prescripción de antibióticos. Se describe el proceso de sistematización de un PROA. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo. Compara una fase inicial (mayo/diciembre 2019) en la que se llevaba control y análisis de prescripción mediante diligenciamiento de hoja de antibióticos (HA) que incluía 16 variables, a la actualidad (enero/agosto 2020), en la que se desarrolló un sistema para prescripción, una matriz de Excel para análisis con fórmulas basadas en recomendaciones locales y Data Studio® para reportes en tiempo real de la prescripción mediante un tablero de indicadores. **Resultados.** En el periodo inicial, el prescriptor diligenciaba en 1 a 2 minutos la HA, el sistema actual en 20 a 40 segundos. Inicialmente para análisis por el PROA, era necesaria la transcripción de la HA a una base de datos: 2 a 3 minutos por HA, aproximadamente 57 minutos diarios y 28 horas/mes; con análisis incompleto e irregular de la información por disponibilidad de tiempo, dificultades en registro, con intervenciones tardías. En la actualidad la sistematización arroja resultados en tiempo real, en pediatría automáticamente coteja con recomendaciones locales e indica adecuado o no; se analiza el 100% de la información. Previamente se usaban aproximadamente 9.855 hojas anuales, con costo aproximado \$2.956.000. **Conclusiones.** La sistematización de un PROA ahorra costos, tiempo de Infectólogo, del PROA y permite la evaluación y análisis completo de la información. Facilita intervenciones en tiempo real, para inversión de tiempo Infectólogo/equipo, en actividades encaminadas a optimizar el uso de antibióticos.

O-034. Curso clínico de los primeros 75 pacientes hospitalizados confirmados con COVID-19 en un hospital público de tercer nivel en Colombia.

Badiel M, Coll-Tello B, Matta L, Cedeño S, López P, Marulanda K, Ayala S, Wallis L, Uriago J, Bravo L, Martínez E, Hospital Universitario del Valle. Universidad del Valle. Universidad Libre. Cali.
brenda.coll@correounivalle.edu.co

Introducción. COVID-19 se ha diseminado ampliamente en Colombia, pero poco se ha descrito de su presentación en nuestro medio. **Objetivo:**

Describir el curso clínico de los pacientes hospitalizados con neumonía por COVID-19. **Materiales y métodos.** El Registro prospectivo NEUMONIA2020 en ReDCap® incluye pacientes consecutivos que requirieron hospitalización entre marzo-junio-2020 y confirmados por rtPCR para COVID-19. Los desenlaces fueron necesidad de UCI, de ventilación mecánica y sobrevida a 30 días. **Resultados.** Se ingresaron 75 pacientes en el período, el 57,3% fueron hombres, el promedio de edad fue $48,2 \pm 17,9$ años, el 62,2% requirieron UCI, y 45,9% ventilación mecánica, la probabilidad de sobrevida a 30 días fue 69% (68%vs82,3%, $p=0,7$ para severa vs moderada). El índice de letalidad fue diferente en neumonía severa vs moderada (35%vs11%, $p=0,02$). Al ingreso: tos (78%), disnea (77%) y fiebre (73%) fueron síntomas frecuentes, con un promedio de duración $7,9 \pm 4,7$ días. El NEWS SCORE fue de $6,3 \pm 3$ al ingreso, el 8,1% tenían anomalías en las imágenes, radiografía o escanografía. Hipertensión (41,9%), Obesidad (35,9%) Diabetes mellitus (24,3%) fueron las comorbilidades más frecuentes. Biomarcadores como PCR, LDH y fibrinógeno fueron más elevados entre los severos ($p<0,01$); no hubo diferencias con Ferritina y Dímero D. La mediana de estancia en UCI fue de 12,5 días (RIQ 6-28) y la estancia en piso total fue de 11 días (RIQ 8-21). **Conclusiones.** Durante los primeros 100 días del brote en Colombia, el 62,2% de los pacientes ingresados en una institución pública de tercer nivel cursan con neumonía severa que requiere UCI. La probabilidad de sobrevida a 30 días fue 69%.

O-035. Evaluación de implementación de un software para dispositivos móviles en manejo terapéutico y estrategias para el control de infecciones en 3 hospitales de Colombia.

Pallares C, Cobo S, Venté E, Izquierdo J, Echeverry D, Montoya D, Ramos A, Ruiz J, Morales V, Mojica M, De La Cadena E, Appel T, Villegas M, Centro Médico Imbanaco de Cali. Cali. Universidad El Bosque. Bogotá. Clínica San Francisco de Tuluá. Clínica DIME de Cali. Cali.
christian.pallares@imbanaco.com.co

Introducción. En países con recursos limitados hay escasa contratación de personal y poca tecnología. Herramientas usando telefonía móvil (smartphones) son necesarias para aumentar vigilancia en control de infecciones. En Colombia pocas han sido implementadas. El objetivo del estudio fue evaluar impacto de aplicación móvil en adherencia a guías antimicrobianas y vigilancia en infecciones. **Materiales y métodos.** Estudio multicéntrico cuasi-experimental. Tres hospitales incluidos. Se construyó aplicación móvil para evaluar adherencia a guías antimicrobianas, higiene de manos, precauciones estándar y especiales. Se recolectó información 6 meses antes/después de implementación y se realizó encuesta de percepción sobre su uso. Se evaluó ahorro en tiempo, costos secundarios a implementación y proporción de aceptación por trabajadores de salud. Se determinaron diferencias mediante estadística no paramétrica entre los dos períodos. Valores de $p<0,05$ fueron significativos. **Resultados.** Se realizaron 207 observaciones pre y 200 post. Adherencia a guías aumentó 3,9% (89,3% pre y 85,5% post; $p<0,05$); mejorando selección de antibiótico correcto (13,5%; 75,7% pre y 89,2% post; $p<0,05$). En el post se duplicaron observaciones de control de infecciones para vigilancia. El ahorro en tiempo del conglomerado para vigilancia en infecciones y generación de informes fue 16, 13, 29 horas y 385 USD por semana. La mediana de aceptación de la aplicación por los médicos y control de infecciones fue 5 en una escala de 1 a 5. **Conclusiones.** El uso de la aplicación ayuda a reducir significativamente el tiempo dedicado a la vigilancia y construcción de informes. Aunque la aplicación no aumentó adherencia a guías, fue bien aceptada por el personal de salud que la consideró útil para su trabajo.

O-036. Análisis de series de tiempo interrumpido para evaluar una estrategia de limpieza-desinfección en un hospital colombiano.

Pallares C, Venté E, Cobo S, Morales V, Ramos A, Montoya D, Ruiz J, Villegas M, Centro Médico Imbanaco. Cali. Universidad El Bosque. Bogotá.
christian.pallares@imbanaco.com.co

Introducción. Limpieza-desinfección son fundamentales para control de infecciones. Algunos microorganismos pueden sobrevivir meses en superficies y habitaciones previamente ocupadas por pacientes colonizados-infectados por bacterias, pueden transmitir hasta 75% al siguiente paciente. Aunque equipos y dispositivos biomédicos requieren desinfección, muchas veces no se realiza. El objetivo del estudio fue evaluar una estrategia de limpieza-desinfección en un hospital colombiano. **Materiales y métodos.** Estudio observacional cuasiexperimental de series de tiempo interrumpido. Durante 2017

se actualizaron insumos y desinfectantes para ambiente, equipos biomédicos y se generaron listas de verificación de adherencia a limpieza-desinfección. Controles mensuales con bioluminiscencia (URL's) se hicieron para equipos biomédicos y ambiente. Para estimar efectos de la intervención antes (2017) y después (2018-19) de la implementación, se midieron los cambios en las tendencias de URL's con series de tiempo interrumpidas. **Resultados.** Entre 2017-2019 se tomó bioluminiscencia a 19680 superficies, incluyendo equipos biomédicos (6.720 en 2017 y 12.960 en 2018-19). La mediana de URL's cambió de 522 a 9 para equipos y 257 a 68 en ambiente antes y después de la implementación. Se encontraron tendencias en declive y cambios de nivel en las series de tiempo interrumpido comparando antes y después. URL's para equipos biomédicos: tendencia preintervención 10,6(IC95%=-2,3/23,5/ $p=0,10$), cambio de nivel -282,2(IC95%=-364,9/-199,4/ $p<0,05$), tendencia post-intervención -22,6(IC95%=-35,7/-9,5/ $p<0,05$); URL's ambiente: tendencia preintervención 2,5(IC95%=-3,8/8,8/ $p=0,42$), cambio de nivel -76,4(IC95%=-139,1/-13,9/ $p<0,05$), tendencia post-intervención -10,9(IC95%=-17,8/-4,2/ $p<0,05$). **Conclusiones.** Las series de tiempo interrumpido para URL's son un método estadístico útil para evaluar efectos de estrategias en limpieza. La verificación cuantitativa de limpieza-desinfección es fundamental para la calidad y la mejora continua en hospitales.

O-037. Etiología de la Infección del Torrente Sanguíneo Asociada a Catéter Central (ITS-AC): Diferencias entre grupos etarios de pacientes de Antioquia, Colombia.

Maldonado N, Atehortúa S, Robledo C, Robledo J, Grupo GERMEN, Laboratorio Médico de Referencia. Medellín. Hospital San Vicente Fundación. Rionegro. Clínica Universitaria Bolivariana. Corporación para Investigaciones Biológicas. Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín.
natalia.maldonado@yahoo.com

Introducción. La ITS-AC es una entidad relevante en pacientes en Unidades de Cuidado Intensivo de todas las edades. **Materiales y métodos.** Análisis de 930 ITS-AC de pacientes de instituciones de Antioquia entre 2014-2019, registradas en Whonet 5.6, según el protocolo del INS. **Resultados.** El 46,2% de las ITS-AC ($n=260$) se presentó en adultos, 27,9% en neonatos ≤ 28 días y 25,8% en niños (>28 días y ≤ 14 años). *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli* y *Enterococcus faecalis* fueron similares en frecuencia en todas las unidades. A mayor edad se redujo la proporción de ITS-AC por *Staphylococcus epidermidis*, siendo 50,4%, 25,8% y 8,6% en neonatos, pediatría y adultos, respectivamente. En contraste, una edad inferior se relacionó con menor proporción de bacilos gram-negativos, especialmente de *Klebsiella pneumoniae*, siendo 4,6% en neonatos, 10,4% en niños y 19,8% en adultos. *Candida spp.* en pediatría, duplicó la proporción en adultos y cuadruplicó la de neonatos. En neonatos no se encontraron aislamientos productores de BLEE; mientras que en pediatría y adultos fue 36,0% y 22,3% en *K. pneumoniae* y 10,0% y 33,3% en *E. coli*, respectivamente. En neonatos y pediatría no se encontraron bacilos gramnegativos resistentes a carbapenémicos, pero en adultos se encontró resistencia a meropenem en *Serratia marcescens* (36,4%), *Pseudomonas aeruginosa* (22,2%), *K. pneumoniae* (16,9%) y *Enterobacter cloacae* (12,5%). La proporción de MRSA fue superior en niños (25,0%), frente a neonatos (20,7%) y adultos (16,3%). **Conclusiones.** Las diferencias observadas en la prevalencia de microorganismos y su sensibilidad a los antibióticos en ITS-AC, puede servir para orientar la terapia empírica para este tipo de infección.

O-038. Descripción de estrategias combinadas y su impacto en un brote por Clostridium difficile en la unidad de hematología en un centro de alta complejidad en 2019.

Marulanda K, Valderrama X, Coll-Tello B, Martínez E, Matta L, Álvarez J, Hospital Universitario del Valle; Universidad Del Valle. Cali.
brenda.coll@correounivalle.edu.co

Introducción. *Clostridium difficile* (CD) está asociado a alta morbilidad en pacientes inmunosuprimidos considerándose un problema de salud pública en las instituciones de salud. El objetivo es describir estrategias combinadas y su impacto en un brote por CD en la unidad de hematología de un hospital público de alta complejidad durante enero-abril 2019 Cali (Colombia). **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de cohorte retrospectivo, se incluyeron todos los pacientes hospitalizados durante el brote por CD en unidad de hematología. Obteniendo 40 pacientes. Se implementaron estrategias combinadas; búsqueda exhaustiva de casos sintomáticos, adherencia

a higiene de manos, descontaminación ambiental, rastreo de portadores asintomáticos utilizando prueba inmunoensayo QUICK CHEK® y prueba de PCR Multiplex gastrointestinal FilmArray®. **Resultados.** La tasa de ataque reportada fue 15% de casos de CD con una frecuencia desacelerada logrando control del brote después de la implementación de las estrategias combinadas. Se encontró evolución favorable del 90% de los casos, el tiempo de diarrea nosocomial máximo fue de 7 días. El tiempo de hospitalización posterior a diagnóstico en población pediátrica 21,06 días($\pm 21,8$) y adultos 23,5 días($\pm 16,45$). La estancia para pediátricos 20 días (RIC 10,5-47) y adultos 38 días (RIC 24-68,5). Se reportó un caso de mortalidad en paciente adulto confirmado con infección por CD. Los pacientes que desarrollaron la infección tenían el 37,50% hospitalizaciones previas, el 72,50% exposición previa al menos tres antibióticos y el 30%($p=0,000$) cuadro clínico de diarrea. **Conclusiones.** Implementar estrategias combinadas para el control de brote, sobre todo la identificación oportuna de casos sintomáticos y portadores asintomáticos del CD fue exitosa en la sala de hematología.

O-039. Vigilancia epidemiológica y evolución de brotes durante la pandemia por SARS-CoV-2 en una institución hospitalaria de Bogotá, marzo-agosto 2020.

Taylor L, Medina T, Torres M, Sussmann O, Clínica Palermo. Bogotá.
laurataylor06@hotmail.com

Introducción. Se reporta al sistema de vigilancia nacional de Infecciones Asociadas a la Atención en Salud (IAAS), 6 brotes por COVID-19 entre marzo y agosto de 2020. Se realiza análisis de la aparición y evolución relacionando la progresión de la pandemia en Bogotá y casos atendidos institucionalmente. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de brotes de IAAS, bajo el lineamiento de la Secretaría Distrital de Salud de Bogotá para su caracterización y abordaje sistemático. Se realiza identificación de caso índice, determinando a los sintomáticos (encuesta institucional), posterior toma de muestra, contactos estrechos, tamización de los asintomáticos (RT-PCR), caracterización: laboral, social, estructural y de contactos estrechos. **Resultados.** se identificaron 6 brotes, 4 en áreas asistenciales y 2 en áreas administrativas: 289 personas entre colaboradores y pacientes, 57 contagios (1 paciente) y 232 tamizaciones. 23% asintomáticos. No hubo casos severos, 2 ameritaron hospitalización, sin mortalidad. Se identificaron como causas probables: uso no adecuado de EPP, aumento de exposición a aerosoles, no cumplimiento del distanciamiento social en las áreas administrativas y por último disminución en la adherencia a medidas de aislamiento y lavado de manos. **Conclusiones.** No hay correlación entre el crecimiento de la epidemia en Bogotá, número de pacientes atendidos vs la tendencia de contagio institucional. Esto sugiere que los brotes institucionales pueden corresponder a no cumplimiento de las medidas preventivas. Se recomienda: reforzar el uso constante de los EPP, retiro correcto de los mismos, fortalecer las medidas de aislamiento, lavado de manos y modificar los espacios administrativos de trabajo para garantizar el distanciamiento social.

O-040. Caracterización etiológica de infecciones y genotipos de resistencia por Reacción en Cadena de Polimerasa (PCR) múltiple en una institución de alta complejidad.

Buitrago D, Astudillo C, García A, Páez M, Zuluaga M, Palencia M, Cruz S, Osorio J, Clínica San Rafael Pereira. Hospital Santa Clara Bogotá. Universidad Icesi. Cali.
dianapbg21@gmail.com

Introducción. La Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) múltiple tiene gran utilidad en la detección e identificación simultánea de microorganismos y de mecanismos de resistencia mediante paneles sindrómicos. Este estudio pretende describir los agentes etiológicos y mecanismos de resistencia involucrados en diferentes procesos infecciosos de pacientes hospitalizados en una institución de alta complejidad. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo descriptivo, realizado en la ciudad de Pereira, utilizando los resultados de paneles respiratorio, neumonía, sepsis, gastrointestinal y meníngeo, de muestras de pacientes hospitalizados con sospecha de infección, desde abril 1 de 2019 a Julio 31 de 2020. Se excluyeron aquellos paneles con datos incompletos de identificación del paciente o del microorganismo detectado. **Resultados.** Se incluyeron 406 paneles sindrómicos, 78,07% de adultos, 21,8% de niños y 0,7% de neonatos. 189 paneles en adultos fueron positivos (59,6%), siendo el gastrointestinal y el de sepsis los de mayor proporción. En niños, 74,4% fueron positivos, de los cuales 77,4% correspondieron al panel respiratorio. Los gérmenes más frecuentemente identificados en la población adulta fueron para el panel Gas-

trointestinal: *E. coli* Enteroagregativa (27%) y Enteropatógena (27%) y para el panel de Sepsis: *E. coli* (45%) y *S. aureus* (24%). En la población pediátrica, Virus Sincitial Respiratorio (36%) y Rinovirus (25%). El gen de resistencia detectado con mayor frecuencia fue el MecA. **Conclusiones.** Estos resultados, permiten establecer de forma más precisa la epidemiología de diferentes procesos infecciosos, facilitando la toma de decisiones asertivas en el manejo de los pacientes y la optimización de la estrategia de uso prudente de antibióticos

VIROLOGÍA

O-041. Diseño *in silico* y evaluación *in vitro* de inhibidores peptídicos de la invasión viral del Dengue virus 2.

Recalde-Reyes D, Rodríguez-Salazar C, Téllez-Ramírez G, Castaño-Osorio J, Universidad del Quindío/CUE Alexander von Humboldt. Armenia.
drecalde@uniquindio.edu.co

Introducción. La infección por el virus del Dengue esta mediada por la interacción entre la proteína E del virus y receptores celulares del hospedador. Este estudio tuvo por objetivo diseñar *in silico* iPPI, dirigidos contra el ED3 del DENV2, y evaluar su interacción en la invasión viral; bajo la hipótesis: "Los iPPI diseñados contra la ED3 tienen un efecto sobre la invasión del virus Dengue 2 *In vitro*". **Materiales y métodos.** Se diseñaron *in silico* modelos entre ED3 del DENV2 y receptores celulares CD44, CD206 y CD209 empleando Cluspro 2.0 (<https://cluspro.bu.edu/login.php>); se diseñaron iPPI con RosettaOnlineServer (<http://rosie.rosettacommons.org/peptidizer>). Se evaluó: citotoxicidad, hemólisis, capacidad de neutralización de los péptidos en células BHK-21, MOI:0,1; inhibición de la formación de endosoma celular empleando Dioc'18, modelo celular Huh-7 MOI:1, marcaje de núcleos con Hoechst y observado por microscopía de fluorescencia en microscopio EVOS fl®. Estadística: Se realizaron 3 ensayos independientes por triplicado y prueba de comparación múltiple. Aval comité bioética facultad de Salud, Universidad del Quindío. **Resultados.** Se obtuvieron 4 péptidos de inhibición denominados de PD1 a PD4. No se presentó hemólisis ni citotoxicidad (BHK-21, Huh-7) por debajo de 100 mM ni 200 mM respectivamente. Se realizaron ensayos de neutralización viral con cada péptido a 50µM; el péptido PD1 logró disminuir un logaritmo viral (p -valor:0,0001-0,00001)*. El ensayo de inhibición de formación de endosoma mostró menor cantidad de endosomas virales formados en células Huh-7 coinfectadas y tratadas con el péptido PD1*. *comparación al control de infección. **Conclusiones.** El iPPI PD1 demostró capacidad de reducir UFP/mL hasta en un 90% a 50 µM (p -valor:0,0001-0,00001) y disminución de endosomas celulares.

O-042. Epidemiological profile of COVID-19 in Sucre, Colombia.

Villamil-Gómez W, Gross R, Villarreal C, Chica P, Mercado V, Rodríguez-Morales A, Grupo de Investigación Infección y Control de Infecciones; Hospital Universitario de Sincelajo. Sincelajo. GISPEI; Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira. Hospital San Juan de Dios; Santa Cruz de la Sierra; Bolivia. CTC COVID-19 Sucre. Secretaría de Salud Departamental de Sucre. Sincelajo.
arodriguezm@utp.edu.co

Introducción. During the pandemic due to Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) the impact among territories inside the countries, such as Colombia, has been quite different. In the case of the Sucre department, this is one of the areas where disease arrived lately, probably due to the lack of an international airport and significant international travel and migration. **Materiales y métodos.** Retrospective study analyzing the main epidemiological features of the COVID-19 pandemic in Sucre department, since March to August 2020. Cumulative cases, recovered, deaths, lethality, hospitalization, ICU hospitalization, proportion of asymptomatic and symptomatic patients, severity of disease, distribution by municipalities, among other variables were analyzed. **Resultados.** During the study period 7,230 cases were confirmed by RT-PCR. Of them 60.2% (4,353) recovered, 5.44% died (393), 7.2% (519) required hospitalization, 0.2% (17) at ICU. From the total, 97.7% were symptomatic and 2.3% asymptomatic. Regarding the disease severity, 84.1% was mild, 7.9% moderate, and 0.2% severe. The highest number of cases occurred in Sincelajo (5996) for an incidence rate of 2,039.8 cases/100,000 pop., followed by Coveñas (298 cases, 1527.0 cases/100,000 pop.) and Corozal (506 cases, 714.2 cases/100,000 pop.). All the municipalities have reported cases. The highest CFR was reported in Coloso municipality (16.7%) and Ovejas (10.6%); at Sincelajo is 5.6%. **Conclusiones.** The epidemiological dynamic of COVID-19 is complex, even in lately affected departments, such as Sucre, its

impact has been significant in terms of morbidity and lethality. Comparatively with other departments in the Caribbean regions, this has the second most highest lethality, and above the national mean.

O-043. Aumento de la inmunorreactividad a parvoalbúmina en el cerebelo de ratones infectados con virus del Zika.

Santamaría G, Rengifo A, Torres O, Instituto Nacional de Salud. Bogotá.
gesantamariar@unal.edu.co

Introducción. El sistema nervioso en desarrollo es particularmente vulnerable a la infección con el virus del Zika. La parvoalbúmina (PV) es una proteína que contribuye a regular la concentración de calcio intracelular y se expresa selectivamente en algunas poblaciones neuronales (1). En este trabajo se evaluó el efecto de la infección con Zika en la expresión tisular de PV mediante inmunohistoquímica (IHQ) en el cerebelo de ratones neonatos. **Materiales y métodos.** Se inocularon ratones Balb/c de un día de nacidos, por vía intraperitoneal; un grupo con virus del Zika y otro con solución vehículo sin el virus. Diez días después se sacrificaron y se fijaron por perfusión con paraformaldehído al 4%. Se extrajeron los cerebelos y con un vibrátomo se obtuvieron cortes sagitales de 50 micrómetros de espesor. Estos se procesaron para IHQ con un anticuerpo anti-PV. Mediante programas de captura y análisis de imágenes se realizó el estudio cuantitativo de la inmunorreactividad de PV. **Resultados.** En los controles las imágenes revelaron inmunotinción de PV en las células de Purkinje y su arborización dendrítica dentro de la capa molecular del cerebelo, así como en la sustancia blanca entre las folias. En los infectados la expresión tisular de PV aumentó de manera significativa en las mismas áreas y células inmunorreactivas. **Conclusiones.** La PV parece ser susceptible a las infecciones virales quizás en respuesta a cambios en el metabolismo del calcio. Previamente se halló aumento de PV en el cerebro y el cerebelo de ratones adultos jóvenes inoculados con virus de la rabia.

O-044. Diversidad filoevolutiva y molecular de las variantes antigénicas CPV-2a y CPV-2b circulantes en Colombia.

Giraldo-Ramírez S, Rendón-Marín S, Ruiz J, Grupo de Investigación en Ciencias Animales – GRICA. Universidad cooperativa de Colombia. Medellín.
julian.ruizs@campusucc.edu.co

Introducción. El parvovirus canino (CPV-2), la principal causa de gastroenteritis hemorrágicas en perros. Se han descrito tres variantes antigénicas, CPV-2a, 2b y 2c, determinadas por variaciones del aminoácido 426 de la proteína de cápside VP2. El objetivo del estudio es determinar las características moleculares, filoevolutivas y estructurales del gen VP2 de las variantes CPV-2 circulantes en Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio de corte transversal, con recolección de 56 muestras de materia fecal de perros con signos clínicos de parvovirus, en clínicas veterinarias del Valle de Aburrá durante febrero 2018 a abril 2019. Se realizó extracción de DNA, amplificación del gen VP2 por PCR y secuenciación de muestras positivas. Se realizó un análisis de secuencias y filoevolutivo, utilizando además, secuencias reportadas en GenBank. Se realizó análisis estructural de la ubicación e implicaciones de las mutaciones halladas, por modelación computacional de VP2. **Resultados.** Se amplificó el gen VP2 en el 51,8 % de las muestras. Se identificaron las variantes CPV-2a y CPV-2b por análisis de secuencias. Las secuencias CPV-2a identificadas en el estudio poseen mutaciones aminoácidas Ala297Asn, Tyr324Ile, Ala514Ser, mientras las CPV-2b presentan Phe267Tyr, Tyr324Ile, Thr440Ala. El análisis filoevolutivo evidencia que CPV-2a pertenece al clado Suramérica-I y CPV-2b al clado Asia-I. El análisis estructural reveló que las mutaciones en estas secuencias, se encuentran en dominios de interacción virus-receptor y virus-anticuerpo. **Conclusiones.** En Colombia circulan las variantes CPV-2a y CPV-2b y tienen orígenes evolutivos diferentes. Las mutaciones halladas, pueden estar favoreciendo la interacción del virus con el receptor y/o evadir la respuesta inmune del hospedador.

O-045. Poblaciones nativas de *Aedes aegypti* y *Aedes albopictus* de los departamentos del Huila y Santander replican eficientemente el virus chikungunya: Estudios preliminares de competencia vectorial.

Herrera-Claros D, Cepeda-Olave N, Monsalve-Escudero L, Uribe A, Martínez-Gutiérrez M, Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia. Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET. Universidad de Antioquia. Medellín.
marlen.martinezg@campusucc.edu.co

Introducción. Los estudios de la interacción virus-vector con el virus chikungunya (CHIKV) en Colombia son escasos. Por tanto, se pretende determinar la capacidad replicativa de CHIKV en poblaciones vectoriales de los departamentos del Huila y Santander. **Materiales y métodos.** Se alimentaron hembras *Aedes aegypti* (cepa de campo y Rockefeller) y *Aedes albopictus*. Las alimentaciones artificiales fueron con 5x10⁵ copias genómicas de CHIKV y posteriormente se hizo disección de extremo cefálico, intestino, patas y alas. Estos tejidos fueron sometidos en algunos casos a cuantificación de genoma viral por RT-qPCR y en otros casos se inocularon sobre células Vero para luego hacer cuantificación. **Resultados.** Los títulos virales de la cepa Rockefeller fueron de 7.0 E+09 al día 7 y de 1.0 E+15 copias genómica al día 14; mientras que para la cepa de campo de *Aedes aegypti* fueron de 3.8 E+07 y 1, 1E+08 copias genómicas al día 7 y día 14, respectivamente. Por otro lado, *Aedes albopictus* al día 7 presentó 6E+04 copias genómicas y al día 14 1E+18 copias genómicas. Por otro lado, al día 14 en patas y alas el número de copias genómicas fue de 1E+07 mientras que en cabeza e intestino se detectaron 2E+18 y 3E+17 copias genómicas, respectivamente. Finalmente, las muestras de intestino inoculadas en células Vero mostraron efecto citopático y alcanzaron 3x10¹² copias genómicas/mL y extremo cefálico 2x10¹² copias genómicas/mL. **Conclusiones.** Este es el primer reporte de infección por CHIKV en colonias de campo colombianas, siendo aparentemente la infección de *Aedes albopictus* mayor que la de *Aedes aegypti*.

O-046. Interacción de proteína de espícula de SARS-CoV-2 con receptores ACE2 de especies silvestres y domésticas: aproximación *in silico*.

Rendón-Marín S, Martínez-Gutiérrez M, Jaimes J, Ruiz J, Grupo de Investigación en Ciencias Animales - GRICA; Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín. College of Veterinary Medicine; Cornell University.
julian.ruizs@campusucc.edu.co

Introducción. el virus del síndrome respiratorio agudo severo 2 (SARS-CoV-2) se convirtió en una pandemia y se ha convertido en un problema de salud pública mundial. Se ha descrito la enzima convertidora de angiotensina 2 (ACE2) como receptor para este virus. La infección natural por SARS-CoV-2 en animales domésticos y silvestres, medida mediante RT-qPCR, se ha confirmado en diferentes países, especialmente de la familia Felidae. Estudios *in silico* sugieren que los felinos salvajes y los gatos domésticos podrían ser susceptibles a SARS-CoV-2. Objetivo: determinar la interacción potencial de la proteína S con el receptor ACE2 de diferentes animales mediante docking molecular. **Materiales y métodos.** se realizó comparación de secuencias de ACE2 de diferentes animales usando MEGA X®; el ACE2 de gatos, tigres, hurones, perros y hámster se modeló por homología con la estructura 6M17 como molde; se validaron los modelos mediante herramientas computacionales; se empleó HADDOCK y HAWDOCK para el acoplamiento molecular del dominio de unión a receptores (RBD) de SARS-CoV-2 con el ACE2 de diferentes especies. **Resultados.** el ACE2 de diferentes especies difiere entre 14,2-17,2 % respecto al ACE2 humano. Los modelos obtenidos tuvieron una calidad global favorable similar a estructuras reportadas. En comparación al ACE2 humano, el receptor ACE2 de gato y tigre interactúa eficientemente con la RBD de la proteína S de SARS-CoV-2. Sin embargo, la interacción ACE2 de perro, hurón y hámster no tuvo valores de unión favorables. **Conclusiones.** Análisis *in silico* sugieren una susceptibilidad diferenciada entre las especies evaluadas comparado con estructuras cristalográficas reportadas.

O-047. Primera detección y análisis genómico del circovirus canino (CanineCV) en perros diagnosticados con Parvovirus canino (CPV-2) en Medellín, Colombia.

Giraldo-Ramírez S, Rendón-Marín S, Vargas-Bermúdez D, Jaime J, Ruiz J, Grupo de Investigación en Ciencias Animales - GRICA; Universidad Cooperativa de Colombia. Centro de Investigación en Infectología e Inmunología Veterinaria. Universidad Nacional de Colombia. Medellín.
julian.ruizs@campusucc.edu.co

Introducción. CanineCV es un virus emergente que se ha descrito alrededor del mundo. CanineCV es un virus icosaédrico y desnudo, que contiene un genoma de ADN circular cerrado covalentemente, monocatenario de 2 kb, con los ORF1 y ORF2 inversamente organizados, que codifican para las proteínas replicasa y cápside, respectivamente. CanineCV podría causar diarrea hemorrágica en perros, sin embargo, el papel de CanineCV en la enteritis canina

es incierto. **Objetivo:** confirmar por primera vez la presencia de CanineCV en perros con gastroenteritis aguda, positivos para CPV-2 y caracterizar evolutivamente las variantes genéticas que circulan en Medellín, Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó PCR convencional para detección y secuenciación del genoma completo de CanineCV. Para el análisis filogenético, se calculó el modelo de sustitución de nucleótidos y se construyeron árboles filogenéticos mediante MEGA™7.0. Los análisis filoevolucionarios se realizaron mediante BEAUti/BEASTv1.8.4 y se predijeron sitios de N-glicosilación para la cápside con NetN-Glyc1.0. Además, se analizaron sitios bajo selección mediante FUBRAR/Data-monkey2.0. **Resultados.** De 30 muestras positivas para CPV-2, el 16,6% fueron positivas para CanineCV. Análisis filogenéticos de ORF1 y ORF2 combinados confirmaron que cepas de CanineCV reportadas a nivel mundial se agrupan en cuatro genotipos distintos, además, las cepas de CanineCV suramericana tienen un origen europeo. Se encontró el sitio de N-glicosilación en N143YS. Se encontraron 4 sitios bajo selección positiva y 178 sitios bajo selección negativa. **Conclusiones.** Se confirmó por primera vez la circulación y el origen de CanineCV en Colombia, demostrando la importancia de continuar la vigilancia de los virus emergentes en las poblaciones caninas.

O-048. Dinámica de la transmisión del COVID-19 en indígenas y afrodescendientes de Colombia, 2020.

Pinto-Díaz C, Lozano-Lesmes L, Universidad del Rosario. Universidad del Tolima. Bogotá.
carlosa.pinto@urosario.edu.co

Introducción. Colombia se caracteriza por su riqueza pluriétnica y multicultural, sin embargo, los indígenas y afrodescendientes están siendo afectados por la COVID-19, en una realidad que los enfrenta a inequidades sanitarias. El objetivo fue estimar la incidencia y el número de reproducción efectivo (Rt) del COVID-19 en la población indígena y afrocolombiana durante 2020. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de los casos de COVID-19 en Colombia durante 2020 (resultados preliminares: 14/08/2020). La incidencia se calculó a partir de la población étnica registrada en el Censo Nacional de Población y Vivienda del 2018. El análisis estadístico se realizó con SPSS® versión 25 y el número de reproducción efectivo (Rt) se estimó con EpiEstim. **Resultados.** La incidencia de COVID-19 en indígenas y afrodescendientes fue de 339,94 y 581,27 casos por 100.000 habitantes, con un Rt de 1,04 y 1,89 respectivamente. La transmisión en indígenas estuvo determinada por el sexo femenino (Rt=1,10), los menores de 14 años (Rt=1,07) y pueblos de la región Caribe (Rt=1,07). Mientras que, la infección entre los afros estuvo afectada por las mujeres (Rt=1,95), los casos entre 15 y 64 años (Rt=1,91) y comunidades de la región Central (Rt=2,30). El riesgo de fallecer fue 2 veces mayor entre los afrocolombianos que en indígenas. **Conclusiones.** La pandemia por COVID-19 representa un riesgo para la salud de los grupos étnicos, el acceso a los servicios de salud y la capacidad sanitaria en Colombia es limitada, lo que representa un desafío para la atención y aplicación de políticas públicas con equidad en esta población.

INFECTOLOGÍA ADULTOS

O-049. Asociación de los genes de virulencia iutA, ireA y cvaC de *Escherichia coli* con la presentación clínica de infecciones urinarias adquiridas en la comunidad.

Fonseca S, Criado L, Martínez R, Universidad Industrial de Santander. Universidad de Santander. Bucaramanga.
sofia.fonseca@correo.uis.edu.co

Introducción. Las infecciones del tracto urinario (ITU) se presentan como bacteriuria asintomática, cistitis o pielonefritis y son causadas principalmente por *Escherichia coli* uropatógena (ECUP). El objetivo fue determinar la relación de la presencia de los genes de virulencia iutA, ireA y cvaC de ECUP con la presentación clínica de la ITU adquirida en la comunidad en adultos. **Materiales y métodos.** Estudio de casos y controles, retrospectivo que incluyó sujetos de 18 o más años con sospecha clínica de ITU y aislamiento de *Escherichia coli* (≥ 100.000 UFC/ml) que consultaron a dos instituciones de salud de Bucaramanga, Santander, Colombia. Se excluyeron embarazadas, infección polimicrobiana, VIH, cáncer, tratamiento inmunosupresor, uso de sonda vesical 7 días antes u hospitalizados 72 horas antes del inicio de síntomas. Los casos fueron pacientes con urosepsis o ITU alta y los controles pacientes con ITU baja. Se realizó PCR de punto final para confirmar por el gen uidA la identidad de *E. coli*

y para detectar iutA, ireA y cvaC. Se realizó análisis de regresión logística ajustada por sexo. **Resultados.** Se analizaron 38 casos y 114 controles. El gen más frecuente fue iutA (casos 42,1% vs controles 48,3%), seguido de ireA (18,4% vs 17,5%) y cvaC (10,5% vs 13,2%). iutA: ORa 0,78 (IC95%:0,37–1,66; p=0,52), ireA: ORa 0,92 (IC95%:0,35–2,47; p=0,88), cvaC: ORa 0,74 (IC95%:0,22–2,44; p=0,62). Ser hombre se asoció con mayor posibilidad de tener una ITU alta/urosepsis (OR 2,91 IC95%:1,10–77,69). **Conclusiones.** En nuestra población ninguno de los tres genes evaluados se asoció a casos de ITU alta.

O-050. Caracterización de la infección en el primer año post-trasplante cardíaco en un centro en Colombia.

Trujillo D, Ruiz L, García C, Quintero A, Jaramillo A, Cardona A, Roncancio G, Universidad Pontificia Bolivariana. Clínica Cardio VID. Medellín.
roncancio@gmail.com

Introducción. La frecuencia e impacto de la infección en trasplante cardíaco (TC) en Latinoamérica, así como su etiología no está bien estudiada. Este trabajo pretende caracterizar las infecciones en el primer año post-TC en un programa en Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, analítico, retrospectivo en adultos trasplantados de corazón en un centro colombiano entre 2012 y 2016. Se excluyeron los casos con mortalidad en primeras 48 horas post-TC y los trasplantes multiórgano. Análisis con SPSS. **Resultados.** Se incluyeron 120 pacientes, 53 presentó infección el primer año (44,2%) con 85 eventos de infección. La mayoría de los pacientes tuvo diagnóstico etiológico (91,9%, 87,9%, y 88,3% en los meses 1, 2 a 6, y 7 a 12, respectivamente). 20%, 18,3%, 3,3% y 0,8%, tuvieron infección viral, bacteriana, fúngica y parasitaria, respectivamente. Citomegalovirus fue el microorganismo más frecuente, aunque para el mes 1 hubo más casos de infección bacteriana. La densidad de incidencia fue 2,3 infecciones/1000 días-trasplante (10,3, 1,9, y 0,8, para los meses 1, 2 a 6, y 7 a 12, respectivamente). El porcentaje de pacientes que sufrió infección fue 20,8%, 25% y 12,5%, para esos mismos periodos. Hubo 24 infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS) en 16 pacientes (prevalencia 12,78%). Durante el primer año falleció 19,1% de los pacientes, 5% por infección y 14,1% por rechazo. No se encontraron factores de riesgo específicos para infección. **Conclusiones.** La infección por CMV y las IAAS merecen atención especial en los programas de trasplante cardíaco. El rechazo es más frecuente que infección como causa de muerte.

O-051. Verificación de método de Antígenos de SARS-CoV-2 en muestras de aspirados nasofaríngeos.

Betancur I, Maya M, LDSP. Hospital Universitario San Vicente Fundación. Medellín
mangelicamaya@gmail.com

Introducción. La reciente aparición de pruebas de antígeno para SARS-CoV-2 ha suscitado cuestionamientos sobre si es posible utilizar muestras respiratorias diferentes al hisopado y el tiempo entre la toma y la aplicación de la prueba. **Materiales y métodos.** Muestras tomadas que habían sido guardadas en el laboratorio a menos 70 grados, se descongelaron. Se mezcló en proporción 1:1 con buffer de la prueba de antígeno BIOSENSOR. Tres gotas de la mezcla fueron aplicadas en el pozo de prueba y se realizó lectura a los 30 minutos. Se comparó el resultado de RT-PCR que se realizó a la muestra fresca con el resultado de la prueba de antígeno. **Resultados.** Se incluyeron 15 muestras positivas por RT-PCR y 10 negativas. Se tomaron 14 por aspirado nasofaríngeo y 11 por hisopado, entre 39 a 92 días antes de la fecha del experimento. En las positivas por RT-PCR, 10 fueron positivos, 4 negativos y 1 invalida por antígeno; la concordancia en los negativos fue del 100%. Se determinó especificidad 100%, sensibilidad 71%, índice kappa 0,83. En las muestras discordantes el Ct fue mayor a 32. **Conclusiones.** Aspirados nasofaríngeos podrían ser procesados con prueba rápida de antígenos. La muestra en cadena de frío podría dar un tiempo más largo al descrito para ser procesada por antígeno. La discordancia entre antígeno y RT-PCR se correlacionó con Ct altos, lo que demuestra la importancia de hacer RT-PCR en sujetos con prueba de antígeno negativo.

O-052. Modelaciones matemáticas de COVID-19 en Medellín. Lecciones aprendidas en países de bajos y medianos ingresos económicos.

Hincapié R, Muñoz D, Lotero L, Lopera V, López A, López N, Bedoya L, Almanza R, Salazar M, Morales O, Mena R, Uribe A, Marín D, López L, Cuesta D, Keynan Y, Moghadas S, Soriano-Paños D, Cota W, Gómez-

Gardeñes J, Rueda Z, Facultad de Medicina. Escuela de Ingenierías; Universidad Pontificia Bolivariana. Secretaría de Salud, Secretaría de Tecnología y Gestión de la Información. Alcaldía de Medellín. Medellín. Department of Medical Microbiology and Infectious Diseases; NCCID; University of Manitoba; Winnipeg. University of York; Toronto; Canada. GOTHAM Lab – Institute for Biocomputation and Physics of Complex Systems (BIFI); University of Zaragoza. zulmaruedav@gmail.com

Introducción. Comprender la dinámica de la enfermedad es necesario en una pandemia. El objetivo del estudio fue evaluar el comportamiento de la COVID-19 en Medellín usando modelaciones matemáticas. **Materiales y métodos.** Se utilizaron tres modelos: dinámico de transmisión, espacio-temporal basado en metapoblaciones y basado en agentes. Se hicieron calibraciones semanales entre el 3/abril al 27/julio de 2020 y reuniones periódicas con las autoridades de salud para incorporar los cambios en la movilidad según las medidas gubernamentales. Se crearon nuevos compartimientos y se actualizaron los parámetros biológicos basados en la literatura en tres momentos, el 13 de abril, el 4 de mayo y el 15 de julio de 2020. **Resultados.** En la medida que se incorporaron más parámetros y compartimientos, el modelo basado en agentes predijo mejor el comportamiento de la COVID-19. La calibración semanal de los modelos permitió incluir el efecto de las medidas decretadas. La incorporación de compartimientos claves como 'asintomáticos', 'período de infecciosidad' y la transición entre estados leve, moderado y grave; y la actualización de los parámetros basados en nuevos hallazgos científicos y el comportamiento real de casos, permitió ajustar los modelos para tener un mejor acercamiento a la realidad y, por tanto, mejores predicciones. Para el 27 de julio se proyectaron a partir del modelo 12,925 casos y ese día Medellín tuvo 13,499. **Conclusiones.** los modelos matemáticos son útiles para apoyar y orientar la toma de decisiones en salud pública, su condición dinámica requiere retroalimentación y ajuste permanente basado en información científica actualizada y en el comportamiento local de los casos diagnosticados.

O-053. Pneumococcal Burden in Hospitalized Adults in Bogotá, Colombia.

Narváez P, López-Ospino S, Ramírez P, Serrano C, Gómez S, Alarcón J, Bastidas A, Vargas H, Gómez S, Reyes L, Universidad de La Sabana. Secretaria de salud Bogotá. Bogotá. paulanara@unisabana.edu.co

Introducción. The incidence of invasive pneumococcal disease (IPD) depends on numerous factors, including vaccine uptake, geographic location, and serotype prevalence. There are limited data about the burden of *Streptococcus pneumoniae* (Spn), serotype distribution, and clinical characteristics of adults hospitalized due to IPD in Colombia. Thus, this study will attempt to bridge this gap in the literature. **Materiales y métodos.** This is an observational, retrospective, a citywide study conducted between 2012 and 2019 in Bogotá, Colombia. We analyzed reported positive cases of IPD from 55 hospitals in a governmental pneumococcal surveillance program. Importantly, Bogotá is the biggest city in Colombia, and it is representative of the Colombian population. Pneumococcal strains were isolated in each hospital and typed in a centralized laboratory. The objectives of this study included assessment of Spn serotype distribution, clinical diagnosis, mortality, ICU admission, and the need for mechanical ventilation. **Resultados.** A total of 310 patients with IPD were included, 45.5% were female. The leading cause of IPD was pneumonia (60%, 186/310), followed by meningitis. The most prevalent isolated serotypes were 19A (13.87%, 43/310) and 3 (11.94%, 37/310). The overall hospital mortality rate was 30.3% (94/310). Moreover, 52.6% (163/310) were admitted to the ICU, 45.5% (141/310) required invasive mechanical ventilation and 5.1% (16/310) non-invasive mechanical ventilation. **Conclusiones.** Pneumococcal pneumonia is the most prevalent cause of IPD. Serotypes 19A and 3 are the leading cause of IPD in Colombian adults. Mortality due to IPD in adults continues to be very high.

O-054. Factores de riesgo asociados a mortalidad en pacientes con infección por SARS-CoV-2 en un hospital colombiano.

Pallares C, Oñate J, Villegas M, Venté E, Cobo S, Ruiz J, Morales V, Ramos A, Montoya D, Centro Médico Imbanaco de Cali. Cali. Universidad El Bosque. Bogotá. christian.pallares@imbanaco.com.co

Introducción. La pandemia SARS-CoV-2 es un desafío. El reconocimiento temprano de factores de riesgo para muerte sería útil para definir manejo. El

objetivo del estudio fue determinar los factores de riesgo asociados a mortalidad en pacientes con infección por SARS-CoV-2. **Materiales y métodos.** Estudio prospectivo de cohortes. Se incluyeron pacientes entre marzo-julio 2020. Se hizo diagnóstico de SARS-CoV-2 con RT-PCR. Se excluyeron <0,05 fueron significativos. **Resultados.** Se detectaron 225 pacientes. Tos (62%), fiebre (61%), disnea (52%), astenia (29%), diarrea (17%) y rinorrea (10%) fueron síntomas frecuentes. Mediana edad 58a (18-88), 57% hombres. Linfopenia (78%) y aumento del dímero-D (84%), ferritina(83%) y LDH(76%) fueron los hallazgos al ingreso más frecuentes. 46% requirieron UCI (estancia-promedio 11 días). Mortalidad 19%. El requerimiento de ventilación mecánica invasiva (OR=20,2; IC95%=7,8-52,6), edad >60 años (OR=3,4; IC95%=1,4-8,5) y diabetes mellitus (OR=2,9; IC95%=1,1-8,0) fueron factores de riesgo independientes para mortalidad. **Conclusiones.** Nuestros hallazgos, similares a los reportados en otros países, indican que edad, diabetes y requerimiento de ventilación mecánica invasiva son predictores independientes de mortalidad en pacientes con SARS-CoV-2.

O-055. An automated predictive score to identify critical patients with risk factors for multidrug-resistant pathogens infections of the extended-spectrum β -lactamase phenotype.

Ibañez E, Guerra N, Bastidas A, Bustos I, Josa D, Reyes L, Universidad de La Sabana. Chia. elsaibpr@unisabana.edu.co

Introducción. Infections due to multidrug-resistant pathogens (MDRP), specially Extended-Spectrum β -Lactamase (ESBL), represent a problem in intensive care units (ICU). By 2050, the cost associated to antibiotic resistance is estimated to be 3.8% of the world's annual Gross Domestic Product. The mortality rate increases by up to 33000 deaths per year. Currently, the documented risk factors for MDRP-ESBL infections are debated and not specific for ICU patients. Therefore, the objective of this study is to develop a score to predict MDRP-ESBL infections in ICU admitted patients. **Materiales y métodos.** This was a retrospective observational cohort study, conducted in a third level hospital in Chia, Colombia; between 2014-2019. All patients over 18 years old admitted to the ICU with at least one culture confirmation were included. A bivariate and multivariate analysis were performed to identify independent predictors of infection. Also, two neural network analyses (ANN) were conducted to define a prediction model which identifies and estimates the risk of an MDRP-ESBL infection since hospital admission. **Resultados.** A total of 1600 microbiological isolations were identified, corresponding to 581 patients admitted to the ICU, of which, 565 were included. Highlighted variables: age > 70 years old (OR 1.306 IC 95%: 1.073-2.781; p=0.049), tobacco use (OR 5.14, IC 95%: 1.190-22.263; p=0.028), and diabetes mellitus (OR 52.853, IC 95% 1.477-189.46; p=0.03). The ANN model as predictive tool provides a forecasting value (ACOR 0.903, IC 95%: 0.848-0.958; p<0.001). **Conclusiones.** Both models proved value as forecast tools for ESBL infections.

RESISTENCIA BACTERIANA

O-057. Cambios transcriptómicos asociados al fenotipo de resistencia intermedia heterogénea a vancomicina (hVISA) en *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (SARM) causantes de infecciones en Latinoamérica.

Castro B, Ortega-Recalde O, Ríos R, Hernández A, Carvajal L, Solano S, Hanson B, Dihl A, Seas C, Munita J, Arias C, Rincon S, Reyes J, Diaz L, Unidad de Genética Molecular y Resistencia Antimicrobiana; Universidad El Bosque. Bogotá. Center for Antimicrobial Resistance and Microbial Genomics; UThHealth McGovern School of Medicine. Instituto de Medicina Tropical Alexander Von Humboldt. Universidad Peruana Cayetano Heredia. Millennium Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance. Clínica Alemana de Santiago. castrobetsy@unbosque.edu.co

Introducción. La resistencia intermedia a la vancomicina se ha asociado a múltiples alteraciones genéticas en sistemas reguladores globales y en síntesis de envoltura celular principalmente. Sin embargo, el mecanismo molecular no es claro ni se presenta de forma consistente en las cepas reportadas. Con el fin de comprender este fenotipo, buscamos determinar alteraciones transcriptómicas potencialmente asociadas al fenotipo hVISA. **Materiales y métodos.** Empleando la técnica RNA-Seq, se determinó el perfil transcriptómico de cuatro cepas hVISA causantes de bacteremia (de Argentina, Chile, Colombia y Ecuador), cuatro susceptibles a vancomicina genéticamente relacionadas y

las cepas Mu3 (hVISA) y N315 (VSSA) como referencia. Los genes diferencialmente expresados (GDE) se identificaron empleando DESeq2, al comparar los pares hVISA/VSSA y los niveles de expresión respecto a N315. **Resultados.** En la comparación pareada se identificaron 122 GDE para los aislamientos ST5, 645 para los ST8 y 151 para los ST1342. No se observaron GDE en común para todos los hVISA en ninguno análisis. Sin embargo, al restringir a aislamientos ST5, se identificaron 21 y 15 GDE en el análisis pareado y con N315, respectivamente. Algunos GDE actúan en biosíntesis de pared (glvC y cidA), sistemas reguladores (agrD) y virulencia; sistema de secreción tipo-VII (T7SS) (eseD) y cápsula (capE). **Conclusiones.** Las diferencias transcriptómicas en hVISA sugieren que la evolución de la susceptibilidad disminuida a vancomicina no es conservada entre linajes. Sin embargo, las cepas ST5 de Sur América muestran cambios comunes en vías de envoltura celular y T7SS, este último sin previa asociación al fenotipo VISA/hVISA. Colciencias:COL130874455850, Universidad El Bosque:PCI:9510-2017.

O-058. Mecanismos genéticos en aislamientos de *Pseudomonas aeruginosa* portadores del gen blaKPC en 4 hospitales de Bogotá.

Bravo J, Abril D, Madroño J, Leal A, Saavedra C, Escobar J, Universidad del Bosque - Laboratorio Genética Molecular Bacteriana. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá. jbravoojeda@gmail.com

Introducción. KPC es la carbapenemasa más frecuentemente hallada en *Klebsiella pneumoniae*. Sin embargo, en Colombia, se detectó por primera vez en aislamientos de *Pseudomonas aeruginosa*. El objetivo del estudio fue determinar la diversidad genética de aislamientos de *P. aeruginosa* en hospitales de Bogotá. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo de tipo corte transversal en adultos atendidos en cuatro instituciones de tercer nivel en Bogotá. La relación genética fue determinada por PFGE y el genoma completo de dos aislamientos fue establecido por PacBio. **Resultados.** 23 aislamientos de *P. aeruginosa* resistentes a carbapenémicos y portadores del gen blaKPC fueron identificados. De estos, 19(83%) tenían la variante blaKPC-2; y 2 blaKPC-3; en 3(12%) fue detectado el gen blaVIM. El análisis PFGE reveló 12 pulsotipos distribuidos en 8 clones diferentes. El clon 1 fue el más frecuente en las 4 instituciones, sugiriendo amplia diseminación. Los dos aislamientos secuenciados pertenecieron a ST111 y ST235 (clones pandémicos), portadores de gen blaKPC delocalización cromosomal y plasmídica, respectivamente. Se documentan dos nuevas plataformas de movilización del gen blaKPC relacionadas con transposón Tn3 y secuencia de inserción ISPae38. Por primera vez se detecta la movilización y adquisición del gen blaKPC-3 de localización cromosomal en *P. aeruginosa* a nivel mundial. **Conclusiones.** *Pseudomonas aeruginosa* ha adquirido, mantenido y asimilado la carbapenemasa KPC. Se desconoce el comportamiento enzimático en este patógeno, así como implicaciones clínicas y comportamiento a nuevos agentes anti-infecciosos, constituyendo un nuevo desafío por impacto en diagnóstico molecular de resistencia, manifestaciones, pronóstico y tratamiento.

O-059. Caracterización genómica de elementos genéticos de resistencia a antibióticos en *Salmonella* spp. Colombia 2013 – 2017.

Arévalo S, Rodríguez E, Valencia M, Wiesner M, Beltrán O, Mintiño L, Bernal J, Díaz P, Moreno J, Argimon S, Underwood A, Duarte C, Donado-godoy P, Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria. Instituto Nacional de Salud. Bogotá. Center for Genomic Pathogen Surveillance Wellcome Genome Campus. aarevalo@agrosavia.co.

Introducción. La resistencia de *Salmonella* a los antibióticos de primera línea en el tratamiento de infecciones invasivas, en un problema emergente de salud pública. En este estudio, enmarcado en el proyecto "Global Health Research Unit-GHRU for Antimicrobial Resistance Surveillance" desarrollado entre The Centre For Genomic Pathogen Surveillance (CGPS) Wellcome-Trust-Sanger Institute - Corporación colombiana de investigación agropecuaria (AGROSAVIA) - Instituto Nacional de Salud (INS), se caracterizaron aislamientos clínicos de *Salmonella* con el fin de identificar los elementos genéticos responsables de la resistencia a los antibióticos. **Materiales y métodos.** Se secuenciaron los genomas completos de 143 aislamientos de *Salmonella* spp. resistentes o con susceptibilidad disminuida a CIP, recuperados entre 2013 y 2017 en el programa de vigilancia de enfermedad diarreica aguda-EDA del Grupo de Microbiología del INS. Se realizó secuenciación genomas completo a gran escala empleando el equipo HiSeq-X10®Illumina en lecturas pareadas

de 2 x 151. Las secuencias se recortaron, ensamblaron y analizaron usando pipelines estandarizados por GHRU. **Resultados.** Se identificaron genes de resistencia a quinolonas qnrBR (n=73;51%), mutaciones puntuales en los genes gyrA (n=22;15%, gyrA.D87N y gyrA.S83F) asociadas con susceptibilidad disminuida a ciprofloxacina, así como, genes de resistencia a aminoglucósidos (aac3II, aadA2, aph3Ib, aph6Id), fenicoles (floR), tetraciclinas (tetA) y beta-lactamasas tipo blaTEM (n=56;39%), ESBL/AmpC (blaCTX, n=4;3% y blaCMY, n=2;1%). **Conclusiones.** Se evidenció la presencia de genes de resistencia a múltiples familias de antibióticos en un solo análisis, demostrando la utilidad de la secuenciación de genoma completo para una predicción rápida de fenotipos resistentes.

O-060. Diversidad genética de aislamientos de *Neisseria gonorrhoeae* multiresistentes en Colombia, 2013-2017.

Sanabria O, Bernal J, Moreno J, Gamba J, Bautista A, Valencia M, Torres Y, Arévalo S, Argimón S, Abrudan M, Underwood A, Medina V, Donado M, Duarte C, Instituto Nacional de Salud. AGROSAVIA. Bogotá. Centre for Genomic Pathogen Surveillance; Wellcome Genome Campus; Hinxton; UK. abautistac@ins.gov.co

Introducción. Las infecciones de transmisión sexual causadas por *Neisseria gonorrhoeae* multiresistente son consideradas un problema de salud pública. El objetivo de este estudio es describir la diversidad genética de aislamientos de *N. gonorrhoeae* multiresistentes. **Materiales y métodos.** Se seleccionaron 208 aislamientos de 12 departamentos de Colombia recuperados entre 2013-2017 a través de la Vigilancia Nacional por Laboratorio del Instituto Nacional de Salud (INS) como parte de la cooperación entre The Centre-For-Genomic-Pathogen-Surveillance (CGPS) del Wellcome-Trust-Sanger Institute-AGROSAVIA (Corporación colombiana de investigación agropecuaria)-INS. Se realizó la secuenciación de genoma completo, en la plataforma Illumina HiSeq-X10 y los datos crudos se analizaron usando las bases de datos de NCBI, Resfinder, pubMLST (Multi-locus sequence typing), NG-MAST (*N. gonorrhoeae* Multi-Antigen-Sequence-Typing) y NG-STAR (*N. gonorrhoeae* Sequence-Typing-for-Antimicrobial-Resistance). **Resultados.** Se encontró resistencia a penicilina, tetraciclina y ciprofloxacina en un 99%, 95,2% y 100%, respectivamente. El 69,2% de los aislamientos fueron productores de betalactamasa, y se determinó la presencia de los siguientes marcadores de resistencia: blaTEM-1(n=84), y blaTEM-135(n=51), mutaciones en los genes PBP2, gyrA (D95G; n=66), gyrA (S91F; n=205), parC (E91G; n=35), parC(E91K; n=62) y mtrR(G45D;n=4). Se identificaron 26 perfiles de MLST-ST, 38 de NG-MAST y 68 de NG-STAR siendo los más frecuentes MLST-ST: 1588 (n=91; presentes en 8 departamentos), 8.143 (n=36); NG-MAST: 5.624 (n=27) y 8.063 (n=15) y NG-STAR: 271 (n=26), 426 (n=25), y 567 (n=25). **Conclusiones.** Se observa una alta diversidad genética y se infiere resistencia a los antimicrobianos de última línea de tratamiento, destacando la necesidad de generar planes de acción nacionales enfocados a estrategias de vigilancia, prevención y control.

O-061. *Streptococcus pneumoniae*: serotipos y resistencia Bogotá 2017-2019.

Maldonado L, Moreno V, Gómez S, Maldonado L, Laboratorio Salud Pública Bogotá. Bogotá. ljmalonado@saludcapital.gov.co

Introducción. *S. pneumoniae* (Sp) está asociado a neumonías y meningitis bacteriana, aumentó su resistencia a antibióticos (cefalosporinas, macrólidos y fluoroquinolonas). El objetivo del estudio fue revisar el nivel de resistencia, asociación con serotipos y determinación clonal del serotipo predominante en aislamientos del Laboratorio de Salud Pública de Bogotá (LSP). **Materiales y métodos.** Se realizó análisis descriptivo retrospectivo de resistencia antimicrobiana y serotipos de 625 Sp asociados a enfermedad invasiva recibidos en el LSP Bogotá entre el 2017 al 2019. Y análisis de relación clonal del serotipo predominante mediante genome sequencing with Illumina platform y MLST *in silico*. **Resultados.** De los 625 aislamientos recibidos en el 2017,2018 y 2019 el serotipo 19A fue el más predominante con el 22, 26 y 28% respectivamente, seguido del serotipo 3 con 11, 8,3 y 10,8%. En resistencia antimicrobiana el 19A presenta 80,8% de resistencia a penicilina, cefalosporinas macrólidos y fluoroquinolonas, el 60% de Sp19A fueron ST 320. **Conclusiones.** De los serotipos analizados sobresale el Sp 19A relacionado al ST320 y asociado con multidrogo resistencia.

O-062. Costo económico de las bacteriemias causadas por enterobacterias resistentes a carbapenémicos en una institución de Bogotá.

Beltrán L, Leal A, Alvis N, Porras A, Daza J, Martínez L, Universidad Nacional de Colombia. Instituto Nacional de Salud. Universidad del Bosque. Hospital Universitario Mayor Mederi - Universidad del Rosario. Bogotá.
lmbeltrant@unal.edu.co

Introducción. Las infecciones por enterobacterias multiresistentes se relacionan con peores desenlaces clínicos, lo que aumenta los costos de atención médica y son un desafío para la salud pública mundial. Por ello, se estimaron los costos directos médicos de la atención y factores asociados a su variación en pacientes con bacteriemias causadas por enterobacterias resistentes y sensibles a carbapenémicos. **Materiales y métodos.** Estudio de análisis de costos de la enfermedad, bajo perspectiva de tercer pagador y técnica de microcosteo en una institución de cuarto nivel en Bogotá. Se utilizó un diseño de casos y controles, de naturaleza retrospectiva para identificar factores asociados a variación de costos. Se incluyeron pacientes mayores de 18 años que ingresaron entre enero de 2015 a diciembre de 2017 y fueron diagnosticados con bacteriemias por enterobacterias. Los casos son pacientes con bacteriemias por enterobacterias resistentes a carbapenémicos y los controles con perfil de sensibilidad. **Resultados.** Se incluyeron 657 pacientes, de los cuales 193 son casos y 464 controles. El costo directo médico total es de \$6.277.106 (RIQ \$3.431.499 - \$11.612.237), del grupo caso \$11.410.406 (RIQ \$6.277.106-\$18.442.710) y grupo control \$5.185.928 (RIQ \$2.936.060-\$8.936.953). Las variables asociadas a mayor costo son perfil de resistencia (OR: 2,8; IC 1.12-7), sexo masculino (OR: 1,6; IC 1.01-2.52), remitidos (OR: 2,66; IC 1.50-4.70), requerimiento de UCI (OR: 5,37; IC 2.05-14.07), APACHE 10 a 14 (OR: 4,13; IC 1.16-14.6), APACHE 15 a 19 (OR: 4,54; IC 1.29-15.93), ventilación mecánica (OR: 2,62; IC 1.13-6.05). **Conclusiones.** El costo médico directo de las bacteriemias por enterobacterias resistentes a carbapenémicos es 45,4% más costoso frente a las bacteriemias sensibles.

O-063. The modified carbapenem inactivation method (MCIM): highly sensitive and specific low-cost tool to assess carbapenemase-producing and non-producing in gram-negative bacilli.

Gallego M, Jiménez J, Universidad de Antioquia. Medellín.
marlon.gallego251@gmail.com

Introducción. Carbapenemase-producing gram-negative bacilli is a worldwide problem, which represent a health concern, because most of its resistance mechanisms are encoded by plasmids, therefore easily transmissible in hospital settings. Many methods have been proposed to detect such resistance but screening is still challenging, recently the modified carbapenem inactivation method has shown promising results, however more studies need to be performed. Hence, this study aimed to evaluate the performance of the mCIM in carbapenem-resistant Enterobacteriaceae and non-fermenters isolates. **Materiales y métodos.** From a microbial collection with molecular characterization of carbapenemase genes previously conducted, 100 gram-negative bacilli isolates were selected. fifty-two non-carbapenemase producing and 48 carbapenemase-producing isolates. The mCIM was performed according to the CLSI guidelines, and to assess the validity of the method sensitivity and specificity were calculated. **Resultados.** The sensitivity of the mCIM observed in this study was 96% (46/48) and the specificity was 96,2% (50/52). Most of the gram-negative bacilli carrying a carbapenemase gene were mCIM-positive, moreover, in carbapenem-resistant isolates that do not produce a carbapenemase (Enterobacteriaceae and non-fermenters) the mCIM results were negatives. **Conclusiones.** Overall the mCIM provides a low-cost alternative for the screening of carbapenemase-producing gram negative bacilli. Our findings highlight that mCIM is an excellent method to assess carbapenemase-producing in non-fermenters and those with false-positive MHT results, especially in Enterobacter cloacae; or in non-carbapenemase producing isolates.

O-064. Vigilancia genómica de *Klebsiella pneumoniae* resistentes a carbapenémicos aisladas en Colombia entre 2013 y 2017.

Saavedra S, Bernal J, Montilla E, Arévalo S, Prada D, Valencia M, Moreno J, Hidalgo A, Argimon S, Underwood A, Abrudan M, Donado M, Duarte C, Instituto Nacional de Salud. AGROSAVIA. Bogotá. Sanger Institute.
sysaavedrar@gmail.com

Introducción. *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos (KpRC), es un problema emergente. Este estudio, describe la diversidad genética de KpRC recibidas entre 2013 y 2017, en la Vigilancia Nacional de Resistencia Antimicrobiana por Laboratorio de Infecciones Asociadas a la Atención en Salud del Instituto Nacional de Salud (INS), como parte del proyecto internacional "Global Health Research Unit (GHRU) for Antimicrobial resistance surveillance" del Instituto Sanger, desarrollado entre AGROSAVIA -INS y Sanger. **Materiales y métodos.** En este periodo se recibieron 811 aislamientos para detección fenotípica y genética de carbapenemasas. Se seleccionaron 425 aislamientos de KpRC para secuenciación de alto rendimiento HiSeq-X10® Illumina en Sanger. Usando el pipeline desarrollado por GHRU-Sanger se realizó ensamblaje, anotación, calidad y se determinó genes de resistencia, virulencia y tipificación genómica. **Resultados.** El mecanismo de resistencia más identificado fue producción de carbapenemasas (n=389; 91,5%) principalmente KPC (n=294), variantes KPC-3 (n=168) y KPC-2 (n=126), seguido de NDM (n=63), VIM (n=20) y co-producciones KPC+NDM (n=11) y KPC+VIM (n=1). Los aislamientos se agruparon en 79 STs, siendo los más frecuentes ST258 (25,1%), ST11 (n=14,3%), ST512 (5,4%) y ST152 (5,4%). De los 425 aislamientos, 208 se agruparon en siete STs clasificados como Grupo Clonal (GC) 258 y los 217 restantes como no-GC258 distribuidos en 40 GC y nueve singletons. Los aislamientos KPC-2 presentaron mayor diversidad, 88,9% fueron no-GC258 (ID=0,96), mientras los KPC-3 en su mayoría fueron GC258 (ID=0,5). **Conclusiones.** La diversidad de clones observados en KpRC, sugeriría que la diseminación de carbapenemasas en Colombia se atribuye a transferencia horizontal y circulación exitosa del GC258. Institute for Health Research-UK (16/136/111).

INFECCIÓN POR VIH/SIDA

O-065. Descripción de la tamización con citología anal en hombres con VIH en una cohorte de un hospital universitario de Bogotá, Colombia.

Ordóñez-Blanco I, Martínez-Vernaza S, Blair K, Quiroga C, Lowenstein E, Lombana L, Clark J, Lake J, Valderrama-Beltrán S, Hospital Universitario San Ignacio. Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá. David Geffen School of Medicine University of California. Los Angeles. McGovern Medical School; The University of Texas Health Sciences Center at Houston.
smvernaza@husi.org.co

Introducción. En los hombres que tienen sexo con hombres (HSH) el riesgo de carcinoma anal es mayor. Este estudio presenta los resultados de la tamización para cáncer anal en HSH con VIH en Bogotá. **Materiales y métodos.** Se condujo un estudio retrospectivo de corte transversal. Se incluyeron HSH mayores de 18 años con infección por VIH tamizados con citología anal entre enero 2019 y febrero 2020. Se realizaron análisis bivariado y multivariado, con regresión logística para evaluar los factores asociados a presentar una citología anormal. **Resultados.** Se incluyeron 212 HSH. La media de edad fue de 35,6 años. 63 pacientes (29,7%) tuvieron citología anal anormal: ASC-US (n=21, 9,9%), LSIL (n=38, 17,9%), y HSIL (n=4, 1,4%). Haber tenido por lo menos una infección de transmisión sexual (ITS) en los 12 meses previos a la realización de la citología fue mayor en el grupo con citología anormal (58,7% vs. 36,2%, p=0,003). Los pacientes con un resultado anormal tuvieron un conteo de CD4 más bajo (380,6 vs. 445,1, p=0,027) y en mayor frecuencia carga viral detectable (49,2% vs. 30,9%, p=0,011). Haber tenido >1 ITS y carga viral de VIH mayor a 50 copias/ml se relacionó con presentar una citología anormal (aOR 2.22, IC95% 1.20-4.11, p=0.011 y aOR=1.77, IC95% 0.94-3.33, p=0.076, respectivamente). **Conclusiones.** Un tercio de nuestra población tuvo anomalías en la citología anal. Es importante plantear estrategias para prevenir las ITS, así como fortalecer medidas para lograr el control virológico. Por último, es crucial conocer las implicaciones pronósticas y seguimiento que debe realizarse a los pacientes con VIH y citología anormal.

O-066. Descripción de la respuesta virológica sostenida en pacientes con infección por Virus de Hepatitis C tratados con antivirales de acción directa en una cohorte en Colombia.

Gualtero-Trujillo S, Martínez-Vernaza S, Vergara H, De La Hoz A, Barahona-Correa J, Rumbo J, Ortiz J, Suárez Y, Valderrama-Beltrán S, Hospital Universitario San Ignacio. Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá.
smvernaza@husi.org.co

Introducción. Los antivirales de acción directa (AAD) han mostrado una efectividad del 95 al 100% en el tratamiento de la infección crónica por el Virus de la Hepatitis C (VHC). Se desconoce si la coinfección por VIH o genotipos

distintos al 1 podrían modificar la respuesta virológica sostenida. **Materiales y métodos.** Este estudio de corte transversal analítico incluyó pacientes con infección por VHC tratados en Hospital Universitario San Ignacio entre agosto de 2017 y diciembre de 2019. Se obtuvieron los datos de las historias clínicas mediante formulario electrónico (REDCap). Se realizó análisis descriptivo y analítico bivariado comparando las características demográficas, clínicas y desenlaces de los grupos de mono infección por VHC y coinfección con VIH. **Resultados.** Fueron incluidos 233 pacientes de los cuales 56,2% eran hombres, la mediana de edad fue 54 años (RIQ: 35-65). El genotipo más frecuente fue el 1b (n=111,46.7%) seguido del 4 (n=77, 33%). El 91.4% de los pacientes lograron la respuesta virológica sostenida y 6.4% se reinfectaron. La respuesta virológica sostenida fue mayor en el grupo de mono infectados (n=139, 93.9%) comparado con los coinfectados (n=72, 84.7%) p=0,004. La reinfección en el grupo de coinfectados fue mayor (n=14, 16,5% vs n=1, 0,7%) P<0,001. **Conclusiones.** En la población estudiada la respuesta virológica sostenida global fue similar a lo descrito en la literatura. Encontramos una diferencia significativa en la respuesta virológica y la tasa de reinfección entre grupos de coinfectados vs mono infectados. El genotipo 4 del virus de la hepatitis C aparece como el más prevalente entre pacientes coinfectados con VIH.

O-067. Concordancia entre PCT e IGRA en colombianos con diagnóstico reciente de infección por VIH sin tratamiento antirretroviral previo: análisis preliminar.

Pedraza L, Gutiérrez M, Martínez R, Robledo J, Martínez E, Vidal S, Botero J, Alzate, J. Universidad de Antioquia. Medellín. Universidad De Santander. Bucaramanga. Corporación Para Investigaciones Biológicas. Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín. E.S.E Hospital Universitario Del Valle Evaristo García. Cali.
leidy_086@yahoo.es

Introducción. La incidencia de VIH/SIDA ha aumentado en Colombia, siendo de 16,3 casos/100.000 habitantes en 2019. La coinfección con *Mycobacterium tuberculosis* es una de las principales causas de morbi-mortalidad. Su detección se realiza con la prueba cutánea de tuberculina (PCT) o el ensayo de liberación de interferón (IGRA). En Colombia sólo se hace PCT al 28% de los pacientes con VIH, por esto es necesario evaluar una alternativa. El objetivo es evaluar la concordancia entre PCT e IGRA en pacientes colombianos con diagnóstico reciente de infección por VIH sin tratamiento antirretroviral. **Materiales y métodos.** Estudio de evaluación de tecnología diagnóstica con muestreo transversal en Antioquia y Valle del Cauca. Los participantes se están reclutando por conveniencia en las IPSs participantes, se entrevistan, se toma la muestra de sangre para IGRA (QTF-plus) y se realizan la PCT y radiografía de tórax. Financiación Minciencias. **Resultados.** Desde agosto/2019 hasta marzo/2020 se ha reclutado el 51,7% del tamaño muestral (78/151); 76,6% son hombres, 50% tiene entre 22 y 36 años y 49,3% están en estadio 2 de VIH. Todos los positivos para PCT fueron positivos para IGRA pero 10,9% de los participantes fueron solo IGRA positivos, siendo el acuerdo de 89,8% y la Kappa de Cohen de 0,525. El porcentaje de LT CD4+ fue significativamente mayor en los que tuvieron la prueba positiva que en los negativos para cada prueba. **Conclusiones.** En pacientes colombianos con VIH sin tratamiento antirretroviral la concordancia entre PCT e IGRA ha sido moderada. IGRA permitió detectar mayor frecuencia de sujetos infectados con *Mycobacterium tuberculosis*.

O-068. Familiarity, concerns and attitudes towards PrEP among HIV providers in Colombia: The PrEP-Col-Study.

Mueses-Marín H, Martínez-Buitrago E, Bolívar-Rocha M, Gómez S, Alvarado-Llano B, Torres-Isaigá J, Martínez-Cajas J, Corporación de Lucha Contra el Sida. Grupo VIH de Colombia. Hospital Universitario del Valle Evaristo García; Unidad de Epidemiología. Grupo VIH de Colombia. Pontificia Universidad Javeriana. Cali. Albert Einstein College of Medicine; Montefiore Medical Center; Division of Infectious Diseases Queen's University.
centroinvestigaciones@cls.org.co

Introducción. The combination of Tenofovir disoproxil fumarate and Emtricitabine was approved for HIV Pre-Exposure Prophylaxis (PrEP) in Colombia in 2019. To inform future nation-wide implementation of PrEP, we examined HIV-care providers' familiarity, concerns and attitudes toward PrEP implementation. **Materiales y métodos.** Online survey in 122 health care workers who practice in HIV clinics in 18 Colombian cities. We examined PrEP awareness, familiarity with PrEP, comfort with PrEP-related activities, and barriers to provide

PrEP (concerns, negative attitudes) and compared these aspects between physicians and non-physician health professionals. **Resultados.** The participants were HIV-expert physicians (27.8%) and other general and specialist physicians (13.8%), nurses (24.6%), psychologists (12.3%), pharmacists (11.4%), social workers (6.5%). Almost all participants were aware of PrEP $\geq 95\%$. Physicians were more familiar with PrEP than non-physicians (78% vs. 28%). Fifty percent of physicians and 87% of non-physicians reported no previous PrEP training. Physicians had higher levels of comfort for testing, delivery of treatment and diagnosis (56% vs. 37%, p=0.01). Non-physicians related more PrEP negative attitudes than physicians, e.g. "PrEP will take resources that could be used for treatment of HIV-positive individuals", but both groups expressed similar numbers of concerns. When analyzing individual items, non-physicians had more concerns about PrEP efficacy and drug resistance. **Conclusiones.** Future implementation of PrEP in Colombia will need to educate the health-providers on PrEP and address misperceptions. Non-physicians will benefit from PrEP education tailored to their scope of practice. Also, further exploration on the origin of negative attitudes is needed. Source of Funding: Minciencias-Colombia Code:334780762872.

O-069. Conocimientos, percepciones e intenciones de implementación de PrEP en Colombia.

Bolívar M, Alvarado B, Mueses H, Corporación de Lucha contra el Sida. Cali. Grupo VIH de Colombia. Queen's University.
mariabolivar@javerianacali.edu.co

Introducción. PrEP es una estrategia efectiva de prevención del VIH, la cual está en camino de implementación en Colombia. Nuestro objetivo fue identificar el grado de conocimientos, percepciones e intenciones de implementación de PrEP en Clínicas de la Red Colombiana de VIH. **Materiales y métodos.** Para ello se aplicó una encuesta en línea a profesionales de 18 clínicas, que cumplen funciones administrativas o de dirección. **Resultados.** Las clínicas tienen intención alta de implementar PrEP (73%), el 68% tiene un plan de implementación; sin embargo, el 84% reconoce que no dependería de ellos la decisión de manejar personas en PrEP. La mayoría de los participantes (77%) no conocen las guías PrEP y el 61% no están familiarizados con diferentes aspectos de manejo de PrEP. Para el 70%, PrEP debería empezar a usarse tan pronto como sea posible y complementaría muy bien los programas de prevención del VIH. El 95% está de acuerdo en que la PrEP tendría efectos positivos en poblaciones a riesgo, no obstante, el 90% afirma que su uso incrementaría el estigma en dichas poblaciones. El 75% expresaron preocupación con que el "personal no esté capacitado en manejo de personas en PrEP", 70% que los usuarios no cumplan con las citas de monitoreo y 65% a resistencias y adherencia al medicamento. **Conclusiones.** Administrativos y directivos perciben intención favorable para implementar PrEP en sus clínicas. Expresando actitudes positivas frente a PrEP. Es necesario intervenciones en conocimientos de PrEP e identificación y de estrategias operativas para su implementación. Financiado por Minciencias código:334780762872

O-070. Gestantes con infección por VIH, desenlaces e impacto del programa de Prevención de la Transmisión Materno-Infantil (PTMI) en centros del grupo VIHCOL.

Pardo J, Mueses-Marín H, Posada-Mergara M, Martínez-Buitrago E, Grupo VIHCOL. Corporación de Lucha Contra el SIDA. Cali. CEPAIN. Red VIH/SIDA Valle del Cauca; REVIVA. Universidad del Valle. Cali. CIB; Salud y Vida IPS. Medellín.
mppvergara@gmail.com

Introducción. El conocimiento sobre las características, complicaciones, desenlaces e impacto de la estrategia de PTMI de VIH en gestantes con diagnóstico VIH+ en Colombia es limitado, buscamos ampliarlo en los centros del Grupo VIHCOL. **Materiales y métodos.** Análisis retrospectivo de mujeres VIH+ de 15 centros del Grupo VIHCOL, con embarazos diagnosticados desde enero, 2014 y finalizados antes de diciembre 2018 con cualquier desenlace obstétrico. Se realizó análisis descriptivo univariado y bivariado, test Kruskal Wallis y chi-2 con corrección Fisher, usando stata 12. El estudio tuvo aprobación de comité de ética. **Resultados.** Se incluyeron 362 gestantes VIH(+), mediana de edad 26,3 años (RIQ:15.11- 46.9), (62%) del régimen subsidiado. Se presentan características demográficas, estado inmunoviológico, complicaciones infecciosas y obstétricas, terapia antirretroviral, desenlaces y resultados de TMI, de acuerdo a cuatro grupos de ingreso al programa. La edad gestacional al ingreso fue 15,2 semanas (RIQ=7-24), El diagnóstico de VIH se realizó en control

prenatal en 54,7%, parto en 3,59%, 119 pacientes (32,87%) pertenecían a un programa VIH y 24 ingresaron gestantes. Las medianas de CD4 y carga viral VIH al diagnóstico de la gestación y al final del embarazo fueron 428 y 500 cels/mm³, 3287 y 0 copias/mL, respectivamente. Se reportaron infecciones asociadas en 3,6%. Los desenlaces principales fueron parto con RN vivo único 350(96,7%) y aborto 8(2,2%). Todos los RN recibieron profilaxis ARV, no se registró ninguna transmisión de VIH al RN. **Conclusiones.** El tamizaje universal para VIH en gestantes y el seguimiento en programas especializados resulta en baja frecuencia de complicaciones y ausencia de transmisión de VIH

O-071. Validez de escalas de conocimiento, actitud, estigma, normas y autoeficacia frente al uso de la profilaxis pre-exposición al VIH en hombres que tienen sexo con hombres (HSH), Colombia 2020. Estudio PrEP-COL.

Mueses-Marín H, Bolívar-Rocha M, Arrivillaga-Quintero M, Torres J, Martínez-Buitrago E, Martínez-Cajas J, Alvarado-Llano B, Corporación de Lucha Contra el Sida. Grupo VIH de Colombia. Pontificia Universidad Javeriana Cali. Albert Einstein College of Medicine; Montefiore Medical Center; Division of Infectious Diseases. Queen's University. Hospital Universitario del Valle Evaristo García; Unidad de Epidemiología. Grupo VIH de Colombia. Cali.
centroinvestigaciones@cls.org.co

Introducción. La profilaxis preexposición al VIH (PrEP) es ampliamente usada en el mundo. La identificación de potenciales candidatos con intención de usar la PrEP requiere evaluación del conocimiento, estigma, normas y autoeficacia frente a la PrEP, para lo cual es importante contar con escalas validadas que permitan identificar usuarios potenciales. Evaluamos la validez de constructo de escalas de conocimiento, estigma, normas y auto-eficacia frente a la PrEP en HSH. **Materiales y métodos.** Participaron 128 HSH, adultos, a través de asociaciones comunitarias, e-mails y sitios de internet. La consistencia interna fue evaluada con coeficientes Kuder-Richardson y alfa de Cronbach. Para verificar validez se utilizó análisis factorial exploratorio y teoría de respuesta al ítem. **Resultados.** El 91 % eran hombres homosexuales, la edad promedio fue 28 años, el 8% tenía baja escolaridad. Acorde a escalas relacionadas con la PrEP, el coeficiente Kuder-Richardson fue 0.41 (conocimientos), alfa de Cronbach fue: 0,74 (actitudes), 0,78 (estigma), 0,84 (normas descriptivas), 0,86 (normas subjetivas) y de 0,72 (autoeficacia). Las escalas de actitud, estigma, normas descriptivas y subjetivas presentaron carga factorial en un factor. Escalas de conocimientos y autoeficacia presentaron carga en tres y dos factores respectivamente, sin embargo, algunos de los ítems no tuvieron ajuste adecuado y sugieren reducción de ítems en las mismas. **Conclusiones.** La adaptación de las escalas puede considerarse una herramienta importante en la evaluación de estrategias de elegibilidad de personas para la profilaxis preexposición al VIH en Colombia. Los resultados se usarán en el diseño de intervenciones para facilitar la adopción de PrEP. Financiado por Minciencias código:3347807628

FARMACOECONOMÍA

O-072. Evaluación costo-efectividad del tratamiento antirretroviral de primera línea en un programa de atención integral de VIH en Colombia.

López P, Sussmann O, Infectoclínicos S.A.S. Fundación Universitaria Sanitas. Bogotá.
pa.lopezbe@unisanitas.edu.co

Introducción. El tratamiento antirretroviral de primera línea es la base para el éxito del tratamiento en los pacientes con infección por VIH así como para lograr el control a nivel mundial, por lo que se requiere que el tratamiento escogido sea el que presente la mejor relación costo-efectividad. Se plantea determinar la costo-efectividad del tratamiento antirretroviral de primera línea en un programa de atención integral de VIH en Colombia. **Materiales y métodos.** Se obtuvieron los datos de efectividad a partir de la cuenta de alto costo de un programa de atención integral, los costos se obtuvieron por eventos generadores desde la perspectiva del programa, se realizó un modelo de Markov anual de 6 ciclos con tasa de descuento del 5% para los costos y un horizonte temporal de más de 6 años. **Resultados.** Se obtuvieron 3.176 pacientes, los esquemas más utilizados fueron tenofovir + emtricitabina + nevirapina, tenofovir + emtricitabina + efavirenz y zidovudina + lamivudina + nevirapina, los costos más elevados fueron relacionados con los medicamentos raltegravir y rilpivirina. A los 6 años el esquema con rilpivirina fue el de la

más alta efectividad y costos asociados con un ICER a 6 años de 293'031.925 y de 274'197.775 comparado con tenofovir + emtricitabina + nevirapina y tenofovir + emtricitabina + efavirenz respectivamente. **Conclusiones.** Se considera desde la perspectiva del estudio que las opciones que son costo-efectivas a largo plazo son el tratamiento antirretroviral de primera línea con tenofovir + emtricitabina + efavirenz y tenofovir + emtricitabina + nevirapina.

PARASITOLOGÍA

O-073. Análisis transcriptómico dual de células mononucleares de sangre periférica humana (PBMCs) provenientes de individuos con toxoplasmosis y estimuladas ex-vivo con *Toxoplasma gondii* cepa RH.

Acosta J, Hernández A, Arenas A, Gomez-Marín J. Universidad del Quindío. Armenia.
jaacostad@uqvirtual.edu.co

Introducción. La interacción de *Toxoplasma gondii* con células humanas ha sido poco estudiada. El objetivo fue analizar la interacción entre *T. gondii* y células mononucleares de sangre periférica de individuos con toxoplasmosis en un modelo de infección ex-vivo. **Materiales y métodos.** Se evaluó la viabilidad y la adherencia de los PBMCs (5 individuos IgG+ y 5 IgG- para toxoplasmosis) en el tiempo. Se analizó la multiplicidad de infección (MOI) 1:1, 1:3, 1:5, 1:10 y diversos tiempos de post infección (1h/6h/24h p.i.). Con el modelo definido, se analizó la interacción hospedero-parásito a través de un análisis dual por RNA-seq, donde se analizaron los genes diferencialmente expresados (DEGs) en 3 individuos negativos y 3 crónicos-asintomáticos para toxoplasmosis. **Resultados.** La infección por *T. gondii* en PBMCs humanos fue dosis dependiente y aumentó con el tiempo de exposición. La viabilidad de los PBMCs se redujo en valores superiores al 20% después del segundo día. Los perfiles de expresión de genes en *T. gondii* se diferenciaron con relación al tipo de PBMCs infectados (negativos/crónicos) y variaron en los tiempos de infección. En contraste, este perfil de expresión en los PBMCs humanos no varió en las primeras horas de infección (1hp.i.), pero con el aumento de tiempo (6h) se observó un perfil diferencial en el número de genes expresados y la función biológica. **Conclusiones.** Se establecieron las condiciones del modelo de infección ex-vivo de PBMCs humanos con *T. gondii*. La interacción entre *T. gondii* y PBMCs depende del tiempo de infección y del tipo de condición clínica de los individuos.

O-074. Identificación *in silico* de péptidos inmunogénicos de *Toxoplasma gondii* restringidos a los supertipos HLA-A*02, HLA-A*24 y HLA-B*35.

Vargas M, Cardona N, Arenas A, Gómez J, Universidad del Quindío. Universidad Antonio Nariño.
mvargasm@uqvirtual.edu.co

Introducción. La toxoplasmosis afecta alrededor del 30% de la población humana y no existe una vacuna para esta enfermedad. La identificación de péptidos inmunogénicos de *Toxoplasma gondii* afines a moléculas HLA-I frecuentes en la población es una estrategia promisorio. El objetivo fue identificar péptidos de *T. gondii* por medio de una estrategia racional para los supertipos HLA-A*02/HLA-A*24/HLA-B*35. **Materiales y métodos.** Se desarrolló una estrategia *in silico* para la selección de los péptidos de *T. gondii* empleando el método *Deep learning* y la arquitectura de redes neuronales artificiales. Se trabajó en RStudio y la plataforma Colab para la construcción de las redes. Las secuencias para el entrenamiento fueron obtenidas del IEDB, se incluyeron péptidos de todos los microorganismos con afinidad por los tres HLA-I de interés y otros HLA-A/B frecuentes a nivel global. Se descartaron proteomas de 7 cepas de *T. gondii* usando ToxoDBv46. Con la librería 'Epitope Prediction' se predijeron péptidos de 9 y 10 aminoácidos, con un IC50. **Resultados.** Se identificaron 9 péptidos de 9 de aminoácidos para los supertipos HLA-A*02 y HLA-B*35, y 9 péptidos de 10 aminoácidos para el HLA-A*02 y el HLA-A*24 que cumplen con los criterios incluidos en la estrategia de selección *in silico*. **Conclusiones.** Se encontraron 18 péptidos de *T. gondii* con características prometedoras para ser evaluados experimentalmente como candidatos vacunales para la toxoplasmosis.

O-075. Risk Factors Related with Recurrences in Ocular Toxoplasmosis (OT) in Quindío, Colombia.

Velasco S, Celis D, Botero A, Hincapié D, Cordero S, Marulanda N, Gómez-Marín J, Universidad del Quindío. Armenia.
dancelgi@gmail.com

Introducción. The eye is an important target for *Toxoplasma gondii* infection. Ocular involvement is the principal cause of posterior uveitis worldwide, and recurrences are a significant cause of visual impairment with important impact on quality of life. We analyzed sociodemographic, clinical, and environmental factors associated with recurrences in OT. **Materiales y métodos.** Retrospective analysis of clinical records from patients who consulted in the Health Centre at Universidad del Quindío between 2004 and 2017. Patients with retinochoroiditis due to *T. gondii* infection and follow up >12 months were included. Comparisons were made with a recurrence index adjusted for months of follow up. For the statistical analysis, the Kruskal-Wallis test and analysis of variance (ANOVA) tests were performed in Epi Info 7.2 and SPSS 14.0. A statistical significance is shown if $p \leq 0.05$. **Resultados.** A total of 58 patients were included, with a median age of 28 years (range 1 - 61) and 55.1% were women. The median of recurrences was 1.4 (range 0.6 - 6.6). High recurrence index was present in 43.1% of the patients. A higher size of lesions was observed in low socioeconomic groups ($p=0.016$) and patients with congenital infection had more bilateral compromise ($p=0.002$). Intake of boiled water was related to a lower recurrence index ($p=0.040$). **Conclusiones.** Low socioeconomic level was associated with bigger lesions and congenital infection was related with higher frequency of bilateral OT. Finally, intake of boiled water is related to a lower recurrence index of OT.

O-076. Evaluación de la actividad *in vitro* contra *T. cruzi* de un péptido de defensa del hospedero (PDH) de escarabajos coprófagos del paisaje cultural cafetero y de *Atta laevigata* (hormiga Santandereana).

Ramirez Y, Henao D, Toro L, Osorio J, Téllez G, Castaño J, Universidad del Quindío, Armenia.
yaramirez@uqvirtual.edu.co

Introducción. La enfermedad de Chagas es considerada por la OMS como una enfermedad desatendida que hace parte de un problema de salud pública, razón por la cual nos propusimos evaluar la actividad antiparasitaria *in vitro* de PDH (péptidos de defensa del hospedero) de escarabajos coprófagos y de la hormiga *Atta laevigata*, frente a *Trypanosoma cruzi* (causante de la enfermedad de chagas). **Materiales y métodos.** A partir del análisis bioinformático del transcriptoma de los escarabajos coprófagos *Oxytetrone conspiciatum*, *Onthophagus curvicornis*, *Dichotomus satanas*, (estudio en el 2017) y de la hormiga *Atta laevigata* (estudio en curso) se obtuvieron una serie de secuencias de PDH, los cuales se sintetizaron químicamente, cuya actividad biológica se va a evaluar *in vitro* frente a epimastigotes de *T. cruzi* utilizando placas de 96 pozos con resazurina como indicador metabólico y Tritón X-100 al 0,5% como control positivo y como control negativo los parásitos solos. Las placas se leerán en un espectrofotómetro (Epoch®) y se determinarán los índices de inhibición de crecimiento de cada uno de los PDH evaluados. **Resultados.** Hasta la fecha se ha realizado un ensayo descriptivo de la actividad antiparasitaria de la Oxysterlina 1 (PDH proveniente de *Oxytetrone conspiciatum*) a concentraciones de 50 y 100 µg/mL sobre epimastigotes de *T. cruzi* (tratamiento por 36 horas) encontrando que afectó la viabilidad celular con respecto al control. **Conclusiones.** Se espera realizar la evaluación de los otros PDH obtenidos y que en alguno de ellos se pueda encontrar algún efecto anti- *T. cruzi*. Proyecto financiado por COLCIENCIAS en distintas convocatorias.

O-077. Vigilancia por laboratorio de malaria: actividades y estructura de la red de diagnóstico, Colombia 2018-2019.

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

Introducción. Malaria es una enfermedad transmitida por vectores, endémica en Colombia que requiere un diagnóstico de amplia cobertura y un programa de gestión de calidad fortalecido. El análisis de la información remitida por los Laboratorios de Salud Pública (LSP) permite generar actividades de apoyo y mejora desde el nivel central. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo-transversal, en el que la información obtenida se analizó por métodos estadísticos como proporciones, porcentajes y frecuencias para determinar estructura de red, actividades de gestión de calidad y criterios de calidad diagnóstica a nivel departamental y municipal. **Resultados.** Información de 32/33 LSP: red de diagnóstico en 503 municipios: 1.987 Laboratorios Clínicos, 381 Puestos de Microscopía y 95 Puestos de Pruebas Rápidas (PPDR); 844 visitas de supervisión, 1.301 personas capacitadas y 336 readiestramientos. Se examinaron 202.166 gotas gruesas; positivas 45.462: 24.975 *P. falciparum*, 19.988 *P. vivax* y 491 mixtas. En PPDR se realizaron 13.252 PDR; positivas 3407: 1384 *P.*

falciparum, 1.616 *P. vivax* y 407 mixtas. Nivel departamental: Evaluación Directa (PEED) (31/33): concordancia general 80%; especie 77%, estadios parasitarios 48% y recuento 97%; Evaluación indirecta (PEID) (14/33): Concordancia general 100%, Índice Kappa general y de especie: 1,0 y nivel municipal: PEED(14/33): Concordancia: 91%; PEID (32/33): C(+):95% y C(-):99%, Índice Kappa general y de especie: 0,94 y concordancia de recuento 79%. **Conclusiones.** Se necesita mayor implementación de procedimientos para monitorear la calidad del diagnóstico de malaria y realizar re-adiestramientos para fortalecer los conocimientos con el fin de garantizar la calidad del diagnóstico y un tratamiento oportuno y adecuado.

O-078. Vigilancia por el Laboratorio Nacional de Referencia de la Leishmaniasis Visceral (LV), Colombia - 2019.

Ayala M, Bautista J, Cortés L, Florez A, Instituto Nacional De Salud. Bogotá.
mayalas@ins.gov.co

Introducción. La LV se considera de gran interés en salud pública por su incidencia y alta tasa de mortalidad en pacientes no tratados, niños desnutridos y pacientes inmunosuprimidos. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de los resultados obtenidos en el procesamiento de las muestras remitidas por los LSP y otras instituciones, para confirmación diagnóstica y vigilancia durante el año 2019. **Resultados.** Se procesaron un total de 390 muestras, de las cuales 118 (30,2%) eran muestras de pacientes humanos (suero y extendidos para examen directo) y 272 (69,7%) muestras de ejemplares caninos; este último incriminado como el principal reservorio doméstico de esta parasitosis. De las 118 muestras de humanos, 3 muestras (2,5%) fueron láminas de extendido de material obtenido a partir de aspirado de médula ósea y/o punción esplénica. Las restantes 115 fueron muestras de suero, las cuales se procesaron a través de la técnica de Inmunofluorescencia Indirecta (IFI) y de estas el 13% fueron reactivas. **Conclusiones.** Un diagnóstico oportuno y tratamiento adecuado en todos los casos, es de vital importancia ya que reduce la mortalidad y las complicaciones asociadas. Las Entidades Promotoras de Salud (EPS) y demás Entidades Administradoras de Planes de Beneficios (EAPB), a través de su red de prestadores deben garantizar la realización de la Prueba de Diagnóstico Rápido (PDR) para todos los casos probables. El diagnóstico confirmatorio en muestras de suero de ejemplares caninos es una de las principales actividades enmarcadas en salud pública de LV, para detectar de manera precoz los casos e implementar de manera inmediata las acciones de vigilancia y control.

O-079. Evaluación de la sobrevivencia de *Cryptosporidium parvum* en el proceso de fermentación del té kombucha.

Marín B, Lowe C, Ortega Y, Lora F, Gómez J, Universidad del Quindío, Armenia. University of Georgia.
bjmarin@uqvirtual.edu.co

Introducción. El té kombucha es consumido desde tiempos milenarios debido a su fácil preparación de forma casera, la cual debe cumplir con ciertos requerimientos de higiene, debido a que puede contaminarse con microorganismos patógenos para humanos; por lo anterior se planteó el objetivo de evaluar la sobrevivencia de *Cryptosporidium parvum* en el proceso de fermentación de cuatro variedades de té kombucha. **Materiales y métodos.** Se inocularon 10^8 ooquistes de *Cryptosporidium parvum* en 10 mL de té kombucha de cada una de las variedades, el té fue monitoreado durante 15 días evaluando los días 0, 7 y 15, detectando la presencia de ADN mediante PCR anidada y la viabilidad de ooquistes por medio de cultivo celular en la línea celular HCT-8. **Resultados.** Con los métodos moleculares aplicados se evaluó el porcentaje de sobrevivencia, siendo el tipo D, el que presentó menor porcentaje de sobrevivencia (22%) y el tipo A el mayor porcentaje de sobrevivencia (55,5%) con relación al porcentaje de sobrevivencia de los controles siendo de 66% el menor. Se logró visualizar algunas infecciones ocasionadas por el parásito en las células HCT-8, en los días evaluados, indicando que los ooquistes se mantuvieron viables durante el proceso de fermentación. **Conclusiones.** El té kombucha puede soportar ooquistes viables o infecciosos en el periodo de fermentación del mismo, evidenciándose la importancia de las buenas prácticas higiénicas durante la preparación del té kombucha así como la adecuada calidad de agua durante la preparación del mismo. Este proyecto fue financiado por el departamento de Food Safety de la Universidad de Georgia

MICOBACTERIAS

O-080. Estudio de clusters para detectar infección por *Mycobacterium leprae* en población de riesgo de seis departamentos endémicos de lepra en Colombia.

Builes M, Serrano H, Cardona-Castro N, Universidad CES. Instituto Colombiano de Medicina Tropical -CES. Medellín.
ncardona@ces.edu.co

Introducción. La lepra es una enfermedad infecciosa crónica causada por *Mycobacterium leprae*, la cual continúa siendo endémica en países tropicales, por lo que se hace necesario la implementación de estrategias para su eliminación. Planteamos una estrategia de detección temprana de infección por *M. leprae* a través de la evaluación serológica y epidemiológica en clusters familiares de pacientes con lepra. **Materiales y métodos.** Se determinó la infección por *M. leprae* en 50 grupos familiares (clusters) de pacientes con lepra de los departamentos de Bolívar, Atlántico, Santander, Boyacá, Chocó y Antioquia, a través de la detección de anticuerpos (proteína A, IgM, IgG) contra NDO-LID, antígeno recombinante específico de *M. leprae*. **Resultados.** Se observó una mayor seroconversión y títulos elevados de estos anticuerpos contra NDO-LID en población de los departamentos de Chocó y Atlántico. **Conclusiones.** La lepra es una enfermedad persistente que afecta a grupos familiares vulnerables y numerosos, en los cuales la detección de anticuerpos contra NDO-LID puede ser una herramienta eficaz para detectar tempranamente la infección y hacer control de la transmisión a través de seguimiento y medidas terapéuticas oportunas.

MICOLOGÍA

O-081. Construcción de una librería *in house* para la identificación de hongos filamentosos por espectrometría de masas MALDI-TOF en un laboratorio clínico.

Gómez J, Loaiza D, Lima N, Mesa A, Laboratorio Clínico SYNLAB. S.A.S. Micoteca da Universidade do Minho; CEB-Centro de Engenharia Biológica; Campus de Gualtar; Braga; Portugal. Grupo de Investigación Dermatológica; Facultad de Medicina; Universidad de Antioquia. Medellín.
jugovela@yahoo.com

Introducción. La identificación oportuna de los agentes etiológicos de las infecciones fúngicas es primordial para elección terapéutica. Los métodos de identificación fúngica actuales tienen limitaciones; el fenotípico clásico no siempre permiten una identificación correcta hasta especie y la secuenciación suele ser costosa para el uso en el diagnóstico de rutina. La espectrometría de masas (EM) MALDI-TOF, se ha convertido en una herramienta útil en la identificación de levaduras; sin embargo, la aplicación en la identificación de hongos filamentosos aún es limitada por la amplia variabilidad biológica entre éstos y por la carencia de espectros, de algunas especies, en las librerías comerciales. El objetivo de esta investigación fue crear una librería *in house* para la identificación de hongos filamentosos aislados de pacientes con onicomicosis y dermatomicosis por EM MALDI-TOF. **Materiales y métodos.** Se crearon 21 espectros de referencia de los géneros *Microsporum*, *Nanizzia*, *Trichophyton*, *Aspergillus*, *Fusarium*, *Sporothrix* y *Neoscytalidium*, siguiendo las recomendaciones del fabricante (Bruker Daltonics, Bremen, Alemania). Posteriormente, estos se validaron y se usaron para la identificación de 62 aislados clínicos. La identificación con la librería *in house* se comparó con la obtenida con la librería comercial y con la secuenciación. **Resultados.** La identificación de los aislados clínicos con la librería construida *in house* fue del 88,40% y 1,90% hasta especie y género, respectivamente. El 7,60% no se identificó y hubo discrepancia en el 2,07%. **Conclusiones.** La identificación de los aislados clínicos por la librería construida *in house* superó la identificación por el método clásico y por la librería comercial.

O-082. Comparación del perfil de sensibilidad antifúngica de la levadura emergente multiresistente *Candida auris* recuperada de fungemias y procesos de colonización de 4 departamentos de Colombia.

Escandón P, Gómez B, Instituto Nacional de Salud. Universidad del Rosario. Bogotá.
pescandon@ins.gov.co

Introducción. La resistencia al fluconazol y anfotericina B ha sido común-

mente observada y descrita en aislamientos de la levadura emergente *C. auris* en varios países, siendo una de las principales características de este patógeno y que lo asocian a una elevada mortalidad y falla terapéutica. El objetivo del presente estudio fue comparar el perfil de sensibilidad antifúngica entre aislamientos de *C. auris* que produjeron fungemias y colonización y que fueron recuperados en 4 ciudades de Colombia. **Materiales y métodos.** Se determinó el perfil de sensibilidad antifúngica a 58 aislamientos de *C. auris* procedentes de los departamentos de Atlántico, Bogotá DC, Bolívar y Cesar, de los cuales 35 pertenecían a *C. auris* recuperados de Candidiasis invasivas y 23 de colonizaciones, siguiendo el protocolo internacional de CLSI M27-A3 para fluconazol, anfotericina B, voriconazol y anidulofingina. Se empleó también la técnica comercial de "Sensititre Yeast-One" que incluye 9 antifúngicos. **Resultados.** El 100% de los aislamientos presentaron CIM entre 0,008 - 0,5 µg/ml para las equinocandinas y entre 0,06 - 0,12 µg/ml para 5-Flucitosina. Un 40% de los aislamientos presentaron CIM entre 32 - 256 µg/ml para fluconazol, y para la anfotericina B, 55% con CIM ≥ 2,0 µg/ml. Los aislamientos que produjeron fungemias presentaron CIM mayores en comparación con los colonizadores, especialmente para fluconazol (48,5% infección vs. 21,7% colonización). **Conclusiones.** Los aislamientos causantes de infección presentaron CIM a los antifúngicos comúnmente empleados (fcz y amb) mayores en comparación con los colonizadores, explicado posiblemente por la exposición de estos pacientes críticamente enfermos a estos antifúngicos.

O-083. Caracterización de lo desconocido: un acercamiento a la estructura y composición de los Lipid Droplets de *Malassezia pachydermatis* CBS 1879.

Mantilla M, Ariza-Aranguren G, Cabrera C, Helms B, Restrepo S, Celis A, Grupo de Investigación Celular y Molecular de Microorganismos Patógenos; Universidad de los Andes. Department of Biochemistry and Cell Biology; Utrecht University. Laboratorio de Micología y Fitopatología (LAMFU); Universidad de los Andes. Bogotá.
mj.mantilla11@uniandes.edu.co

Introducción. *Malassezia pachydermatis* hace parte de la microbiota de la piel animal y humana, y se relaciona con afecciones dermatológicas y enfermedades sistémicas, estas últimas se presentan en neonatos y pacientes inmunocomprometidos. Comprender el metabolismo de los lípidos en *Malassezia*, especialmente el almacenamiento en los "lipid droplets" (LD), es de gran relevancia porque se ha relacionado con el comportamiento patógeno en otros microorganismos. **Materiales y métodos.** En este estudio, se estandarizaron dos protocolos para el análisis de LD, uno para caracterizar su morfología y la dinámica, mediante co-tinción con fluoróforos bajo un microscopio confocal de barrido láser. El segundo permite la extracción y purificación para llevar a cabo análisis de lipídica. **Resultados.** *Malassezia pachydermatis* cuenta con uno o dos LD por célula, el porcentaje de área ocupada varía entre 5 y 50%, y el tamaño aumenta durante las diferentes horas de crecimiento evaluadas. Mediante el análisis lipídico se identificaron los lípidos neutros y fosfolípidos presentes en los LD, entre los cuales están: triacilglicerol (TAG), diacilglicerol (DAG), ésteres de esteroides (SE), ceramidas (Cer), colesterol (CHOL), ergosterol (ERG), lípido no identificado (LX); y fosfatidilinositol (PI), fosfatidiletanolamina (PE), fosfatidilglicerol (PG), fosfatidilcolina (PC), fosfatidilserina (PS), lisofosfatidiletanolamina (lisoPE), lisofosfatidilglicerol (lisoPG), lisofosfatidilinositol (lisoPI), lisofosfatidilserina (lisoPS), hexosilceramida (HexCer), respectivamente. **Conclusiones.** En conclusión, en este estudio la morfología y composición lipídica de los LD se determinó, siendo la base para futuras investigaciones. Los protocolos estandarizados podrían usarse en otras especies de este género. Se requieren análisis adicionales para revelar la función de LD en *M. pachydermatis* y otras especies de *Malassezia*.

O-084. Investigando lo atípico: identificación y perfiles de sensibilidad de aislamientos de *Malassezia spp.*

Puentes C, Mantilla M, Guevara M, Celis A, Grupo de Investigación Celular y Molecular de Microorganismos Patógenos. Universidad de los Andes; Applied genomics research group; Vicerrectoría de Investigación y Creación. Bogotá.
c.puentes@uniandes.edu.co

Introducción. El género *Malassezia* incluye 18 especies, es parte de la microbiota normal de la piel humana, pero puede causar patologías dermatológicas y sistémicas. Su identificación y pruebas de sensibilidad no se hacen de rutina, con lo cual se desconocen estos aspectos. El objetivo del estudio fue caracterizar fenotípica y molecularmente 34 aislamientos de *Malassezia sp.*

obtenidos en estudios previos a partir de individuos con diferentes patologías dermatológicas asociadas con este género. **Materiales y métodos.** Se realizaron pruebas fisiológicas de identificación como: la asimilación de Tween®, catalasa, ureasa y β -glucosidasa. La identificación molecular se realizó mediante la amplificación y secuenciación del gen RPB2. Así mismo, se realizaron pruebas de sensibilidad *in vitro* a compuestos antifúngicos como voriconazol, posaconazol, fluconazol, anfotericina B y caspofungina mediante la prueba comercial Etest® en dos medios de cultivo, mDixon y Sabouraud. **Resultados.** Las pruebas fisiológicas mostraron que nuestros aislamientos correspondían a los reportados para *M. furfur*. Sin embargo, un patrón atípico de asimilación de Tween® fue observado. El gen RPB2 permitió la resolución adecuada de 29 aislamientos, los cuales se identificaron como *Malassezia yamatoensis* (10%), *M. furfur* (21%) y el 69% en un clado filogenéticamente cercano al de *M. furfur* CBS 1878. En cuanto a los ensayos de sensibilidad se observó la mejor actividad antifúngica con voriconazol y posaconazol en ambos medios de cultivo. **Conclusiones.** Nuestros resultados muestran que estos aislamientos obtenidos en pacientes de Colombia podrían potencialmente ser, dentro del complejo *M. furfur*, una especie nueva teniendo en cuenta los análisis moleculares.

VIROLOGÍA

O-085. Niveles séricos de lectina fijadora de manosa (MBL) y de C3a durante la infección por el virus chikungunya. Colombia. 2017-2018.

Restrepo B, Marín K, Romero P, Arboleda M, Muñoz A, Bosch I, Vásquez-Serna H, Velilla P. Instituto Colombiano de Medicina Tropical. Universidad Antonio Nariño. 3Institute for Medical Engineering and Sciences. Secretaría de Salud de Ibagué. Universidad de Antioquia. Medellín.
brestrepo@ces.edu.co

Introducción. La patogénesis de trastornos musculoesqueléticos desencadenados por el virus chikungunya (CHIKV) aún no está esclarecida. **Objetivo:** Estimar los niveles séricos de lectina unida a manosa y de C3a durante la infección por CHIKV. Colombia. 2017-2018. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo. A 83 pacientes con infección por CHIKV les fueron tomadas dos muestras de suero, una en fase aguda (hasta 15 días de la fecha de inicio de síntomas) y otra en fase crónica (tres meses de la fecha de inicio de síntomas). A las muestras se les hizo medición de MBL y C3a mediante ELIS. **Resultados.** Los 83 pacientes fueron positivos para anticuerpos IgM, y tres de ellos también lo fueron por RT-PCR. Los trastornos musculoesqueléticos (TME) se observaron en 75,9% de los pacientes en fase aguda y en 37,7% en fase crónica. Artritis estuvo presente en 38,1% de los pacientes en la fase aguda y en 28,6% en la fase crónica. La mediana (rango intercuartílico) de los niveles séricos de MBL, fueron significativamente más elevados en la fase aguda que en la crónica, 2,34 (1,13-3,78) vs 1,71 (0,88-3,13) $p=0,013$ y los niveles séricos de C3a fueron significativamente más elevados en pacientes con TME sin TME, en fase aguda 118,2 (66,5-252,9), $p=0,022$ y crónica 68,5 (64,4-71,3), $p=0,000$ y entre pacientes con artritis, 194,3 (69,5-282,2) frente a pacientes con artralgia 70,9 (62,4-198,8), $p=0,013$ en fase aguda. **Conclusiones.** Estos hallazgos sugieren la participación del sistema del complemento durante la infección por CHIKV.

O-086. La lovastatina inhibe la replicación del virus chikungunya *In vitro*.

Loaiza-Cano V, Quintero-Gil D, Martínez-Gutiérrez M, Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín.
marlen.martinezg@campusucc.edu.co

Introducción. Hasta el momento no hay medicamentos aprobados para el tratamiento de la enfermedad producida por el virus chikungunya (CHIKV). Teniendo en cuenta que la lovastatina ha demostrado actividad antiviral frente a virus con alto contenido de colesterol en su envoltura (Como DENV). El objetivo fue evaluar el potencial antiviral *in vitro* de la Lovastatina contra CHIKV. **Materiales y métodos.** La Lovastatina fue evaluada por estrategia antiviral combinada contra CHIKV en células VERO a concentraciones seriadas (10 μ M, 5 μ M y 2,5 μ M) y diferentes MOI (5, 1 y 0,1). También fue evaluada por estrategias individuales pre y post-tratamiento contra CHIKV a MOI 5. El efecto inhibitorio fue cuantificado por ensayo de plaqueo. La ribavirina y la doxiciclina fueron los controles positivos de inhibición. El acoplamiento molecular entre la lovastatina y proteínas virales fue ejecutado con AutodockVINA® y las

interacciones evaluadas con LigPlot®. **Resultados.** La inhibición de CHIKV a MOI 5 mediante estrategia combinada con lovastatina a 10 μ M, fue de 100% (3Log; $p<0,01$) y fue estadísticamente superior a los controles de inhibición ($p<0,5$). A concentraciones de 5 μ M y 2,5 μ M se obtuvo inhibiciones superiores al 80% a MOI 5,1 y 0,1 ($p<0,5$) Lovastatina inhibió CHIKV en pre-tratamiento a 5 μ M (99% $p<0,5$) y en la estrategia post- tratamiento la inhibición fue dosis dependiente ($p<0,5$). La energía de unión entre la lovastatina proteínas virales de CHIKV estuvo entre - 6,3 y - 8,2. **Conclusiones.** La lovastatina es capaz de inhibir significativamente la infección por CHIKV *in vitro* por diferentes estrategias de tratamiento. CONADI N°1884

O-087. Sustituciones no sinónimas y reconocimiento inmune, en búsqueda de una vacuna para SARS-CoV-2 en las Américas: un estudio *in silico*.

Cuspoca A, Díaz L, Acosta Á, Méndez Y, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia. Tunja.
andres.cuspoca@uptc.edu.co

Introducción. El esfuerzo cooperativo a nivel mundial desde que inició la pandemia por el SARS-CoV-2, ha permitido identificar las mutaciones no sinónimas (MNS) aisladas con mayor frecuencia en la población, permitiendo inferir cambios sobre su patogenicidad y reconocimiento inmune; esto sucede mientras se aspira a una vacuna de alcance global, lo que supone un reto extra. **Materiales y métodos.** A partir de la identificación de MSN, recopiladas a nivel mundial por el Centro Nacional de Bio-información de China, se identificaron las regiones, sin presencia de sustituciones no sinónimas (SNS) de SARS-CoV-2. Se realizaron predicciones de aglutinación entre las moléculas del antígeno leucocitario humano (HLA) clase I y II, más frecuentes de las Américas y se realizó un enriquecimiento sobre los dominios proteicos relacionados. Además, se estudiaron los cambios conformacionales de la nucleoproteína, a partir de los SNS más frecuentes. Se formuló un constructo multiepitope con las secuencias resultantes con características inmunogénicas. **Resultados.** Se identificaron 25 secuencias con potencial vacunal a partir de las regiones sin SNS, capaces de ser aglutinantes HLA-I más frecuentes de las Américas, estas hacen parte de dominios relacionados con la replicación viral. Las proteínas NSP3, SP, NSP4, NSP2, se encontraron aglutinantes en moléculas HLA-II, y se evidenciaron zonas de reconocimiento de epítopos lineales y conformaciones, conservados en la nucleoproteína. Estas secuencias, fueron introducidas, como parte de un constructo vacunal, evidenciando por medio dinámica molecular una adecuada interacción con el receptor tipo Toll-4 (TLR-4). **Conclusiones.** Basadas en SNS hasta el momento, proponemos una vacuna que satisface los requisitos para estudios experimentales.

O-088. Predictores de positividad de pruebas serológicas para COVID-19 en trabajadores de la salud en un hospital público de tercer nivel.

Badiel M, Coll-Tello B, Lesmes M, Hurtado I, Torres I, Matta L, Wallis L, Martínez E, Hospital Universitario del Valle; Universidad del Valle. Secretaria de salud departamental de Valle del Cauca. Cali.
brenda.coll@correounivalle.edu.co

Introducción. Más de 250.000 casos por COVID-19 se han confirmado en Colombia en 5 meses. Solo en el Valle, más de 1.200 Trabajadores de la salud (TDS) se han reportado positivos. **Objetivo:** Identificar predictores de seropositividad para COVID-19 en (TDS) de un hospital público (HtP) de tercer nivel. **Materiales y métodos.** Entre 8-22 julio-2020 se realizó un tamizaje a 2.373 TS, en dos HtP de tercer nivel de 645 camas. Se definió como negativos a los sujetos con IgM e IgG negativas. Se excluyeron 55 TDS con infección previa por COVID-19 confirmada. Se evaluó el área bajo la curva – ROC para estimar capacidad de predicción. **Resultados.** El tamizaje cubrió al 95,7% de los TDS, el 67% fueron mujeres y la edad promedio fue 35,1 $\pm$ 11,2 años. 87,8% fueron negativos. El 90% fueron asintomáticos. En 297/2.271 TDS se realizó rTPCR, con 32,7% (97/297) positivas. En residentes, Unidad de Recién Nacidos, unidad de salud mental, consulta externa, UCI adultos e imágenes diagnósticas la seroprevalencia fue menor. Los factores asociados a seropositividad fueron anosmia (OR=11,7 [3,9-35]), tos (OR=1,8[1,13-2,8]), diarrea (OR=2,1[1,2-3,8]), vómito (OR=4,3[1,2-15,2]), dolor abdominal OR=2,6[1,3-4,9], comorbilidades (OR=0,68[0,5-0,93]), ser residente (OR=0,52 [0,2-1,1]) y síntomas en los últimos 10 días (OR=1,9 [1,3-2,8]). El mejor modelo predictor fue anosmia, tos, dolor abdominal, comorbilidades y contacto con pacientes positivos (AUC= 60%). Este es un modelo muy específico (99%) pero poco sensible, con un buen valor predictivo negativo (87%) que clasifica correctamente al 86,6% de los sujetos positivos después del tamizaje. **Conclusiones.** En TDS la presencia de síntomas menores podría predecir seropositividad para COVID-19.

NUEVAS TERAPIAS EN ENFERMEDADES INFECCIOSAS

O-089. Preparación de liposomas enriquecidos con curcumina y aceite esencial de *Lippia origanoides* y evaluación de su actividad antimicrobiana y citotóxica *in vitro*.

Bedoya J, Quiguanás E, Agudelo C, Padilla L, Cardona N, Castaño J, Universidad del Quindío. Universidad Antonio Nariño. Armenia.
jpbodoyaa@uqvirtual.edu.co

Introducción. Los compuestos naturales como la curcumina y el aceite esencial de *Lippia origanoides* tienen un gran espectro de actividades biológicas, sin embargo, su inestabilidad fisicoquímica, baja solubilidad y alta volatilidad, limitan su uso terapéutico. El objetivo de este trabajo es producir liposomas enriquecidos con la mezcla del aceite esencial de *Lippia origanoides* y curcumina y evaluar su actividad antimicrobiana y citotóxica *in vitro*. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio experimental *in vitro*. Se caracterizó el aceite esencial mediante cromatografía de gases acoplado a masas. Se evaluó la actividad antimicrobiana de los compuestos sin encapsular utilizando el método de microdilución en placa frente a 5 bacterias ATCC (*E. coli*, *S. aureus*, *K. pneumoniae*, *Acinetobacter spp.*, *P. aeruginosa*), así mismo, se evaluó la actividad citotóxica de los compuestos sobre células VERO utilizando el método de resazurín. Se ha realizado una producción piloto de liposomas enriquecidos con los compuestos utilizando el método de capa delgada. **Resultados.** Los compuestos mayoritarios del aceite esencial fueron terpinen-4-ol y gamma-terpineno. Solo se encontró actividad antimicrobiana de la curcumina frente a *S. aureus* a 50 µg/mL. Se encontró actividad antimicrobiana del aceite frente a todos los microorganismos evaluados en concentraciones desde 900 a 5500 µg/mL. Se encontró un CC50 del aceite esencial de 180,8 µg/mL y de la curcumina de 11,05 µg/mL. Parcialmente, se han producido liposomas vacíos y enriquecidos con los compuestos, tanto multilamelares como unilamelares. **Conclusiones.** Es importante el uso de alternativas nanotecnológicas para mejorar el uso terapéutico de compuestos naturales con potencial antimicrobiano. Minciencias Cod.111380762802

O-090. Caracterización estructural e inmunoinformática de la proteína de membrana Omp31b de *Brucella abortus*.

Lozano-Cifuentes D, Torres-Viñuela V, Arenas N, Universidad Antonio Nariño. Bogotá.
narenas69@uan.edu.co

Introducción. La brucelosis bovina es una enfermedad zoonótica que tiene una gran relevancia en salud pública causada por *Brucella abortus*. Un factor de virulencia de *B. abortus* clave para la evasión de la fagocitosis es la proteína Omp31b. Nuestro objetivo fue caracterizar la estructura tridimensional y los posibles epítopes del antígeno Omp31b de *B. abortus*. **Materiales y métodos.** Se obtuvo la secuencia del antígeno Omp31b de *B. abortus* en UNIPROT (Q64JD6) y se buscaron secuencias homólogas a través de la herramienta BLAST. Se realizó la predicción de estructura tridimensional en el programa I-tasser. Se mapearon los epítopes regiones conservados de Omp31b utilizando EpiJen (MCH-I) e Immune Epitope Database (MCH-II) optimizadas para varios hospederos mamíferos y una predicción consenso de las secuencias en Weblogo. **Resultados.** Se realizó la predicción de la estructura tridimensional de Omp31b con valores TM de 0,641 y RMSD 3,20 Å. Se seleccionaron los 4 epítopes más favorables en la proteína Omp31b para generar una respuesta inmune contra la infección causada por la *Brucella abortus* y con valores IC50 que oscilaron entre 2,11 y 17,46. Estas regiones se ubicaron entre los residuos 36-45, 91-107, 256-265 y 281-290 y se mapearon en la estructura tridimensional y de esta forma asegurar una orientación favorable para su respectivo procesamiento. Este antígeno se encuentra ampliamente conservado en diferentes especies que afectan a varios mamíferos incluyendo humanos. **Conclusiones.** La predicción de los epítopes por técnicas de inmunoinformática podrían generar nuevas estrategias para la prevención y/o tratamiento de enfermedades provocadas por la *B. abortus*.

O-091. Identificación y estudio de la actividad antimicrobiana de un péptido antimicrobiano de *Atta laevigata* (hormiga santandereana).

Trejos J, Arias M, Campos C, Pinto E, Castaño J, Tellez G, Universidad de Santander. Bucaramanga. Universidad del Quindío. Armenia.
juanita.trejos@udes.edu.co

Introducción. La resistencia a los antimicrobianos constituye un problema de salud pública, es por esto que las estrategias alternativas al uso de antimicrobianos convencionales son requeridas como prioridad, tal es el caso de los péptidos antimicrobianos que se encuentran en *Atta laevigata* y se busca encontrar un valor agregado a esta hormiga emblema de la biodiversidad regional y colombiana como origen de compuestos para la aplicación farmacéutica.

Materiales y métodos. Se realizó colecta manual de *A. laevigata*, se le indujo la respuesta inmune con *Escherichia coli* (ATCC 25922), se obtuvo de la glándula metapleurale, extracción del ARN total y secuenciación, los datos se analizaron *in silico* para la síntesis de novo de las secuencias del transcriptoma. Se realizó la síntesis química de los péptidos (pureza del 95%). Se hizo actividad hemolítica y actividad citotóxica, actividad antibacteriana con ensayo de microdilución en placa (Resazurín) para cepas con resistencia a antibacterianos: *E. coli* ATCC BAA-2469, *Klebsiella pneumoniae* ATCC 700603, *K. pneumoniae* ATCC BAA-1705, *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853 y *Enterococcus faecalis* ATCC 2921. **Resultados.** Se obtuvieron 14 secuencias de péptidos maduros del transcriptoma de *Atta laevigata*, se analizaron las características fisicoquímicas definiendo 6 secuencias de la familia de las Abeacinas. Se observó la actividad antibacteriana en *Escherichia coli* ATCC 35218, *Klebsiella pneumoniae* ATCC 700603, *K. pneumoniae* ATCC BAA-1705, *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853 y *Enterococcus faecalis* ATCC 29212, con concentraciones mínimas inhibitorias que van desde 250 a 1,95 µg/mL. **Conclusiones.** Se observa preliminarmente actividad antibacteriana en cepas estudiadas con concentraciones que van desde 250 a 1,95 µg/mL.

RESISTENCIA BACTERIANA

O-092. A quality improvement study using blended learning as part of Antimicrobial Stewardship Program (ASP) to improve Ampicillin Sulbactam prescription in pediatric hospital in Bogotá, Colombia.

Riño O, Cerinza D, Londoño J, Bermúdez N, Gutierrez I, Universidad del Rosario. Clínica Infantil de Colsubsidio. Bogotá.
dr_oscar94@hotmail.com

Introducción. Antimicrobial agents are the second most common prescribed drugs in hospital settings. Some studies have found that 20-50% of antibiotics prescriptions are inadequate or not necessary. Ampicillin-sulbactam is the second most common prescribed antibiotic in inpatients children in our hospital. **Materiales y métodos.** A before and after study was designed. We obtained Days of Treatment (DOT) for ampicillin-sulbactam in last 3 years (2017, 2018 and 2019). In October of 2019 we included ampicillin sulbactam as a targeted antibiotic in our ASP. We focus the efforts in 2 principals' strategies: Educative strategy and audit and feedback strategy. Educative strategy included a blended learning intervention. **Resultados.** We reviewed and analyzed 89 prescriptions. Only 28 prescriptions (31%) were considered adequate. The principal reason of inadequate prescription was the possibility to use a narrow spectrum antibiotic (52,8%). In the patient's follow-up, all had an adequate clinical course. We trained 34 staff members (32,9%) with lectures and 72 (69,2%) using virtual strategy. The score improvement in pre and post-test evaluations was 33% after the educational strategy. We compared DOT of ampicillin-sulbactam, and we found a reduction of 65% in prescription between October 2017 and October 2019. **Conclusiones.** This is the first quality improvement study with an ASP targeting a narrow spectrum antibiotic in children. The implementation of an ASP to improve prescription of ampicillin-sulbactam had a dramatic impact in reduction of prescriptions in our settings. The educational strategy using blended learning strategy is especially valuable in hospital education because virtual learning has a great flexibility

O-093. Molecular analysis of polymyxins resistance among *Klebsiella pneumoniae* in Colombia *Klebsiella pneumoniae* Producing Carbapenemases.

De La Cadena E, García J, Mojica M, Appel T, Pallares C, Villegas M, Universidad El Bosque. Bogotá.
ecadenav@unbosque.edu.co

Introducción. The use of polymyxin has increased in Colombia, a country where carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* (CR-Kpn) is endemic. Consequently, resistance to polymyxins is growing among *K. pneumoniae* (Kpn), mostly associated with chromosomal mutations and mcr genes. Herein, we describe the mechanism of resistance to polymyxins in clinical isolates of CR-Kpn from 6 Colombian cities. **Materiales y métodos.** 24 CR-Kpn resistant to

polymyxin, recovered in six Colombian cities between 2009 and 2019, were analyzed. The minimum inhibitory concentration (MIC) was confirmed by broth microdilution (BMD) and the presence of carbapenemases by qPCR. Whole-genome sequencing was performed to identify the sequence type (ST), and changes in the genes encoding the PhoP/PhoQ, PrmA/PrmB, CrrAB systems, in the mgrB gene, and the presence of mcr, all linked to polymyxin resistance. **Resultados.** MICs by BMD showed a high level of polymyxin resistance (4 - ≥ 8 mg/L). Most isolates carried a blaKPC-3 gene and belonged to the ST258 (70.8%). Only 6 isolates (25%) produced KPC-2 and 1 (4.2%), NDM-1. Most isolates carried substitutions in PmrB (22; 92%) and CrrB (15; 63%); the insertional inactivation of the mgrB gene by ISKpn26 was found in 4 isolates. None of the isolates harbored mcr genes or aminoacids substitutions in PmrA and PhoP/PhoQ. **Conclusiones.** A clonal dissemination of KPC-3 producing Kpn ST258 resistant to polymyxin has been going on in Colombia for at least the last 10 years. Active surveillance is warranted due to the limited therapeutic options left for treatment of infections caused by this clone. Universidad El Bosque PCI-2018-10161

O-094. Identificación y perfil de susceptibilidad rápida de bacilos Gram negativos en hemocultivos positivos mediante ensayo directo por HB&L® y Vitek 2®.

Josa D, Leal R, Rojas J, Bustos G, Silva E, Torres I, Reyes L, Cortés F, Fundación Clínica Shaio. Universidad de la Sabana. Bogotá.
rafael.leal@shaio.org

Introducción. Una de las principales causas de morbilidad y mortalidad son las infecciones del torrente sanguíneo, que son causadas con mayor frecuencia por Enterobacterales y bacilos Gram negativos (BGN) no fermentadores. Nuestro objetivo fue realizar la identificación y susceptibilidad rápida de bacilos Gram negativos en hemocultivos positivos mediante ensayo directo por HB&L® y Vitek 2®. **Materiales y métodos.** Estudio prospectivo, cuantitativo de pruebas diagnósticas. Se analizaron 120 botellas de hemocultivos positivos con BGN de pacientes con bacteriemia. Se realizó método de identificación rápida y susceptibilidad empleando un nuevo protocolo directo de nefelometría láser del equipo HB&L® y sistema Vitek 2®; y se comparó con el método convencional. **Resultados.** La concordancia de identificación de género y especie comparado con el método convencional fue del 100%. La concordancia en valores de Concentración Mínima Inhibitoria (MIC) fue del 99,7%. Índice Kappa en el 96,64% de los aislamientos fue de 1,0. El 3,36% correspondió a errores menores. No se presentaron errores mayores. El tiempo de resultado final por nuestro método propuesto fue de 12 a 18 horas, mientras que por el método convencional fue de 48 horas. **Conclusiones.** Nuestro protocolo directo empleando nefelometría láser se convierte en una estrategia efectiva para reducir el tiempo de identificación y perfil de susceptibilidad de bacilos Gram negativos causantes de bacteriemias, con un ahorro de tiempo de 30 a 36 horas, lo cual ayudaría a implementar terapias antibióticas dirigidas y mejorar los desenlaces de los pacientes.

INVESTIGACIÓN CLÍNICA Y SALUD PÚBLICA

O-095. Evaluación de contaminación bacteriana en teléfonos celulares de estudiantes de clínicas odontológicas, Universidad Antonio Nariño sede Bucaramanga.

Buenahora L, Mejía C, Aguilar E, Sanchez J, Universidad Antonio Nariño. Bucaramanga.
juanipsan3@uan.edu.co

Introducción. La superficie de teléfonos móviles es una fuente para la transmisión de microorganismos potencialmente patógenos. Frecuentemente el personal de salud desestima la posibilidad de acumular y hacer transmisión cruzada de estos microorganismos durante la atención a los pacientes. Por ello, el objetivo fue identificar la presencia de *Staphylococcus aureus* y *Escherichia coli* en teléfonos móviles de estudiantes de clínicas odontológicas. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo transversal, muestreando por medio de hisopado 60 pantallas celulares. Se realizó siembras en caldo BHI y agar nutritivo y resiembra en agar sangre, agar MacConkey y agar citrato de Simmons. Los datos fueron analizados a través del programa estadístico GraphPad Prism 5. **Resultados.** En el 93,3% de las pantallas celulares se obtuvo crecimiento bacteriano. El 57,1% de los crecimientos tuvo un recuento de total de microorganismos mayor a 10 UFC/mL. La prevalencia de *Staphylococcus aureus*

fue 16,6%, *Escherichia coli* 13,3% y *Staphylococcus coagulans* negativos 58,3%. De estos últimos, el 85,7% correspondió a *Staphylococcus epidermidis*. El 72% de los teléfonos móviles se usan durante la práctica y el 50% es manipulado con los guantes en uso puestos. El 31% de los estudiantes realiza una limpieza con alcohol o benzaldina. **Conclusiones.** El uso de teléfonos celulares durante la atención odontológica es una fuente de transmisión tanto de microbiota del cuerpo humano como de agentes infecciosos patógenos. Se recomienda la restricción del uso de teléfonos durante las prácticas clínicas y en caso necesario, el cumplimiento estricto de protocolos de limpieza y desinfección de estos elementos.

MODALIDAD ORAL TRABAJOS COMPLETOS

INVESTIGACIÓN BÁSICA

TC-002. Evaluación de la actividad antimicrobiana, el efecto en la expresión de TNF α inducida por LPS y la cicatrización *in vitro* de las oxysterlinas 1, 2 y 3 del escarabajo coprófago *Oxysternon conspiciatum*.

Toro L, Téllez G, Castaño J. Universidad del Quindío. Armenia.
jltores@uqvirtual.edu.co

Introducción. Los péptidos de defensa del hospedero se encuentran en una gran variedad de organismos y son reconocidos por tener actividad antimicrobiana, cicatrizantes e inmunomoduladoras; previamente, hemos descrito tres péptidos de la familia de las cecropinas, denominadas oxysterlinas 1, 2 y 3. Estas tienen características fisicoquímicas y estructurales que los convierten en péptidos con potenciales actividades biológicas. **Materiales y métodos.** Las oxysterlinas 1, 2 y 3 fueron sintetizadas y evaluadas contra diferentes microorganismos por microdilución en placa, la actividad citotóxica se evaluó sobre eritrocitos humanos, células vero y PBMCs. Se evaluó si los péptidos afectan la producción de la TNF α en PBMCs activadas con LPS y se evaluó la capacidad de estos tres péptidos de inducir cicatrización *in vitro*. **Resultados.** Las oxysterlinas 1, 2 y 3 fueron activas frente a bacterias Gram -, + y C. parapsilopsis (MICs 3,12 - 50 μ g/mL). Las oxysterlinas tuvieron baja toxicidad. Las oxysterlinas 1 y 3 indujeron migración celular a 0,62 μ g/mL y 0,31 μ g/mL en HaCat, después de 24 h en comparación con el control de células. Las oxysterlinas 2 y 3 a 6,25 μ g/mL inhiben esta producción en presencia de LPS. **Conclusiones.** Las oxysterlinas 1, 2 y 3 son cecropinas, con estructura alfa hélice. Son activas frente a bacterias Gram - y Gram + y tienen baja actividad citotóxica en células vero, PBMCs y eritrocitos humanos. Además, modulan la producción de TNF α en un modelo de inducción *in vitro* de PBMCs con LPS.

INFECCIÓN POR VIH/SIDA

TC-004. Factores de riesgo cardiovascular y comorbilidades en pacientes con VIH.

Valderrama-Beltrán S, Alvarez-Moreno C, Martínez-Vernaza S, Figueredo M, Arévalo-Mora, L. Cuervo J, Blair, K. De La Hoz A, Quiroga C, Martínez E, Sussman, O. Mantilla-Suárez M, Ramírez C, González C, Montero-Riascos L, Botero M, Alzate-Ángel J, García-Garzón M, Franco J, Lenis W, Mueses H, Galindo-Orrego J, Stand J, Rodríguez D, Villamil L, Fonseca N, Alzamora D, Ramos O, Tobón W, León S, Rojas-Rojas M, Urrego J, Beltrán-Rodríguez C, Hospital Universitario San Ignacio. Pontificia Universidad Javeriana. Clínica Colsanitas. Universidad Nacional de Colombia. CEPAIN. Bogotá. David Geffen School of Medicine University of California. Los Angeles. SIES Salud. Universidad del Valle. Cali. Infectoclínicos. Bogotá. TODOMED. Cali. CIB. Medellín. Recuperar. Cali. Corporisa. Cali. Asistencia Científica de Alta Complejidad. Bogotá. Vivir Bien. Cartagena. MSD Colombia. Bogotá. Víhcol, G. GRUPO VIHCOL.
smvernaza@husi.org.co

Introducción. Los pacientes con VIH tienen un alto riesgo de eventos cardiovasculares (ECV). El objetivo del estudio fue describir la prevalencia de los factores de riesgo cardiovascular y comorbilidades en esta población en Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio de corte transversal en 23 centros de atención de VIH. Se incluyeron pacientes mayores de 18 años con o sin tratamiento antirretroviral, con al menos seis meses de seguimiento. Se realizó un cálculo de tamaño de muestra estratificado para determinar la preva-

lencia. Se realizaron análisis univariado y bivariado para encontrar diferencias por edad, sexo y régimen de afiliación. **Resultados.** Se incluyeron un total de 1.616 pacientes. El 82,9% eran hombres, la mediana de edad fue 34 años. La prevalencia ajustada de dislipidemia, tabaquismo, hipotiroidismo e hipertensión fue del 51,20%, 7,61%, 7,40% y 6,37% respectivamente. La frecuencia de dislipidemia (78,9%), hipertensión (23,9%), diabetes mellitus tipo 2 (6,4%), síndrome metabólico (2,1%), enfermedad renal crónica (6%), osteoporosis (8%) y eventos cardiovasculares (1,4%) fueron más prevalentes en personas mayores de 50 años. La prevalencia de tabaquismo fue mayor en hombres (12,9%) y de osteoporosis y osteopenia en mujeres (5,2% y 4,4% respectivamente). En el régimen contributivo (61,4%) fue más frecuente la dislipidemia. **Conclusiones.** Existe una alta prevalencia de factores de riesgo modificables de ECV como la dislipidemia, que puede ser objeto de intervenciones. La mayoría de factores de riesgo cardiovascular son más comunes en la población de 50 años o más, por lo que se debe reforzar el cribado y el manejo de los factores modificables en este grupo.

INVESTIGACIÓN CLÍNICA Y SALUD PÚBLICA

TC-006. Melioidosis, enfermedad emergente en Colombia serie de casos y revisión de la literatura.

Rodríguez K, Uribe L, López J, Torres M, Universidad Industrial de Santander. Hospital Universitario Los comuneros de Bucaramanga. Bucaramanga.
carbapenemasakp@gmail.com

Introducción. La melioidosis es una enfermedad de difícil diagnóstico, requiere de una alta sospecha clínica y epidemiológica combinada con un buen sistema de identificación microbiológico. Un retraso en el diagnóstico puede ser fatal con una mortalidad cerca del 10 - 50%. La melioidosis es endémica en el norte de Australia y el noreste de Tailandia, se han reportado brotes en China, islas del Océano Pacífico, Índico y ciertas regiones de América y África. En Colombia a la fecha se han reportado 11 casos en la región centro oeste, ninguno de ellos en Santander, Norte de Santander o los llanos orientales. El presente trabajo reporta 6 casos documentados por primera vez en pacientes de estas regiones. **Materiales y métodos.** Descripción de serie de caso **Resultados.** Se identificaron seis casos, todos con factores de riesgo en común: sexo masculino, de zonas rurales cálidas, actividades ocupacionales asociadas a los posibles mecanismos de transmisión. Los seis casos en su forma bacteriemia, cuatro con choque séptico, falla multiorgánica y compromiso genitourinario. Uno con compromiso osteoarticular y dos con compromiso de SNC y tejidos blandos y uno con osteomielitis. Estos pacientes sin antecedentes de viajes fuera de sus regiones, lo que presume un establecimiento previo de la bacteria en estas zonas **Conclusiones.** Los factores de riesgo, la presentación clínica y las características medioambientales son similares a los casos reportados. Este es el primer reporte de casos en Santander, la variabilidad en la presentación clínica, la dificultad para la tipificación de la bacteria y la rápida progresión hacia desenlaces fatales, sugieren un subdiagnóstico y subregistro de esta enfermedad.

INFECCIÓN POR VIH/SIDA

TC-007. Prevalencia y caracterización de las neoplasias malignas en personas viviendo con VIH en Colombia.

Arévalo-Mora L, Martínez-Buitrago E, Posada M, Valderrama-Beltrán S, Segura S, García M, Sussmann O, Hernández B, Andrade J, Lenis W, Mantilla M, González C, Franco J, Galindo X, Mueses H, Álzate J, Fonseca N, García O, Ramos O, Montero L, Cuartas A, Pardo J, CEPAIN Cali. CEPAIN Bogotá. Hospital Universitario del Valle. Cali. SIES Medellín. Hospital Universitario San Ignacio. Asistencia Científica. Bogotá. Infectoclínicos. Recuperar Cali. SIES Cali. SIES Pereira. CORPOSIDA Cali. SIES Armenia. CIB Medellín. CEPAIN Armenia. CEPAIN Neiva. TODOMED Cali. CEPAIN Manizales. GRUPO VIHCOL. larevalom79@hotmail.com

Introducción. En el síndrome de inmunodeficiencia adquirida las neoplasias han jugado un papel preponderante, y con el advenimiento del tratamiento antirretroviral (TAR), el VIH se ha transformado en una enfermedad crónica, siendo los tumores malignos una causa importante de morbilidad y mortalidad **Materiales y métodos.** Revisión multicéntrica retrospectiva, de

corte transversal de todas las neoplasias malignas registradas en las historias clínicas a diciembre del 2018, en 15 centros de ocho ciudades de Colombia del Grupo VIHCOL **Resultados.** En 23.189 pacientes se identificaron 650 casos de neoplasias malignas, con una prevalencia de 2,8% (IC95% 2,6-2,9), 86% fueron hombres, entre 20 y 71 años (media 47,2 años IC95% [46,3-48,2]. La mediana del recuento de los linfocitos CD4 al diagnóstico de la neoplasia fue 154 células/mm³ (RIQ: 57-329 células/mm³), el de la población general al diagnóstico de VIH fue de 363,5 células/mm³. El 68,9% presentaron neoplasias definitorias de Sida (NDS), 53% se encontraban en tratamiento antirretroviral cuando fueron diagnosticados con neoplasias malignas. La neoplasia más frecuente fue sarcoma de Kaposi y la mortalidad asociada fue 5,06%. **Conclusiones.** En pacientes con VIH en Colombia, las neoplasias definitorias de Sida son más frecuentes y se presentan usualmente al momento del diagnóstico de la infección por VIH. La presentación tardía y el inicio de TAR en fases avanzadas son factores determinantes, en contraste con los pacientes en TAR en quienes las neoplasias no definitorias de Sida son más prevalentes. Se requiere intensificar esfuerzos en el diagnóstico y tratamiento tempranos de los pacientes con VIH en Colombia como prevención de las NDS.

INFECTOLOGÍA DE ADULTOS

TC-010. Caracterización epidemiológica, clínica y microbiológica de una serie de pacientes con meningitis tuberculosa.

Restrepo M, Gómez M, Becerra G, Peña C, Ospina S, Universidad de Antioquia. Hospital San Vicente Fundación. Medellín.
doctorsigifredo@gmail.com

Introducción. El propósito de este estudio fue determinar las características epidemiológicas, clínicas y microbiológicas de una serie de pacientes con meningitis tuberculosa atendidos en un hospital de alta complejidad. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo, en pacientes con meningitis tuberculosa definitiva, en el que se analizaron las características epidemiológicas, clínicas y microbiológicas; los datos fueron ingresados y tabulados en una base de datos en Excel (Microsoft®); para el análisis se utilizó el paquete estadístico (SPSS v. 20(IBM) ®, a partir del cual se obtuvieron medidas de tendencia central, de dispersión, y frecuencias absolutas y relativas. **Resultados.** Se estudiaron 36 pacientes con diagnóstico definitivo de meningitis tuberculosa, de los cuales el 69,4% eran hombres; la edad promedio fue de 37,9 (ds:20,2) años; el 66,6% tenían alguna forma de tuberculosis concomitante; los síntomas más frecuentes fueron la cefalea, los movimientos involuntarios y la fiebre; la comorbilidad más frecuente fue el virus de la inmunodeficiencia humana en un 33,3% de los pacientes; el cultivo de LCR fue positivo en el 87,1%, la baciloscopia en el 9,7%, y la prueba molecular Xpert MTB/RIF en el 63,1%; la proporción de mortalidad fue de 44,4%, siendo mayor en el grupo con VIH. **Conclusiones.** La meningitis tuberculosa es una entidad que genera alta mortalidad y complicaciones, y cuyas pruebas diagnósticas presentan problemas de desempeño.

MODALIDAD EN POSTER

EPIDEMIOLOGÍA HOSPITALARIA, INFECCIONES INTRAHOSPITALARIAS Y CONTROL DE INFECCIONES

P-001. Caracterización de la infección intraabdominal complicada en un hospital de tercer nivel de complejidad de la ciudad de Medellín.

Agudelo P, Hernández M, Pacheco K, Berrio I, Toro M, Jiménez J, Cienfuegos A. Línea de Epidemiología Molecular y Resistencia Bacteriana, Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA). Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Hospital General de Medellín. Medellín.
pagudelo@hgm.gov.co

Introducción. Las infecciones intraabdominales complicadas (IIAC) son causa importante de morbilidad y frecuentemente están asociadas a mortalidad. El objetivo del estudio es caracterizar la IIAC en un hospital de Medellín. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo en pacientes mayores de 15 años con diagnóstico de IIAC y cultivo positivo, que ingresaron al hospital entre los años 2015 a 2019. **Resultados.** Se obtuvieron datos de 448 pacientes, 54,0% fueron hombres y la mediana de edad fue 57 años (RIC 36-70). El 42,4% de las infecciones fueron mixtas y los principales agentes aislados fueron *Escheri-*

chia coli (54,6%), *Klebsiella pneumoniae* (13,8%), *Enterococcus faecalis* (11,6%), *Pseudomonas aeruginosa* (11,1%) y *Candida albicans* (10,9%). En la peritonitis primaria y secundaria predominó *E. coli* (39,6% y 61,6%, respectivamente) y en la peritonitis grave predominó *Candida spp.* (47,7%). El porcentaje de producción de BLEE osciló entre el 7,0% y 8,0% independiente del tipo de peritonitis, el porcentaje de carbapenemasas fue 1,0% para primarias y secundarias y 6,0% para las terciarias. El 20,5% de los pacientes fallecieron, de los cuales el 98,9% fueron clasificados como alto riesgo, 59,7% presentó peritonitis secundaria, 52,8% requirieron UCI, 84,8% tuvieron una comorbilidad. El porcentaje de BLEE y carbapenemasas fue 8,0% y 5,0% respectivamente. **Conclusiones.** El cubrimiento antibiótico de la IAC requiere el conocimiento de la microbiología local. *E. coli* y *K. pneumoniae* predominaron en peritonitis primaria y secundaria, y *Candida spp.* en terciaria. Se encontró un bajo porcentaje de BLEE y carbapenemasas.

P-002. Colonización por *Acinetobacter spp.* y *Pseudomonas spp.* resistentes a carbapenémicos en pacientes hospitalizados en dos unidades de cuidado intensivo en Colombia.

Espitia C, Martínez J, Carvajal L, Vargas S, Hernández A, Echeverri A, Castro B, Ordoñez K, Mora L, Salcedo S, Arias C, Díaz L, Rincón S, Reyes J, Unidad de Genética y Resistencia Antimicrobiana at Universidad el Bosque. E.S.E. Hospital Universitario San Jorge de Pereira. Clínica General del Norte. Center for Antimicrobial Resistance and Microbial Genomics; UHealth McGovern. Unidad de Genética y Resistencia Antimicrobiana at Universidad el Bosque. Bogotá.
lcespitiaa@unbosque.edu.co

Introducción. *Acinetobacter spp.* y *Pseudomonas spp.* Resistente a carbapenémicos (ARC/PRC) son causa importante de infecciones hospitalarias. Su capacidad de colonización se asocia a resistencia a desinfectantes y múltiples antibióticos, persistiendo en ambientes clínicos y catalogándose como problema de salud pública. Se investigó colonización por ARC/PRC en pacientes de UCI en dos hospitales colombianos. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de cohorte prospectivo en dos hospitales de alta complejidad. Se tomaron hisopados nasales y rectales de pacientes adultos admitidos en UCI al día 0 y 7 de admisión, o cuando presentaron infección. Los aislamientos bacterianos fueron identificados empleando agares cromogénicos y para la información clínica se utilizó REDCap. Se analizaron los índices de Charlson(CCI), Pitt(PBS) y el desenlace clínico. **Resultados.** De 35 pacientes, 1 (3%) y 13 (37%) presentaron colonización por ARC y PRC, respectivamente. De estos 14 pacientes la mayoría fueron hombres (71%), edad media de 60 años, admitidos principalmente por transferencias hospitalarias (86%). Valores CCI y PBS fueron 2 y 3, respectivamente. La mayoría de pacientes (57%) presentaron co-colonización de *Pseudomonas* y *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos y la comorbilidad más frecuente fue EPOC (71%). 43% de los casos reportó uso de antibióticos, incluyendo anti-pseudomónicos como carbapenémicos, cefalosporinas de tercera y cuarta generación y piperacilina-tazobactam. Todos los pacientes presentaron algún dispositivo médico invasivo y la mortalidad fue 7%. **Conclusiones.** La colonización por ARC/PRC es altamente prevalente (40%) en pacientes de dos UCI en Colombia. Dada la complejidad de la epidemiología de infecciones por ARC/PRC, es adecuado considerar la continua vigilancia en hospitales de Colombia. Colciencias-MinCiencias:130880764152.

P-003. Impacto de la estrategia “Guardianes de tu salud” en sospecha de infección por SARS-CoV-2 en trabajadores de salud en una institución de IV nivel de atención de Colombia.

Fonseca M, Pallares C, Cobo S, Venté E, Villegas M, Oñate J, Centro Médico Imbanaco de Cali. Universidad El Bosque. Bogotá.
christian.pallares@imbanaco.com.co

Introducción. SARS-CoV-2 es un reto para hospitales, incluyendo trabajadores de salud, donde pese a bioseguridad el contagio reportado es alto. La fuente no sólo son pacientes, también compañeros de trabajo por falta de distanciamiento físico y no uso de tapabocas. Debido al impacto en operación hospitalaria, días de incapacidad y salud en trabajadores, es fundamental establecer una estrategia que incluya detección, aislamiento, apoyo psicológico y seguimiento. El objetivo del estudio fue evaluar el impacto de la estrategia “Guardianes de tu salud” en infección por SARS-CoV-2 en trabajadores de salud. **Materiales y métodos.** Estudio cuasiexperimental. Se conformó equipo multidisciplinario de 22 profesionales en salud llamados “Guardianes” (comité de infecciones, salud laboral, rehabilitación física y apoyo emocional). Se asig-

nó un guardián por grupo de personas, de acuerdo con terminación del número de cédula. Cada Guardián monitorizó síntomas de sus protegidos y ordenó RT-PCR según pertinencia. Se hizo vigilancia en áreas asistenciales/administrativas evaluando condiciones de seguridad y salud en el trabajo, protocolos de bioseguridad, distanciamiento físico e higiene de manos. **Resultados.** Entre marzo y julio 2020 se realizaron 734 RT-PCR y 112 pruebas serológicas (IgG/IgM), detectando 127 trabajadores positivos para SARS-CoV-2; 31% hombres y 69% mujeres, 83% sin comorbilidades, 39% personal administrativo y 78% sin nexo laboral; 2 requirieron cuidado intensivo (mortalidad 0%). Se realizaron 140 intervenciones psicológicas, 143 cercos epidemiológicos y 2 clusters fueron identificados; la tasa de ataque global fue 2,7%. **Conclusiones.** Las estrategias de detección temprana e intervención multidisciplinaria evitan contagios masivos por SARS-CoV-2 en los trabajadores de salud.

P-004. Prescripción de antibióticos en pediatría antes y después del inicio de la pandemia por SARS-CoV-2 en la Clínica Infantil Santa María del Lago.

Gutiérrez I, Bravo J, Hernández M, Cabrera A, Sánchez C, Preciado J, Beltrán A, Clínica Infantil Santa María del Lago. Bogotá.
ivanfelipegutierrez@gmail.com

Introducción. El primer caso de COVID-19 en Colombia se reportó en marzo 5 de 2020. La pandemia y las cuarentenas modificaron la consulta en pediatría. Se describen los cambios en la prescripción de antibióticos. **Materiales y métodos.** Observacional, descriptivo y analítico. Se comparó la prescripción en el período de febrero/abril y mayo/julio de 2020. Se incluyeron todas las prescripciones de antibióticos. **Resultados.** En el primer período (PP) se prescribieron 1.239 antibióticos, y en el segundo (SP) 786. Los más frecuentes en PP: ampicilina-sulbactam 238 (19,3%), cefazolina 173 (14%), amoxicilina y claritromicina 103 (8,3%). En SP ampicilina-sulbactam 199 (25,4%), cefazolina 141 (18%), cefalexina 59 (7,5%). En PP infección respiratoria baja (IRAB) fue el diagnóstico más frecuente 363 (29%), seguido de IVU 285 (23%), y quirúrgico 182 (14%), en el SP, IVU 226 (28%), quirúrgico 175 (22%), piel y tejidos blandos 127 (16%); en SP las IRAB ocupan quinto lugar 43 (5,4%)(p=0.001). En PP 83 (6,2%) antibióticos se indicaron por vía oral, frente a 218 (27,8%)(p=0.001) en SP. En PP se prescribieron 89 (7%) y en el segundo 51 (6,4%) de antibióticos controlados (p=0.5482). En los 2 períodos ceftriaxona (52% vs 41%) (p=0.1721) y piperacilina-tazobactam (17,9% vs 29%) (p=0.2704) fueron los más frecuentes sin embargo en PP la razón de ab amplio espectro fue IRA baja, mientras que SP fue por otros (FSFA, protocolo abuso sexual, riesgo bacteriemia). IRA baja ocupó el sexto lugar. **Conclusiones.** La dinámica en la prescripción de antibióticos en pediatría en la CISML es diferente. Aumento de vía oral, franca disminución en la prescripción de antibióticos para infección respiratoria con similar frecuencia de amplio espectro, pero por razones diferentes.

P-005. Brote por SARS-CoV-2 en trabajadores de la salud de la unidad de recién nacidos de la Clínica Palermo de la ciudad de Bogotá D.C., Colombia. Abril-mayo 2020

Taylor L, Medina T, Torres M, Sussmann O, Clínica Palermo. Bogotá.
laurataylor06@hotmail.com

Introducción. Se reporta al sistema de vigilancia nacional de Infecciones Asociadas a la Atención en Salud (IAAS), una alerta de brote por SARS-CoV-2/COVID-19 en la Unidad de Cuidado Intensivo Neonatal (UCIN). Se confirmó por medio de reporte positivo para RT-PCR en 2 trabajadores de salud, con la cual se inicia el estudio de brote entre abril y mayo del 2020, en este documento presentamos los resultados. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de brote de IAAS, bajo la metodología propuesta por el Instituto Nacional de Salud de Colombia que permite verificar el evento, realizar su caracterización y abordaje sistemático. Se practican pruebas de RT-PCR a trabajadores del área y pacientes, interrogatorio de síntomas y uso de EPP. **Resultados.** Se identificaron 18 casos, 14 sintomáticos y 4 asintomáticos. La curva epidémica mostró el brote durante tres periodos epidemiológicos. La tasa de ataque fue de 10,3%. Se observó un mayor riesgo de contagio en la entrega de turno, áreas de descanso y alimentación, vestidores y traslado trabajo-casa-trabajo. No hubo afecciones severas ni mortalidad asociada tanto en trabajadores de la salud como en pacientes. **Conclusiones.** El brote se produce por fallas en el distanciamiento social y un uso no adecuado de EPP. Se recomienda enfatizar en: uso adecuado EPP, lavado e higienización de manos, fortalecer procedimientos de limpieza y desinfección de superficies. Posterior a esto no se han presentado más casos en el área.

P-006. Costoeficiencia de tapones desinfectantes para prevenir infección del torrente sanguíneo asociada a catéter venoso central (ITS-AC) en pacientes inmunosuprimidos en un hospital colombiano.

Rodríguez A, Rivera J, Pallares C, Centro Médico Imbanaco de Cali; Universidad Javeriana de Cali.
christian.pallares@imbanaco.com.co

Introducción. ITS-AC es frecuente y costosa. Prevenir contaminación intraluminal ha demostrado impacto, pero adherencia en desinfección de puertos con isopañes es mala, porque lleva tiempo (30-40 segundos por puerto). Tapones desinfectantes reducen 40%-86% ITS-AC; no se necesita dedicar tiempo a limpieza y hay desinfección pasiva que puede durar 7 días si no se retiran. Esta tecnología es nueva, poca experiencia nacional. El objetivo del estudio fue evaluar costoeficiencia del uso de tapones en conectores de catéter venoso central (CVC). **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte prospectivo en sala de trasplante. Pacientes fueron seleccionados no aleatoriamente. Exposición se definió por uso o no de tapones y se realizó seguimiento hasta el alta o infección. Incidencia ITS-AC, adherencia al mantenimiento, tiempos, costos relacionados con enfermería fueron medidos. Se utilizó estadística descriptiva para variables sociodemográficas y clínicas. Los tiempos de mantenimiento de CVC fueron comparados. Valores de $p < 0,05$ fueron significativos. **Resultados.** Se reclutaron 18 pacientes (9 expuestos y 9 no expuestos). Mediana de seguimiento 36 (9-49) y 19 días (11-46) ($p=0,40$). No hubo diferencias por diagnóstico, sexo, estancia hospitalaria, días de uso catéter y adherencia a bundles de mantenimiento. ITS-AC en expuestos 11% ($n=1$) y 44% ($n=4$) en no expuestos ($p<0,05$). Costo promedio diario de usar tapones, incluido personal de enfermería, insumos y tiempo empleado 3,4USD y sin tecnología 1,7USD. Inversión de tapones por día en un paciente 1,5USD. Costo promedio del total de ITS-AC 3846USD (2277USD - 5538USD). **Conclusiones.** Los tapones son rentables para prevenir ITS-AC, especialmente en pacientes inmunosuprimidos.

P-008. Implementación e impacto de un programa de búsqueda activa de IAAS como parte de las estrategias del comité de control y prevención de infecciones en la Clínica Infantil Colsubsidio.

Hernández M, Cely D, Gutiérrez I, Prieto L, Londoño J, Clínica Infantil Colsubsidio. Bogotá.
ivanfelipegutierrez@gmail.com

Introducción. La notificación de Infecciones Asociadas a la Atención en Salud (IAAS) refleja la calidad de atención de los pacientes. Se describe la experiencia de la participación del personal asistencial como parte de un programa de búsqueda activa de IAAS. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo. Desde 2017 se implementó una estrategia para la notificación de IAAS en los servicios. Se dispuso de una carpeta para la notificación por parte del grupo asistencial, con indicación de registrar a todo paciente que presente deterioro infeccioso después de: a) 48 horas de hospitalización, o b) Antecedente de cirugía reciente, mas algunas de las siguientes: reaparición de la fiebre, escalonamiento antibiótico, datos de sepsis, secreción purulenta por herida, calor, rubor dolor o edema en herida, datos de flebitis o panel viral positivo. Se identifica el caso y se valida diariamente por el CIAAS. Previa implementación se socializó y capacitó en la estrategia. **Resultados.** En el año 2017 se notificaron 73 casos y se aceptaron 62 (82%), en 2018, 276 y aceptadas 144 (52%) y en 2019, 193 y aceptadas 104 (53%). En promedio se aceptaron el 62% de los casos reportados. Con respecto al total de la IAAS detectadas, incluyendo las estrategias usuales del comité, el programa de búsqueda activa implementado detectó 310/526 casos; es decir, permitió la detección del 58% de las IAAS identificadas en la institución durante el periodo de tiempo incluido. **Conclusiones.** Involucrar a servicios asistenciales es una buena estrategia para optimizar la detección de IAAS, empodera a los servicios y permite destinar tiempo en capacitación y en otras estrategia de mejora.

P-009. Costos hospitalarios en pacientes con infecciones por microorganismos resistentes a carbapenémicos en un hospital de tercer nivel.

Nocua-Báez L, Latorre A, Cortés J, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
lcnocub@unal.edu.co

Introducción. Existe información limitada en el costo de las infecciones por microorganismos resistentes a carbapenémicos (MRC). El objetivo es describir los costos de infecciones por MRC y establecer si estos microorganismos

tienen impacto en los costos globales de hospitalización. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, analítico de casos y controles. La población correspondió a pacientes del Hospital Universitario Nacional de Colombia. Los casos fueron pacientes con aislamiento de MRC y dos controles con aislamiento de bacterias no resistentes. La información se analizó con Stata 15.0. **Resultados.** Se identificaron 30 casos y 88 controles en 2019. Entre los casos se aislaron 33 microorganismos: 24 de *K. pneumoniae* (72,7%), entre los controles 102: 42 especies de *Klebsiella* (41,2%). El OR de un aislamiento de *Klebsiella* entre los casos fue de 4,1 (IC95% 1,5-12,5). 66% de los casos requirieron UCI vs 37,5% de los controles (OR 3,3 IC95% 1,3-8,9). La mediana de estancia entre los casos fue de 33 días (RIC 18-46) y en los controles fue de 27 días (RIC 11-42) ($p=0,09$). La mediana del costo total entre los casos fue de \$53.5 millones (RIC 34,4-100,6) y en los controles fue de \$32.8 millones (RIC 11-53,2) ($p=0,004$). Los predictores del costo identificados en el modelo de regresión multivariada fueron ser un caso (coeficiente 31, IC95% 2,9-59,5) y la estancia (2, IC95% 1,6-2,4). **Conclusiones.** En una institución de referencia de tercer nivel, las infecciones producidas por MRC se asociaron con mayor costo, aunque no con mayor estancia a realizar un ajuste pareado por edad, sexo y fecha de ingreso.

P-010. Factores asociados a infección del sitio operatorio en población pediátrica sometida a cirugía cardiovascular entre 2015 y 2018 en la Fundación Cardiovascular de Colombia.

Manosalva L, Vargas J, Aguilar J, Fundación Cardiovascular de Colombia. Universidad de Santander. Bucaramanga.
lmanosalvaarciniegas@yahoo.com

Introducción. Las intervenciones quirúrgicas en cardiopatías congénitas, se convierten en un escenario para la presentación de infección del sitio operatorio (ISO); dada su complejidad aumentan la probabilidad de este tipo de infecciones por lo que el objetivo del presente estudio fue, determinar la frecuencia de infecciones en el sitio operatorio y factores asociados en población pediátrica sometida a cirugía cardiovascular entre 2015 y 2018 en la Fundación Cardiovascular de Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó una revisión de los registros clínicos del servicio de cirugía cardiovascular pediátrica entre los años 2015 al 2018 con el fin de determinar la frecuencia de ISO. Para identificar los factores asociados a la ISO se llevó a cabo un estudio de casos y controles en niños de 0 a 18 años ($n=93$). Se evaluaron variables sociodemográficas y factores preoperatorios, intraoperatorios y postoperatorios de las infecciones del sitio operatorio, mediante análisis descriptivo, bivariado y multivariado utilizando prueba de Chi cuadrado, U de Mann Whitney y Kruskal-Wallis. **Resultados.** Se observó una asociación estadísticamente significativa entre la ISO con la hospitalización preoperatoria (OR 28,1 IC 95% 3,6 - 218,2), el uso de tubos a mediastino (10,7 IC 95% 2,0 - 56,9) entre otros factores. La frecuencia de infección del sitio operatorio (ISO) en el periodo entre 2015 y 2018 fue del 3%, siendo las infecciones superficiales las más frecuentes, seguidas de las infecciones de órgano espacio y profundas. **Conclusiones.** Existen factores postoperatorios asociados a infección, susceptibles de modificación, que podrían constituirse como medidas de prevención en este tipo de pacientes.

P-011. Colonización bacteriana del tracto respiratorio inferior en pacientes con COVID-19 en ventilación mecánica invasiva en una unidad de cuidados intensivos de Barranquilla, Colombia.

Algarín H, Rodado R, Bojanini F, Osorio E, Patiño J, Huertas S, Arciniegas Y, Montalvo K, Guevara E, Camino Universitario Distrital Adelita De Char; Barranquilla.
osorioelver@gmail.com

Introducción. Las infecciones microbianas durante la COVID-19 generan mayor mortalidad, sin embargo, existe poca evidencia científica de su asociación con colonización bacteriana del tracto respiratorio inferior. El objetivo del trabajo fue determinar la frecuencia de aislamientos microbianos en muestra de aspirado bronquial en pacientes con ventilación mecánica invasiva. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo de corte transversal que incluyó la información de 79 pacientes con reporte de muestra de aspirado bronquial en una unidad de cuidados intensivos. Se determinó la frecuencia de los microorganismos y su perfil de resistencia. En todos los parámetros estudiados se realizaron medidas de tendencia central y de chi cuadrado. **Resultados.** Se recolectaron 36 (45,56%) aislamientos. Los microorganismos aislados en mayor frecuencia *Klebsiella pneumoniae* (38,88%), *Pseudomonas aeruginosa* (19,44%), *Stenotrophomonas maltophilia* (19,44%), *Acinetobacter baumannii* (8,33%) y *Staphylococcus aureus* (5,55%). El 25% de los microorganismos aislados presentaron resistencia a aminoglucósidos, 11,1% a carbapenémicos y 19,44% a cefalosporinas de tercera generación El

87,5% de los pacientes con coinfección del tracto inferior tuvieron un desenlace fatal. **Conclusiones.** La disregulación inmunológica existente en pacientes COVID-19 en fase aguda con ventilación mecánica invasiva predispone a la coinfección de microorganismos bacterianos con perfil de resistencia especial, en el tracto inferior respiratorio lo cual suma al escenario de mortalidad.

INFECCIÓN POR VIH/SIDA

P-012. Gasto de Bolsillo de pacientes con diagnóstico de VIH/SIDA que asisten a un programa de control en Montería, Colombia.

Hernández J, Martínez L, Doria E, Álvarez L, Ruiz C, Roldán M, Villegas J, Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín.
linam.martinez@upb.edu.co

Introducción. Conocer los gastos de bolsillo de los pacientes con diagnóstico de VIH/SIDA que asisten a un programa de control de su enfermedad en la ciudad de Montería. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, descriptivo, prospectivo. Se incluyeron pacientes con diagnóstico de VIH/SIDA que asistieron entre julio y diciembre de 2018 al programa de control en la ciudad de Montería. Para determinar los costos se tuvo en cuenta la metodología definida por Coyle y Drummond y se clasificaron los costos en directos e indirectos. **Resultados.** Se incluyeron 54 pacientes con una edad promedio de 36 años, todos pertenecientes al régimen subsidiado de salud; el 59% desempleados, con un ingreso promedio de \$331.296 pesos. Los gastos en transporte fueron en promedio de \$49.185 pesos. Los costos directos (consulta, laboratorios, medicamentos y copagos) fueron en promedio \$76.889 pesos siendo el más importante las ayudas diagnósticas con \$22.407 pesos. Los costos indirectos (incapacidades, dinero que se dejan de recibir) fueron en promedio \$147.833 pesos. Los costos totales asumidos por los pacientes, fueron de \$273.907 pesos. El 44% de los pacientes dijo recibir algún tipo de beneficio económico por la EPS, IPS o la alcaldía, por un valor promedio de \$18.250 pesos. **Conclusiones.** Los costos de bolsillo que asumen mensualmente representan el 83% de sus ingresos, lo que indica que su enfermedad se está comportando como un evento catastrófico. Aunque el programa nacional incluye la entrega de medicamentos antirretrovirales, los gastos en otros medicamentos, en pruebas de laboratorio y en incapacidades están impactando a los pacientes.

P-013. Respuesta de anticuerpos contra antígeno de superficie del virus de hepatitis B después de vacunación en pacientes con y sin infección por VIH.

Oñate J, Galindo X, Mueses H, Zapata A, Corporación de Lucha contra el Sida. Cali.
andresfzm@gmail.com

Introducción. La vacunación contra el virus de hepatitis B está indicada en los pacientes con infección por VIH. Se ha descrito menor respuesta en los pacientes VIH positivos comparados con pacientes seronegativos sanos. Se compararon la respuesta a la vacunación contra hepatitis B y los niveles de anticuerpos contra el antígeno de superficie en paciente con y sin infección por VIH que recibieron el esquema recomendado de vacunación. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio retrospectivo, transversal y comparativo entre pacientes VIH positivos y VIH negativos. Se analizaron variables sociodemográficas, clínicas, la respuesta a la vacunación y los niveles de anticuerpos contra el virus de hepatitis B por quimioluminiscencia. **Resultados.** Se analizaron 48 pacientes VIH positivos y 24 VIH negativos. Las mujeres representaron el 27% de los pacientes VIH positivos Vs 75% en el grupo de seronegativos. Los pacientes VIH positivos tenían una mediana de tiempo de infección de 30,5 meses (RIQ 61,5), con mediana de linfocitos T CD4+ de 444 cel/mL (RIQ 289,5), y el 92% con carga viral de VIH indetectable. En el grupo de VIH negativos 42% tenían alguna enfermedad inmunosupresora. La respuesta a la vacunación en el grupo VIH positivos fue de 83% Vs 75% en el grupo VIH negativos (p=ns) y la mediana de títulos de anticuerpos fue de 836,9 UI/L en VIH positivos y de 202 UI/L en VIH negativos (p=ns). No se encontraron diferencias con relación al valor de CD4+. **Conclusiones.** La vacuna contra hepatitis B es inmunogénica en pacientes VIH positivos en terapia antirretroviral y adecuada respuesta inmunoviroológica.

P-014. Primer tratamiento antirretroviral, duración e implicaciones: estudio observacional retrospectivo en un programa de atención de VIH en Colombia.

Arévalo L, Mantilla M, Cuartas A, Arroyave F, Santamaría G, Stand J, Pardo J, Ortega L, García O, Ramos O, Benítez S, Tobón W, Centro de Expertos para Atención Integral CEPAIN IPS. Bogotá.
larevalom79@hotmail.com

Introducción. Las amplias pautas en el país de inicio de tratamiento antirretroviral a lo largo de los años han permitido ver la dinámica farmacológica de su uso. El objetivo de este estudio es conocer la duración del primer tratamiento antirretroviral en pacientes VIH naive. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, retrospectivo en pacientes que se encuentran activos en seguimiento en las ciudades de Armenia, Bogotá, Cali, Cúcuta, Ibagué, Manizales, Neiva, Pasto, Pereira, Tunja, Villavicencio, y Yopal entre el periodo del 1 de enero de 2001 y el 30 de septiembre de 2019. **Resultados.** De 9.773 pacientes que son atendidos en las diferentes sedes, aún permanecen en el primer esquema antirretroviral el 7,4, 15,5, 32,6, y 71,8% de los pacientes que iniciaron tratamiento en los periodos de 2001-2005, 2006-2010, 2011-2015, y 2016-2019 respectivamente. La mediana de duración del primer tratamiento para los periodos 2001-2005, 2006-2010, 2011-2015 fue de 14,7, 10,1, y 5,0 años. Este primer esquema tuvo una duración de más de 5 años en 12,4% de los pacientes que iniciaron entre 2001-2005, 15,5% para el 2006-2010, y 20,7% en 2011-2015 Para el periodo de 2001-2005 y 2006-2010 los medicamentos con mayor proporción en duración fueron zidovudina+lamivudina y efavirenz, para 2010-2015 fueron abacavir+lamivudina, efavirenz y de 2016-2019 fue tenofovir+emtricitabina y efavirenz. **Conclusiones.** La duración del primer tratamiento continúa siendo inmensamente variable, se evidencia que hay factores fundamentales como año de inicio, y tipo de medicamento utilizado, siendo la duración a más de 5 años menor al 50% de los pacientes que iniciaron con su primera medicación.

P-015. Crisis de salud pública en la frontera colombo-venezolana: El caso de la tuberculosis y el VIH.

Arenas N, Cuervo L, Ávila E, Pineda-Peña A, Universidad Antonio Nariño. Universidad del Rosario. Universidad de Cundinamarca. Bogotá.
narenas69@uan.edu.co

Introducción. Las migraciones humanas han determinado la diseminación de diversas enfermedades infecciosas determinando su expansión por la emergencia de brotes entre la población. Objetivo: Analizar el comportamiento epidemiológico de la tuberculosis (TB) y VIH en la frontera colombo-venezolana. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio retrospectivo de TB y VIH. Se realizó con base a los registros del Sistema de Vigilancia de Colombia (SIVIGILA), informes oficiales de la Organización Mundial de la Salud, Indexmundi, Observatorio Mundial de la Salud, Carga Global de Enfermedades y ONUSIDA. Se consideró la discapacidad en términos de AVAD (Años de vida ajustados por discapacidad) para ambos países. El análisis filogenético se realizó con secuencias de los genes pol en el programa MEGA X y HIV Alamos. **Resultados.** Los perfiles de los países con TB de Colombia y Venezuela fueron idénticos en términos de carga de enfermedad. Sin embargo, la prevalencia de TB ha incrementado por encima del promedio nacional en las provincias de Santander, Norte de Santander y La Guajira durante los últimos años. Se identificó la desfinanciación para los programas de control y el aumento de la discapacidad en pacientes con VIH/SIDA en Venezuela. El análisis filogenético mostró tres grupos definidos con una alta similitud genética entre los aislamientos de la frontera entre Colombia y Venezuela. **Conclusiones.** Los problemas respecto a la migración y crisis económica venezolana podrían afectar considerablemente el desempeño de los programas de control y el comportamiento epidemiológico de la TB y VIH/SIDA en Colombia, especialmente hacia los departamentos fronterizos.

P-016. Patrones de prescripción y causas de cambio de antirretrovirales en una institución especializada de atención en VIH/SIDA.

Bernal M, Sussmann O, Coral L, Asistencia Científica de Alta Complejidad S.A.S. Bogotá.
mauriciobernal@outlook.com

Introducción. Determinar los patrones de prescripción y cambio de medicamentos antirretrovirales en una institución especializada en atención en VIH/SIDA. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, observacional, con 6.456 pacientes adultos de ambos sexos, medicados con antirretrovirales, registrados en la base de datos de la cuenta de alto costo de la IPS con fecha de corte al 9 de mayo de 2019 a nivel nacional. **Resultados.** Edad promedio 42,7 años, 73,8% fueron de sexo masculino, 66,5% son del régimen subsidiado. Los esquemas más formulados fueron tenofovir/emtricitabina/efavirenz 17,7%, abacavir/lamivudina/efavirenz 12,9%, y tenofovir/emtricitabina/atazanavir/ritonavir 9,1%. El esquema más frecuente con inhibidor de integrasa fue tenofovir/emtricitabina/dolutegravir con el 1,7 %. La coformulación en 1 tableta

más frecuente además de tenofovir/emtricitabina/efavirenz (n = 1.143), fue abacavir/dolutegravir/lamivudina (n = 91). Los motivos para el primer cambio de esquema fueron, la intolerancia y los efectos secundarios 51,9%, siendo efavirenz el medicamento más frecuentemente reportado (n = 112), seguido de zidovudina/lamivudina. La falla terapéutica se reportó en un 24%, y las interacciones de medicamentos en el 9,5% como causales del primer cambio.

Conclusiones. La formulación de terapias de primera línea está correlacionada con la guía nacional, existe una preferencia por esquemas simplificados, que incluyen tenofovir/emtricitabina y abacavir/lamivudina. La causa más frecuente de cambio fueron eventos adversos e intolerancia que incluyen a efavirenz como el medicamento más asociado a este evento.

P-017. Implementación de PrEP en clínicas de VIH en Colombia- Estudio PrEP-COL.

Bolívar M, Alvarado B, Hurtado L, Arrivillaga M, Gómez S, Corporación de Lucha contra el Sida. Pontificia Universidad Javeriana. Cali. Queen's University.
mariabolivar@javerianacali.edu.co

Introducción. La profilaxis preexposición al VIH (PrEP) reduce la posibilidad de contagio hasta en un 96%. Se desconoce el interés de las clínicas de VIH en Colombia para implementarla. Describir facilitadores y barreras para la implementación de PrEP en clínicas que hacen parte de la Red Nacional de VIH Colombia. **Materiales y métodos.** Estudió mixto, aplicando 18 encuestas en línea y 20 entrevistas a proveedores de salud de 18 clínicas, en 16 ciudades de Colombia. **Resultados.** Principales facilitadores: El 84% de los entrevistados describieron voluntad institucional para implementación, dos clínicas están iniciando implementación de PrEP. Disposición de equipos interdisciplinarios para la implementación y la percepción positiva sobre la efectividad de la PrEP. La adaptación de las instalaciones para ofertar el programa, contar con más profesionales que apoyen la PrEP en la clínica (83%) y fortalecer la educación de las poblaciones a riesgo. Principales barreras: falta de un lineamiento gubernamental sobre la implementación de PrEP en el país, la dificultad de las EAPB para financiar programas preventivos, y la falta de recursos para expandir equipos interdisciplinarios que realicen atención continua de usuarios en PrEP. Entre las preocupaciones más frecuentes sobre la implementación estuvieron la posible falta de adherencia de los pacientes, el mal uso de los medicamentos y el incremento de las conductas de riesgo. **Conclusiones.** Las clínicas de VIH tienen la disposición e intención de implementar PrEP en el país, pero observan con preocupación la carencia de norma nacional al respecto, así como la financiación de este programa preventivo en el país. Financiado por Minciencias código:334780762872

INFECTOLOGÍA ADULTOS

P-018. Utilidad de la PCR múltiple para el diagnóstico preciso y simultáneo de microorganismos de transmisión sexual.

Estrada S, López C, Jaramillo A, Salazar K, Yepes M, Díaz D, Laboratorio clínico VID. Medellín.
santiagoe52@gmail.com

Introducción. Según la OMS las infecciones de transmisión sexual (ITS) son un problema creciente de salud pública en todo el mundo. Se asume que se infectan diariamente un millón de personas y que el 70% son asintomáticas. Con esta serie de casos se pretende conocer la etiología de las ITS por la técnica de PCR múltiple en pacientes que acudieron al laboratorio clínico VID. **Materiales y métodos.** Se trata de un estudio de serie de casos de pacientes a quienes se les realizó PCR múltiple de la casa comercia Master diagnóstica®, en la ciudad de Medellín, durante el periodo de mayo a junio de 2020. Se incluyeron hombres y mujeres de todas las edades independiente de su orientación sexual para determinar la etiología de la ITS al momento de la consulta. A las mujeres se les tomó principalmente muestra endocervical, a los hombres (la mayoría) se les procesó la primera porción de orina y a los hombres que tienen sexo con hombres (HSH) se les tomó principalmente isopado rectal. **Resultados:** total de pacientes estudiados 27: 6 mujeres y 21 hombres, de estos 6 eran HSH. Los microorganismos identificados en frecuencia fueron: *Neisseria gonorrhoeae*: 14, *Chlamydia trachomatis*: 9, *Mycoplasma genitalium*: 2, HSV2: 2. HSV1: 2, *Treponema pallidum*: 2 y *Treponema pallidum*: 1. Más de 2 microorganismo se identificaron en una mujer, en cuatro hombres y en un HSH. **Conclusiones.** 1. La técnica de PCR múltiple es una prueba que permite en una sola muestra detectar hasta 8 agentes diferentes. 2. Detectó portadores asintomáticos, que con las pruebas tradicionales no es posible; y 3. Facilita que los resultados se puedan programar para el mismo día de la toma de la muestra, permitiendo así un diagnóstico y tratamiento oportuno para el paciente y su contacto.

P-019. Coinfección con otros patógenos respiratorios en pacientes con diagnóstico de SARS-CoV-2 en una institución hospitalaria de IV nivel de atención en Colombia.

Pallares C, Cobo S, Oñate J, Venté E, Villegas M, Centro Médico Imbanaco de Cali; Universidad El Bosque.
christian.pallares@imbanaco.com.co

Introducción. SARS-CoV-2 es una amenaza para la salud pública. Es difícil distinguir agentes causales sin un diagnóstico de laboratorio debido a presentaciones clínicas similares de diferentes patógenos. La coinfección puede inhibir el sistema inmunológico y alterar el pronóstico de la enfermedad, por eso el diagnóstico es importante para una terapia apropiada. En Latinoamérica la proporción de coinfección en pacientes SARS-CoV-2 aún no es clara. El objetivo del estudio fue determinar la coinfección de patógenos respiratorios en pacientes SARS-CoV-2 al ingreso hospitalario. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo. Se realizó RT-PCR para SARS-CoV-2® (ROCHE) y panel respiratorio de PCR múltiple (PR-FilmArray™) a sospechosos de SARS-CoV-2 según criterios del Instituto Nacional de Salud; admitidos en hospitalización general o Unidad de Cuidado Intensivo (UCI). Se excluyeron pacientes con pruebas realizadas >48h de hospitalización. Se establecieron proporciones para variables cualitativas y promedios/medianas para cuantitativas. **Resultados.** Entre marzo-julio 2020 se reclutaron 92 pacientes, 70% hombres y 30% mujeres. Mediana de edad 59 años (8-84). Tos (69%), disnea (48%) y astenia (32%) fueron síntomas frecuentes de consulta. Hipertensión arterial (46%), obesidad (24%) y diabetes (22%) fueron comorbilidades prevalentes. Mediana de hospitalización 11 días (1-68), 53% requirieron UCI, mortalidad global 28%. >90% tenían hallazgos radiológicos (68% opacidades y 38% infiltrados). Sólo 1 paciente tuvo coinfección (virus sincitial respiratorio). **Conclusiones.** Aunque la coinfección SARS-CoV-2 con otros virus respiratorios en otros continentes ha sido importante, en nuestros hallazgos existe una proporción muy baja. Es necesario estar atentos con la época de influenza en los meses venideros o cualquier manifestación que sugiera coinfección con otros virus y bacterias asociadas.

P-020. Epidemiología y riesgos en la atención clínica de personas afectadas por COVID-19 en Medellín.

Rueda Z, Marín D, López L, Lopera V, López A, López N, Bedoya L, Almanza R, Salazar M, Morales O, Mena R, Uribe A, Buitrago N, Garcés J, Betancur S, Hincapié R, Muñoz D, Lotero L, Cuesta D, Keynan, Y. Facultad de Medicina; Universidad Pontificia Bolivariana. Escuela de Ingenierías; Universidad Pontificia Bolivariana. Secretaría de Salud; Alcaldía de Medellín; Medellín. Department of Medical Microbiology and Infectious Diseases; NCCID; University of Manitoba; Winnipeg.
zulmaruedav@gmail.com

Introducción. la epidemiología de COVID-19 es variable en el mundo. Por ello se planteó describir las características epidemiológicas en personas infectadas por SARS-CoV-2 y la identificación de los factores asociados con hospitalización y admisión en Unidad de Cuidado Intensivo (UCI) y/o muerte. **Materiales y métodos.** estudio de cohorte retrospectivo en casos diagnosticados entre marzo 6 y julio 15 de 2020 en Medellín. Se tomaron variables demográficas y clínicas de los sujetos, de la comuna de residencia, atención clínica y muerte. Se hizo un análisis descriptivo e inferencial para identificar los riesgos relativos ajustados (RRA) de hospitalización en salas generales y del desenlace combinado de ingreso a UCI o muerte. **Resultados.** se diagnosticaron 6.058 personas con COVID-19 con una mediana de edad de 36 años (P25: 26, P75: 49), y el 53,3% fueron hombres. El 7,1% tenían hipertensión arterial, 4,9% enfermedad pulmonar, 4,1% diabetes, 2,6% obesidad, y 2,7% fumaban. Los factores asociados con hospitalización en salas generales fueron inmunosupresión (RRA: 1,89, IC95%1,02-3,52), hipertensión arterial (RRA: 1,69, IC95%1,28-2,22), y edad 60-69 años (4,79, IC95%3,61-6,36) y ≥70 años (6,28, IC95%4,79-8,25); mientras que los asociados con ingreso a UCI o muerte fueron obesidad (RRA: 2,06, IC95%1,03-4,12), sexo masculino (RRA: 1,52, IC95%1,07-2,16), edad 60-69 años (RRA: 10,37, IC95%4,45-19,71) y ≥70 años (RRA: 34,49, IC95%24,46-48,63). **Conclusiones.** existen características propias de pacientes con COVID-19 en Medellín que incrementan los riesgos durante la atención clínica, por tanto, es necesario que el personal de salud este atento a ellas.

P-021. Características clínicas y abordaje terapéutico de pacientes en hemodiálisis con bacteriemia asociada a catéter venoso central y trombo intracardíaco.

Valencia P, Arboleda O, Jaramillo S, Vanegas M, Maya M, Hospital San Vicente Fundación. Universidad San Martín. Medellín.
mangelicamaya@gmail.com

Introducción. La coexistencia de trombos asociados a catéteres venosos centrales (CVC) y bacteriemia es una complicación importante de la hemodiálisis en nuestro medio, pero sabemos muy poco sobre este escenario y sus consecuencias. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo. Se revisaron historias clínicas de pacientes en hemodiálisis a través de CVC que presentaron trombo intracardíaco y bacteriemia atendidos en HSFV de Medellín entre enero de 2015 y junio de 2017. **Resultados.** Se incluyeron 34 pacientes, edad promedio 48 años (24-77 años), 21 mujeres. La mayoría de los pacientes eran diabéticos (12) y tenían catéteres yugulares (31) que llevaban implantados 2,4 meses en promedio. El tamaño promedio del trombo era 2,4 cm (0,5-6,2 cm) y estaban localizados en su mayoría en aurícula derecha (20). El germen identificado con mayor frecuencia fue *Staphylococcus aureus* (27, 3 resistentes a oxacilina). Todos recibieron antibióticos y retiro del CVC, 27 anticoagulación y 3 retiro quirúrgico del trombo. La duración promedio de la antibioticoterapia fue 34 días (7-107 días). Las complicaciones mas frecuentes fueron siembras pulmonares y bacteriemia persistente (12 y 8 pacientes respectivamente). La mortalidad a 3 meses fue del 20,6%. **Conclusiones.** La diabetes fue la comorbilidad más común en pacientes en hemodiálisis por CVC, bacteriemia y trombos cardíacos. El germen más asociado fue *S. aureus* y los trombos fueron de gran tamaño. A pesar de terapia antibiótica prolongada, cambio del CVC y anticoagulación, las complicaciones y mortalidad son frecuentes en estos pacientes.

P-022. COVID-19 in indigenous communities of Chocó, Colombia.

Rueda Z, Gutiérrez L, Zapata P, Correa-González C, Castillo-Sánchez D, Cortés-Porras A, Bedoya M, Hernández J, Grupo de Investigación en Salud Pública; Facultad de Medicina; Universidad Pontificia Bolivariana. Grupo Automática y Diseño A+D; Facultad de Ingeniería Mecánica; Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín.
zulmaruedav@gmail.com

Introducción. It was unknown the COVID-19 situation in the Indigenous population from Chocó, Colombia. We aimed to describe the sociodemographic features and its previous exposure to SARS-CoV-2 in this population. **Materiales y métodos.** Cross-sectional study conducted in indigenous communities from Chocó. Sociodemographic, clinical history and symptoms and vital signs are taken. From each person that agreed to participate in the study, a capillary whole blood sample was analyzed using STANDARD Q COVID-19 IgM/IgG Duo Test SD BIOSENSOR. A nasopharyngeal and oropharyngeal swab sample was taken for SARS-CoV-2/RT-PCR test in people with clinical symptoms. **Resultados.** 364 persons were included. 58,2% are female, the median age was 36 years (P25: 27-P75: 47). People have low report of current smoking (2,1%). The most common comorbidities were hypertension (4,1%), diabetes (1,6%), and asthma (1,4%). 67,8% of people have overweight or obesity. We found 34,8% positivity for IgM and/or IgG antibody detection. Among the positive people, 33% were positive by both IgM/IgG, 17,5% by IgM and 49,5% by IgG. Among 19 people tested for SARS-CoV-2 RT-PCR, 8 had positive results. We found that indigenous population in those communities have limited access to healthcare system partly influenced by cultural and linguistic barriers, geographic remoteness, shortage of transportation, the lack of confidence they have in western medicine, in addition to the internal armed conflict. **Conclusiones.** These results suggest active transmission of SARS-CoV-2 in these communities. Concerted efforts from western and traditional medicine, with long-term support, are necessary to improve their health situation respecting their cultural traditions and decreasing their health vulnerability.

P-023. Estado de colonización microbiana de los pacientes adultos con bronquiectasias no asociadas a fibrosis quística (FQ), que consultan a la IPS universitaria Clínica León XIII.

Villagas A, Montufar F, Morales O, Torres N, González M, Universidad de Antioquia. Clínica León XIII. Hospital San Vicente Fundación. Medellín.
mpaz.gonzalez@udea.edu.co

Introducción. Las bronquiectasias consisten en dilatación bronquial, inflamación crónica y limitado flujo aéreo, deterioran la calidad de vida y contribuyen a crisis del sistema de salud. Patógenos colonizan y acentúan la destrucción pulmonar progresiva, el uso frecuente de antibióticos y la resistencia microbiana. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, prospectivo, transversal; Medellín 2016, grupos Bacterias y Cáncer, FdM UdeA, Pediatrias, IPS Universitaria Clínica León XIII. Población estudiada: mayores de 18 años, diagnosticados con bronquiectasias no FQ. Se excluyen pacientes con infec-

ción respiratoria aguda, dificultad para obtención de esputo o sin datos. Recolección muestra esputo: previa firma consentimiento, aprobado por Comité de Ética Clínica León XIII. Análisis microbiológico e identificación de aislamientos: pruebas bioquímicas y pruebas de susceptibilidad por métodos Kirby-Bauer y automatizados. Análisis estadístico: SPSS 21. Resultados: insumo para análisis y manejo de esquemas terapéuticos, formalización de protocolos de manejo clínico y epidemiológico local. **Resultados.** Actualmente hay 26 participantes con recolección de la primera muestra 13 (50%) mujeres y 13 (50%) hombres. Media de edad 65±17 años. 15 participantes llevan > 4 años con la enfermedad. Los hallazgos más frecuentes de colonización fueron *Pseudomonas aeruginosa* (21,7%, n=5), *Klebsiella pneumoniae* (21,7%, n=5) y *Enterobacter cloacae* (8,7%, n=2). Los perfiles de susceptibilidad muestran resistencia de *P. aeruginosa* a imipenem, *K. pneumoniae* a ampicilina sulbactam, amikacina, meropenem y gentamicina; y *E. cloacae* a ampicilina sulbactam. **Conclusiones.** En la colonización microbiana de pacientes con bronquiectasias no asociadas a FQ ha sido predominantemente *Pseudomonas aeruginosa*, *Klebsiella pneumoniae* y *Enterobacter cloacae*.

INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA

P-025. Factores relacionados con la infección del torrente sanguíneo asociada a línea central en niños hospitalizados en la unidad de cuidado intensivo pediátrico cardiovascular.

Beltrán J, Bermon A, Serpa P, Vargas J, Fundación Cardiovascular de Colombia. Universidad de Santander. Bucaramanga.
jbeltranmd@gmail.com

Introducción. Las infecciones del torrente sanguíneo, asociadas a línea central, generan morbilidad y mortalidad. El objetivo del estudio fue identificar los factores relacionados con estas infecciones en niños hospitalizados en la unidad de cuidado intensivo pediátrico cardiovascular. **Materiales y métodos.** Estudio de casos y controles en menores de 18 años con cardiopatía, hospitalizados entre enero de 2015 y diciembre de 2018 en la unidad de cuidado intensivo pediátrico de la Fundación Cardiovascular de Colombia. Los casos fueron diagnosticados con infección del torrente sanguíneo asociada a línea central por el comité de infecciones institucional de acuerdo con los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades. Los controles fueron seleccionados por tres criterios de pareado: portador de línea central en la misma fecha del caso; ingresado en una fecha similar al caso con una diferencia máxima de 30 días y el mismo grupo etario del caso. **Resultados.** De los 2.528 pacientes hospitalizados fueron incluidos 196 (49 casos y 147 controles). La regresión logística mostró una asociación con el uso de terapia de reemplazo renal (OR=3,69; IC del 95%: 1,46-9,34; p=0,006) y la duración de la estancia en la unidad de cuidado intensivo (OR=1,01; IC del 95%: 1,00-1,01; p=0,003). La circulación extracorpórea no mostró asociación (OR= 0,37; IC del 95%: 0,15-0,88, p=0,026). **Conclusiones.** La terapia de reemplazo renal y la duración de la estancia en la unidad de cuidado intensivo se relacionaron con la infección del torrente sanguíneo asociada a línea central en niños hospitalizados en la unidad de cuidado intensivo cardiovascular.

P-026. Caracterización de niños con fiebre sin foco atendidos en urgencias de la Fundación Cardioinfantil entre 2016 – 2017.

Londoño J, Rodríguez A, Medina, D. Fundación Cardioinfantil. Universidad Del Rosario. Bogotá.
arlopez2003@gmail.com

Introducción. La fiebre sin foco es un problema que se presenta en aproximadamente 20% de los pacientes febriles, de estos entre 3 a 15% pueden tener infecciones bacterianas severas (IBS). Hasta el momento no se han caracterizado los factores relacionados con IBS en los países en vías de desarrollo como Colombia. **Materiales y métodos.** Se planteó un estudio observacional en pacientes entre 3 y 36 meses que consultaron por fiebre sin foco al servicio de urgencias de la Fundación Cardioinfantil en los años 2016- 2017. **Resultados.** Se encontraron 46 ingresos por urgencias para su análisis, se calculó una incidencia de fiebre de 12,5 casos por cada 1.000 consultas/año y de fiebre sin foco de 1,2 casos por cada 1.000 consultas/año. El 59% de los pacientes presentaron alguna comorbilidad, las más frecuentes fueron la enfermedad neurológica (13%) y el trasplante hepático (10,9%). El 84% de los pacientes tenían esquema de vacunación completo. El 69,6% de los pacientes presentaron IBS, el diagnóstico más frecuente de estos fue infección de vías urinarias en el 75%

de los casos. La temperatura máxima registrada fue de 39,1°C en el grupo sin IBS y de 39°C en el grupo con IBS (p 0,11). **Conclusiones.** Se describieron las características clínicas y paraclínicas de los pacientes con fiebre sin foco en la Fundación Cardioinfantil en los años 2016 y 2017. Se describió una población con alto número de comorbilidades en un centro con programa de trasplante hepático y renal pediátrico.

P-027. Caracterización clínica y diagnóstico microbiológico de la infección respiratoria aguda a través del panel respiratorio FilmArray en pacientes pediátricos de la Fundación Cardiovascular de Colombia.

Jiménez L, Vargas J, Martínez R, Fundación Cardiovascular de Colombia. Programa de Medicina, Universidad de Santander. Bucaramanga. luzadris@hotmail.com

Introducción. La infección respiratoria aguda (IRA) es un problema de salud pública a nivel mundial, por lo tanto, la detección del agente etiológico es fundamental para definir un manejo específico. El objetivo del estudio fue determinar las manifestaciones clínicas y etiología de la IRA de pacientes pediátricos atendidos en la Fundación Cardiovascular de Colombia (FCV). **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de corte transversal en menores de 18 años a quienes se les realizó la RT-PCR multiplex FilmArray en la FCV entre septiembre de 2015 y septiembre de 2018. **Resultados.** De 299 casos analizados el (60,5%) fueron de sexo masculino, con edad media de 6,4 meses (RIQ: 1,7-23,2 meses), 59,5% tenían esquema completo de vacunación. Más del 50,0% de los casos ocurrieron en el segundo y tercer trimestre del año. Las comorbilidades más frecuentes fueron cardiopatía congénita (41,5%) y prematuridad (24,7%). El 63,9% se presentó como IRA baja (Bronquiolitis 111 casos (37,1%) y neumonía 82 casos (27,4%). La complicación más frecuente fue falla respiratoria (67,6%) y 6,3% de los pacientes fallecieron. El FilmArray fue positivo en el 78,9%. Los microorganismos detectados fueron Rinovirus/Enterovirus (32,4%), Virus Sincitial Respiratorio (VSR 28,1%), virus Parainfluenza 3 (8,4%), Coronavirus (6%), Metapneumovirus (6%), Adenovirus (5,7%), Influenza A (5,7%). **Conclusiones.** Los agentes más comunes implicados en IRA grave en niños detectados por FilmArray fueron Rinovirus/Enterovirus, VSR y virus Parainfluenza 3) con frecuencias más altas en segundo y tercer trimestre del año.

P-028. Identificación de factores de riesgo asociados a resistencia a cefalosporinas de primera generación en pacientes pediátricos con infección de vías urinarias (IVU) comunitaria en dos hospitales de Bogotá.

Suárez M, Bachiller W, Rincón A, Moreno M, Vanegas X, Sanabria A, Díaz P, Hospital Infantil San Jose. Fundación Universitario de Ciencias de la Salud. Bogotá. malejitasuarezf@gmail.com

Introducción. La IVU es frecuente en la infancia y se asocia a factores de riesgo conocidos. Actualmente la primera línea de tratamiento son las cefalosporinas de primera generación, pero ha aumentado la resistencia y se requiere conocer factores que permitan detectar el riesgo de resistencia a estas. Nuestro objetivo es identificar factores de riesgo que se asocien a resistencia a cefalosporinas de primera generación, en pacientes con IVU comunitarias en dos hospitales de Bogotá. **Materiales y métodos.** Estudio de cohortes retrospectivo en pacientes pediátricos menores de 16 años con diagnóstico IVU comunitaria de dos hospitales de Bogotá, Colombia. La muestra calculada de 1.000 pacientes se recogió entre 2018-2019. Se describieron los perfiles de resistencia y los factores de riesgo mediante un análisis regresión logística. **Resultados.** De 1.814 historias clínicas, 1.167 cumplieron criterios de inclusión. Los síntomas más relevantes fueron: Fiebre (72%), síntomas urinarios irritativos (70%). Los gérmenes más frecuentes *E. coli* (78%) y *P. mirabilis* (12,6%). La resistencia a cefalosporinas fue del 41% con IC (0,38 – 0,44). El análisis multivariado mostro que alteraciones anatómicas de vía urinaria (OR 1,8, IC 1,2 – 2,7) y uso de antibiótico previo (OR 1,9, IC 1,2 – 2,8) se comportaban como factores de riesgo. **Conclusiones.** Se observó una elevada resistencia a cefalosporinas en nuestro medio. Factores asociados a esta resistencia como alteraciones anatómicas de la vía urinaria, uso previo de antibióticos en los últimos 3 meses, deben alertar al personal al uso empírico de otras estrategias. Se requiere vigilancia constante de esta resistencia para definir la terapia empírica local.

P-029. Factores asociados a mediastinitis en niños sometidos a cirugía cardiovascular.

Araque P, Vásquez S, Alvarez-Olmos M, Romero S, Montañez Z, Sandoval N, Universidad El Bosque. Fundación Cardioinfantil. Bogotá. mialvarez130@gmail.com

Introducción. La mediastinitis es una complicación quirúrgica potencialmente fatal. El objetivo es identificar los factores asociados a mediastinitis en pacientes pediátricos sometidos a cirugía cardíaca en institución especializada. **Materiales y métodos.** Estudio de casos y controles de niños con cardiopatía congénita sometidos a cirugía cardíaca entre enero-2008 a abril-2018 en la Fundación Cardioinfantil. Se realizó un análisis descriptivo e inferencial. Se utilizaron las pruebas de t-student y de Wilcoxon. Para asociación entre variables utilizamos X2 Fisher's exact test. Se ejecutó análisis multivariado utilizando un modelo de regresión logística. **Resultados.** Se incluyeron 132 pacientes pediátricos, 33 casos y 99 controles. En el análisis crudo los factores asociados a mediastinitis incluyeron: edad menor de 1 mes al momento de la cirugía (OR: 6,2), anomalía o síndrome genético de base (OR: 7,41), cardiopatía cianótica con flujo pulmonar aumentado (OR: 8,48), tórax abierto al egreso de salas de cirugía (OR: 16), uso de catéter central más de 5 días (OR 11,09), entre otros. En el análisis multivariado se identificaron tórax abierto al egreso de cirugía (OR: 9,74) y la duración de hospitalización prequirúrgica > 12 días (OR: 84,23) como factores asociados a mediastinitis. La incidencia acumulada de mediastinitis fue de 0,72%, con una tasa de mortalidad de 9,09%. El germen más frecuente aislado fue *S. aureus* siendo el meticilino-sensible. **Conclusiones.** Factores de riesgo independientes para mediastinitis como el tórax abierto al egreso de cirugía y estancia hospitalaria prequirúrgica mayor a 12 días deben ser considerados para intensificar las medidas preventivas y disminuir riesgo de esta severa complicación quirúrgica.

P-030. Predictores de niveles adecuados de vancomicina en niños basado en recomendaciones locales de un programa de control de antibióticos (PROA).

Lagos L, Soto J, Londoño J, Gutiérrez I, Universidad del Rosario. Clínica Infantil de Colsubsidio. Bogotá. jp.londono81@gmail.com

Introducción. El uso de niveles de vancomicina se ha utilizado para el monitoreo de esta, dado el estrecho margen terapéutico. Existen pocos estudios en niños que correlacionen los datos clínicos con los niveles. **Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio analítico, de corte transversal en todas las prescripciones de vancomicina durante un año en un hospital pediátrico de Bogotá, Colombia. Se analizaron según las recomendaciones del PROA. Se definieron niveles adecuados entre 5 y 15 mg/L. **Resultados.** Se registraron 173 prescripciones de vancomicina. Se solicitaron niveles en 132 (76,3%) de las formulaciones y se analizaron 85 pacientes que tuvieron más de 72 horas el medicamento. No existió diferencia entre la edad (51 vs 62 meses) (p 0,58), el sexo (Hombre 55,6% vs 61,%) (p 0,77), alguna comorbilidad (55,6% vs 45,2%) (p 0,44), el diagnóstico por el que se utilizó (p0,73) y si estaban adheridos a las guías locales (85,2% vs 67,7%) (p0,1) entre los que tenían niveles adecuados y no adecuados. La necesidad de suspender por efectos adversos renales se requirió en 2 pacientes en el grupo de niveles no adecuados (6,5%). No se encontró diferencia en requerimiento de UCIP o mortalidad. **Conclusiones.** No se encontraron variables clínicas que permitan predecir si la medición de niveles se encuentra en rangos adecuados. El uso de niveles valle de vancomicina entre 5 y 15 mg/L recomendados en la literatura permite menores ajustes en la dosis.

P-031. Perfil clínico, microbiológico de bacteriemia primaria por *Streptococcus pneumoniae* en población pediátrica reportado a la red Neumocología 2017 – 2019.

Sánchez S, Rojas J, Camacho G, Leal A, Patiño J, Moreno V, Gutiérrez I, Beltrán S, Álvarez-Olmos M, Mariño C, Barrero R, Espinosa F, Arango C, Suárez M, Trujillo M, López E, López P, Coronell W, Pinzón H, Ramos N, Pacheco R. Red Neumocología; Universidad Libre Seccional Cali. Fundación Clínica Infantil Club Noel. Universidad del Valle. Universidad Nacional de Colombia. Fundación HOMI. Fundación HIUSJ. Grupo para el Control de la Resistencia Bacteriana en Bogotá – GREBO. Fundación Valle de Lili. Clínica Infantil Colsubsidio. Fundación Cardioinfantil - Instituto de Cardiología. Clínica Universitaria Colsanitas - Clínica Pediátrica. Hospital Universitario Clínica San Rafael; Unidad de Servicios de Salud Santa Clara. Hospital Infantil Universitario de San José. Unidad de Servicios de Salud Tunal. Hospital Pablo Tobón Uribe. Hospital Universitario San Vicente Fundación. Hospital Militar Central. Centro Medico Imbanaco. Hospital Universitario del Valle. Hospital Infantil Napoleón Franco Parejo. Clínica El Bosque. Bogotá. neumocologia@gmail.com

Introducción. La enfermedad neumocócica invasiva representa una alta carga de morbimortalidad infantil, con una tasa de letalidad mundial de alrededor del 8% en menores de 5 años. La bacteriemia primaria es la tercera infección más frecuente con un 20% en menores de 2 años. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo longitudinal con alcance analítico, con información de 51 niños con bacteriemia primaria por neumococo, confirmada con hemocultivo, reportados por 17 instituciones de alta complejidad a la Red Neumocolombia (2017-2019). **Resultados.** Durante el período de estudio se analizó información de 51 registros, 62,7% fueron hombres, la mediana de edad fue 25 meses (RIC 9-49). El síntoma predominante fue fiebre (78,4%), se reportó vacunación con PCV-10 en 47%. El serotipo más frecuente fue 19A (29,4%), el porcentaje de resistencia antibiótica fue: eritromicina 43%, penicilina 25,4%, cefotaxima 11,7%. Los factores relacionados al ingreso a UCI fueron: dolor pleurítico (OR27,9; IC3,13 – 248,16 p=0,03), tos (OR6,04; IC95%1,46 – 24,88; p=0,013), dolor abdominal (OR 6,5; IC95%1,85 – 22,80; p=0,003), dificultad respiratoria (OR 12; IC95%2,95 – 48,77 p=0,001), tirajes OR22,71; IC95%4,65 – 141,90 p=0,001), cianosis (OR8,69; IC95%1,95 – 38,65 p=0,004), hipotermia (OR42,62; IC95%4,77 – 380,74 p=0,001), serotipo 19A (OR3,9; IC95%1,10 – 13,81 p=0,035). La letalidad fue del 11,7%. **Conclusiones.** Con la introducción de la vacuna PCV10, se reportaron cambios en la disminución de los serotipos vacuinales. Sin embargo, actualmente el serotipo 19A es el más frecuente y es uno de los factores que intervienen en el ingreso a UCI por bacteriemia primaria. Existe aumento en la resistencia por eritromicina, penicilina y cefotaxima.

P-032. Factores de riesgo para infección del tracto urinario adquirida en la comunidad por gérmenes productores de betalactamasas de espectro extendido en un hospital pediátrico de Bogotá, Colombia.

Gómez L, Camacho G, Rodríguez C, Piña S, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
ligomezar@una.edu.co

Introducción. La infección del tracto urinario (ITU) es la segunda causa de infección bacteriana en pediatría, asociada con alta morbilidad y complicaciones a largo plazo. El objetivo es determinar los predictores independientes de ITU comunitaria por bacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) en una población pediátrica con ITU. **Materiales y métodos.** Estudio observacional analítico de corte transversal, con recolección prospectiva de datos, mediante un muestreo no probabilístico secuencial por conveniencia. Se analizaron los urocultivos de pacientes pediátricos atendidos en un hospital de cuarto nivel de Bogotá, en un período de 11 meses durante 2018 y 2019. **Resultados.** Se presentaron 659 pacientes con ITU comunitaria, y de estos 46 tuvieron fenotipo BLEE, para dar una prevalencia de 6,98%. Se incluyeron en el estudio 135 pacientes, de los cuales 45 (33,3%) tuvieron ITU con fenotipo BLEE. El germen más frecuentemente aislado globalmente fue la *Escherichia coli* (89,6%), sin embargo, la *Klebsiella pneumoniae* presentó en el 45,5% de los aislamientos fenotipo BLEE, comparado con la *E. coli* que lo presentó en el 33%. Se ajustaron modelos de regresión logística multivariada encontrando como predictores independientes de ITU con fenotipo BLEE, al antecedente de hospitalización en los 6 meses previos (OR 3,8; IC 95: 1,6 a 8,8, p= 0,005), y la anomalía estructural de la vía urinaria (OR: 3,8; IC 95: 1,5 a 9,3, p= 0,004). **Conclusiones.** Los resultados son congruentes con lo reportado mundialmente, y deben ser considerados en el abordaje de pacientes pediátricos con ITU ya que aumentan de manera significativa el riesgo de resistencia tipo BLEE

INVESTIGACIÓN BÁSICA

P-033. DAP10 derived expression on cervical cancer cell positive for HPV may contribute to their proliferation and survival.

Estrada A, Mendoza J, UNAM.
jflavio.m@gmail.com

Introducción. Tumorigenic transformation of normal cells often leads to the induction of NKG2D ligands that serve as cellular stress signals (Hayakawa, Smyth, 2006). Here, we present that positive NKG2D cervical cancer cells also express DAP10 and this expression is upregulated by MICA/MICB ligands. Furthermore, we demonstrate that upon ligation NKG2D signals through Akt, which is independent of the PI3K pathway in cervical cancer cells. **Materiales y métodos.** The HeLa, Hep2G and MDA231 cell lines were purchased from ATCC whereas INBL and CALO cell lines were established in our laboratory. In brief, surface expression of NKG2D, MICA DAP10 was determined using flow cytometry and western blot

analysis. pAKT, PI3K and DAP10 were determined by immunoprecipitation and immunoblotting. **Resultados.** We have found that all cancer cell lines showed a constitutive expression of DAP10. Particularly, cervical cancer cell lines expressed the NKG2D-DAP10 complex. In addition, in this study we have shown that DAP10 is present in cervical cancer cells and interestingly that MICA upregulated the expression of DAP10 in a time dependent manner in these cancer cell lines. **Conclusiones.** MICA upregulates the expression of DAP10 in cervical cancer cells in a time-dependent manner as shown by immunoblotting analysis.

P-034. Variabilidad genética de *Cryptosporidium* spp., identificado en muestras de pacientes VIH positivos de Antioquia, Colombia.

Urán J, Galván A, García G, Domínguez D, Martínez L, Grupo de Microbiología Ambiental. Escuela de Microbiología. Universidad de Antioquia. Equipo Latinoamericano de Investigación en Infectología y Salud Pública. Hospital La María. Medellín.
johanna.uran@udea.edu.co

Introducción. Los parásitos del género *Cryptosporidium* son prevalentes en humanos, especialmente en población infantil e inmunocomprometida, en quienes puede causar alteraciones gastrointestinales, en algunos casos letales. En la actualidad se reportan 38 especies de *Cryptosporidium* con diversidad genética (DG) intra-especie. La mayoría de los estudios de DG en este parásito se han basado en análisis unilocus, sin embargo, los análisis de diversidad se exploran con mayor resolución mediante análisis multilocus de secuencia (MLST). En el presente trabajo nos propusimos describir la DG de *Cryptosporidium* spp., identificado en muestras de pacientes VIH positivos de Antioquia usando análisis MLST. **Materiales y métodos.** En este estudio descriptivo se incluyeron 7 muestras de pacientes antioqueños infectados con el VIH, las cuales fueron positivas para *Cryptosporidium*. Se identificaron especies y subgenotipos usando los marcadores 18S rRNA y gp60 y se realizaron análisis MLST con los marcadores CP47-gp60-MS5-MS9-MS6-7-TP14. La secuencia consenso (SC) de las 7 muestras, se usó para los análisis filogenéticos, establecer los genotipos multilocus (MLG), y determinar índices de DG (Hd, Pi, S, K). **Resultados.** Se identificó a *C. hominis* (3/7) y las familias alélicas Ia, Ic; *C. parvum* (3/7) y las familias alélicas IIa, IIc y *C. felis* (1/7). Los análisis MLST permitieron la identificación de 6 MLG, Hd y Pi en ambas especies, pero mayor Pi en *C. parvum* comparada con *C. hominis*. **Conclusiones.** Los análisis MLST realizados aportan evidencia de DG en *Cryptosporidium*, mayor a la observada con los análisis-unilocus, se describen, además, varias especies de este patógeno, infectando a pacientes VIH positivos de Antioquia. Colciencias, 117-77757608

INVESTIGACIÓN CLÍNICA Y SALUD PÚBLICA

P-038. COVID-19 en Unidad de Cuidados Intensivos de un hospital de referencia.

Quitíán L, Rosero Y, Nocua L, Sánchez L, Barbossa J, Pérez J, Cortés J, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
lmquitianr@una.edu.co

Introducción. La pandemia por SARS-CoV-2 ha ocasionado un número importante de casos que requieren manejo en UCI. El objetivo del estudio describe los casos COVID-19 en UCI y su mortalidad en el Hospital Universitario Nacional (HUN) entre abril 1 y julio 29 de 2020. **Materiales y métodos.** Estudio observacional. En el período de estudio se estableció una cohorte de pacientes con IRAG en UCI. Se describieron sus características y mortalidad. Así como, se realizó estadística descriptiva de variables clínicas, comorbilidad, uso de antibióticos y desenlace. **Resultados.** Se identificaron 120 pacientes, (68% hombres), edad promedio 59 años (DE 14), 81% con ventilación mecánica (IC95% 72,7-87%), y tiempo de síntomas de 8,4 días al momento del ingreso UCI (DE 5,8). 59% de pacientes tenían mínimo una comorbilidad con mediana de puntaje Charlson de 2 (RIC 1-4). Al ingreso la mediana de SOFA fue 4 puntos (RIC 3-5), de linfocitos 740 (RIC 500-1.090), de PCR 149 (DE 96), 89% tenían PaFI <250, promedio de 169 (DE62), mediana de dímero D 737 (RIC 428-1800) y 8% coinfección bacteriana o viral. 95% de los pacientes desarrollaron SDRA, 33% clasificados graves. 84% recibieron antibióticos durante su estancia, 8 días promedio. Fueron seguidos por 1.174 días, mediana de estancia en UCI 9 días (RIC 4-15), mediana de duración en ventilación mecánica 8 días (RIC 4-15) y mortalidad de 47% (IC95% 38-56%). Sospecha de trombosis del 17% y 10% documentada. **Conclusiones.** En una UCI de un hospital de referencia, se identificó alta mortalidad, baja frecuencia de coinfección bacteriana y alta utilización de antibióticos.

P-039. Asociación entre hiponatremia y desenlaces clínicos en pacientes hospitalizados con infección por el VIH en el Hospital Universitario de Santander: resultados preliminares.

Isaza J, Figueroa C, Sanabria C, Otalvaro A, Universidad Industrial de Santander. Hospital Universitario de Santander. Bucaramanga.
juanisaza31@hotmail.com

Introducción. La hiponatremia es el trastorno hidroelectrolítico más común en pacientes hospitalizados con VIH/SIDA. Estudios observacionales han sugerido peores desenlaces clínicos en esta población. Por tanto, buscamos determinar la asociación entre hiponatremia y desenlaces clínicos adversos en este grupo de pacientes. **Materiales y métodos.** Estudio observacional, analítico, de casos y controles. En ejecución desde el 2020, en el Hospital Universitario de Santander, Bucaramanga - Colombia. Población: pacientes hospitalizados en el servicio de Medicina Interna. Se incluyeron pacientes de 18 años o más, con antecedente o diagnóstico reciente de infección por VIH, hospitalizados por enfermedades definitorias de Sida entre los años 2013 y 2018. Se excluyeron hospitalizados por causas diferentes a enfermedades definitorias de Sida, cirrosis hepática, insuficiencia cardíaca y causa de muerte no asociada a Sida. Cálculo de la muestra: 122 pacientes, teniendo como referencia el estudio realizado por Lijun Xu y colaboradores, que determinó un Hazard Ratio (HR) de 3,5 (IC 95% 1,9-6,5 - $p < 0,001$) en el análisis multivariado. Casos: pacientes fallecidos durante la hospitalización. Controles: pacientes vivos al egreso hospitalario. **Resultados.** Se han analizado 41 pacientes (16 casos y 27 controles) de los cuales 68% han sido hombres y 32% mujeres. Edad promedio: 36,8 años, la mayoría con infección por VIH como antecedente. La prevalencia de hiponatremia en los casos fue del 72% y en los controles del 23%. Se calculó un OR de 8,75. **Conclusiones.** hasta el momento se sugiere una asociación entre mortalidad e hiponatremia en pacientes hospitalizados con infección por VIH y enfermedades definitorias de Sida.

MEDICINA TROPICAL

P-040. Detección molecular de *Coxiella burnetii* en pacientes con síndrome febril agudo del Magdalena Medio antioqueño.

Cabrera R, Mendoza W, López L, Keynan Y, López L, Gutiérrez L, Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín. University of Manitoba.
ruthco12@gmail.com.

Introducción. El objetivo de este estudio transversal fue determinar la frecuencia de infección por *C. burnetii* y los factores asociados con su detección molecular en pacientes con síndrome febril agudo (SFA) del Magdalena Medio antioqueño. **Materiales y métodos.** Se realizó una tamización molecular inicial mediante PCR en tiempo real basada en la secuencia de inserción IS1111 a partir del ADN genómico obtenido de sangre periférica de 95 pacientes con SFA que fueron captados entre noviembre 2018 y abril 2019, en la E.S.E. Hospital Cesar Uribe Piedrahita de Puerto Berrío. De manera confirmatoria, en cuatro de las muestras positivas, se realizó la amplificación y secuenciación bidireccional del marcador ARNr 16S. **Resultados.** Se detectó al microorganismo en el 22,1% (21/95) de los pacientes, estos que fueron positivos reportaron anorexia (95,2% vs. 73% en negativos), cefalea (95,2% vs. 86,5%), escalofrío (90,5% vs. 94,6%) y mialgias (90,5% vs. 79,7%). Como factor asociado con la detección molecular de esta bacteria, siguiendo un modelo multivariado con una regresión de Poisson ajustado por las variables edad, lugar de residencia, contacto directo con animales, entre otras, se identificó el consumo de leche cruda (RPa: 2,19; IC 95%: 1,02-4,71). **Conclusiones.** Se deberán direccionar estudios de causalidad para definir la incriminación de esta especie como agente etiológico de enfermedades en los pacientes de la zona, permitiendo establecer el diagnóstico etiológico y tratamiento acertado para la prevención de las complicaciones propias de la fiebre Q. Este estudio fue financiado por el Ministerio de Ciencia Tecnología e Innovación (Minciencias) (Código No.121074455938 - Contrato No.692- 2017).

P-041. Determinantes ambientales y sociodemográficos asociados a conglomerados espacio-temporales de infección respiratoria aguda grave inusitada en Colombia.

León D, Martínez R, Gutiérrez J, Universidad de Santander UDES. Universidad Industrial de Santander UIS. Bucaramanga.
dianymar78@gmail.com.

Introducción. La infección respiratoria aguda (IRA) es una de las principales causas de morbi-mortalidad en el mundo, sus formas graves impactan negativamente los sistemas de salud y económicos. El objetivo fue establecer los determinantes ambientales y sociodemográficos municipales asociados a conglomerados espacio-temporales de IRA grave (IRAG) inusitada en Colombia entre 2009 y 2017. **Materiales y métodos.** Estudio ecológico de series de tiempo con los casos de IRAG inusitada notificados al Sistema Nacional de Vigilancia en Salud Pública entre 2009 y 2017. Se excluyó la región insular porque no cuenta con sistema de monitoreo continuo climático. Se describieron incidencia y etiología viral, se construyeron conglomerados espacio-temporales y se analizaron los determinantes utilizando regresión logística multinivel multivariante. **Resultados.** La mayor incidencia del evento se presentó en junio de 2013 (11,79 casos/1.000.000 habitantes). Se observaron patrones seculares y estacionales de virus Influenza A(h1N1)pmd09, AH3, Sincicial Respiratorio y Adenovirus. Se identificaron 8 conglomerados espacio-temporales. Determinantes como las dimensiones urbana y económica, y el porcentaje de **Conclusiones.** En Colombia durante 2011 a 2017 la IRAG inusitada mantuvo un comportamiento endémico, con picos cada 3 años. Mayor urbanización y desarrollo económico, así como porcentaje de área antrópica se asociaron positivamente con la ocurrencia de conglomerados de IRAG inusitada.

P-042. Seroprevalence of *Ehrlichia*, and anaplasma among dogs of a private veterinary clinic of Pereira, Colombia, 2013-2015.

Bonilla-Aldana D, Granados-Hincapié L, Pinilla-Ticora L, González-Colonia L, Rodríguez-Morales, A. SIZOO; Fundación Universitaria Autónoma de las Américas; Pereira. GISPEI; Universidad Tecnológica de Pereira. San Lucas Centro Veterinario y Diagnóstico; Pereira.
arodriguezm@utp.edu.co.

Introducción. Ehrlichiosis, and anaplasmosis, are tick-borne zoonotic prevalent but neglected in Colombia and other countries in Latin America. The aim of this study was to determine its seroprevalence in a private center of Pereira, Colombia, during 2013-2015. **Materiales y métodos.** Samples were tested using a rapid assay test system (SNAP® 4Dx®), this is based on an enzyme immunoassay technique, checking for antibodies to Anaplasma phagocytophilum/platys (sensitivity 99,1%), and *E. canis/ewingii* using specific antigens (96,2%). Samples of 2019, from 500 dogs of Pereira, Risaralda, Colombia, were analyzed. **Resultados.** From the total, 10,8% were positive for *E. canis/ewingii*, and 1,0% for Anaplasma phagocytophilum/platys. Among those infected, median age of dogs was 2,96 years-old, 57,6% were male, and 38,98% were mongrel dogs, 10,17% Labrador Retriever, and 6,78% German Shepherd, among others. Among those with temperature measurement (22), 21 (95,45%) presented fever; 35,6% anorexia, 33,9% presence of ticks, 25,4% epistaxis. At the physical examination, petechia was found in 28,8%, dehydration 16,9%, hematuria 8,5%, diarrhea 6,8%, among other findings. Patients were treated with tetracyclines (66,1%), and ceftriaxone (8,5%), two patients required blood transfusion. Six patients died (10,2%), all of them with ehrlichiosis. **Conclusiones.** The prevalence observed is high and may be explained to multiple social and environmental factors. This highlights the relevance of more studies with the One Health approach as these are zoonotic diseases. Ehrlichiosis and anaplasmosis have been associated with fatal outcomes as we observed in this series.

P-044. Prevalencia de infecciones entre inmigrantes adultos ingresados al Hospital Universitario de Santander en 2018.

Carreño-Almánzar F, Vega-Vera A, Universidad Industrial de Santander. Bucaramanga.
faracaal@gmail.com

Introducción. En los últimos años se ha incrementado la inmigración en Colombia, y Bucaramanga es una ciudad de referencia en el flujo migratorio. Para caracterizar el perfil del inmigrante enfermo se realizó un estudio de prevalencia de enfermedades médicas entre los inmigrantes atendidos por medicina interna en el Hospital Universitario de Santander en el 2018. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo de corte transversal, previo aval ético, se revisaron los registros de los pacientes mayores de 18 años ingresados en calidad de inmigrantes sin seguridad social y que fueron atendidos por medicina interna en el Hospital Universitario de Santander en Bucaramanga durante 2018. Se estimó la prevalencia de patologías transmisibles y no transmisibles como causa de hospitalización, las características sociodemográficas, morbilidad y mortalidad. **Resultados.** En 2018 se hospitalizaron por medicina interna 154 adultos inmigrantes, el 52,6% fueron mujeres, con una mediana de edad de 39 años (RIQ: 27 - 56) y una mediana de estancia hospitalaria de 5 días (RIQ: 2 - 10). El 33,7% consultó por causas infecciosas, tenía menos de 65

años, sin multimorbilidad ($p < 0,001$) y con una mortalidad del 6%. Se destacan la infección urinaria (12,3%), infección por VIH (9%), neumonía adquirida en la comunidad (7,1%), malaria (5,2%), tuberculosis (3,3%), infección del torrente sanguíneo (3,3%) e infección de tejidos blandos (2%). **Conclusiones.** Las infecciones representan la tercera parte de las hospitalizaciones por medicina interna entre los inmigrantes adultos en tercer nivel.

P-045. Perfil epidemiológico de la infección por leptospirosis: experiencia en pacientes de las fuerzas militares colombianas.

Gómez C, Fontecha C, Carvajal M, Guiza K, Carreño M, Hospital Militar Central. Bogotá.
carlosgomez1074@hotmail.com

Introducción. La leptospirosis es la zoonosis más prevalente a nivel mundial. En Colombia oscila entre 6 al 35%, dado su amplio espectro clínico impone un reto diagnóstico frente a otras enfermedades tropicales. El objetivo fue describir las características clínicas y paraclínicas de los pacientes con diagnóstico presuntivo y confirmado de leptospirosis en el Hospital Militar Central. **Materiales y métodos.** Estudio de corte transversal en mayores de 18 años notificados con diagnóstico presuntivo o confirmado de leptospirosis en el Hospital Militar Central entre el 2012 y 2019. Muestreo no probabilístico. El análisis con medidas de tendencia central y dispersión para variables continuas y frecuencias para variables categóricas. **Resultados.** 108 pacientes analizados, 97% hombres, mediana de edad 26 años (RIC 11,7) 69,4% área rural, 62,9% soldados, 29,12% refirieron nexo epidemiológico. Mediana del inicio de los síntomas 6 días (RIC 4-8), puntaje de Faine promedio 11 (DE 8). Manifestaciones fiebre 85,2%, dolor abdominal 63,9%, cefalea 62,0%, ictericia 62,0%, mialgias 57,4%, lesión renal aguda en 11,1%, 6,5% requirió estancia en UCI. Se observó hiperbilirrubinemia a expensas de la directa, TGO 677,6 U/L y TGP 1098 U/L; hematuria 42,5%, hepatomegalia 36,5% radiografía de tórax normal 90%. Elección de ceftriaxona 76,5% y mortalidad 0%. **Conclusiones.** Las características de la población son similares a lo observado en otros brotes a nivel mundial. Las manifestaciones de la leptospirosis no son específicas por lo que el alto índice de sospecha en el diagnóstico clínico permite mejores desenlaces. La frecuencia de lesión renal y mortalidad es menor a la reportada en la literatura.

P-046. *Brucella canis* en caninos de compañía en Bogotá (Colombia) – Un estudio piloto en 2019.

Sandoval I, Hell N, Vesga J, Duque N, Herrera D, Daza E, Barbosa A, Forero R, Cuitiva C, UNIAGRARIA. Bogotá.
isabelssb@gmail.com

Introducción. *Brucella canis* es una bacteria zoonótica asociada con infecciones crónicas y altamente resistentes a la terapia antibiótica en perros. Por considerarse poco frecuente en caninos de entornos urbanos, y con propietario, se planteó este trabajo con el objetivo de evaluar la pertinencia de desarrollar a futuro un estudio serológico en este grupo objetivo. **Materiales y métodos.** Dentro del grupo de pacientes admitidos a una clínica veterinaria en Bogotá, y posterior al consentimiento informado, se seleccionaron al azar 27 caninos mayores de un año (10 machos, 17 hembras), de los que se obtuvo una muestra de sangre para la detección cualitativa de inmunoglobulina G, mediante inmunocromatografía rápida (sensibilidad 93%, especificidad 100%). **Resultados.** Se detectó una seroprevalencia de 11,1 % (3/27), correspondiente a un macho y dos hembras, posteriormente diagnosticados con prostatitis y discoespondilitis, respectivamente. Los propietarios de estos tres pacientes realizaban sus consultas de rutina en clínicas particulares, sin embargo, no se habían realizado paraclínicos para brucelosis. El propietario de una de las hembras positivas aceptó la recomendación de realizarse una prueba serológica de aglutinación en suero, la cual resultó negativa. **Conclusiones.** Los resultados de este tamizaje inicial revelan un porcentaje de exposición mayor al detectado recientemente en perros de albergue (1,96% - 1/51); exponen la necesidad de incluir en las consultas médicas de rutina, análisis para la detección de *B. canis*; y soportan la importancia de iniciar estudios de seroprevalencia en caninos en calidad de animales de compañía de entornos urbanos en Bogotá, en donde se carece de información actualizada.

P-047. *Vibrio spp* y Vibriosis en Colombia.

Cobos T, Martínez M, Sánchez L, Córdoba T, Díaz P, Calvo M, Montaña A, Escandón P, Narváez S, Duarte C, Vivas J, Wiesner M, Instituto Nacional de Salud. Universidad Antonio Nariño; Bogotá.

Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras José Benito Vives de Andréis; Santa Marta. Universidad Nacional de Colombia. Universidad ECCI; Bogotá.
mwiesner@ins.gov.co

Introducción. *Vibrio spp.* es una bacteria ubicua de ecosistemas marinos, con 12 especies patógenas en humanos causantes de vibriosis, enfermedad que no se vigila en Colombia, desconociendo su hábitat natural y capacidad de infección. Este trabajo pretende determinar la presencia de especies patógenas de *Vibrio* en ecosistemas marino-costeros y muestras clínicas en el país. **Materiales y métodos.** Se procesaron 131 muestras ambientales (aguas marino-costeras) por el método de filtración en membrana y 37 aislamientos clínicos remitidos por los Laboratorios de Salud Pública Departamental y Distrital, desde el 2010 al 2019. Se confirmó género y especie por VITEK, API20E, CHROMagar™-Vibrio y PCR. La susceptibilidad antimicrobiana en 131 aislamientos ambientales y clínicos se realizó a ciprofloxacina-CIP, ceftazidima-CAZ, cefotaxima-CTX, ampicilina-AMP, nitrofurantoina-F, trimetoprim-sulfametoxazol-SXT, tetraciclina-TET, azitromicina-AZT, según los criterios del CLSI M45 vigente. **Resultados.** Se identificaron 165 aislamientos de *Vibrio spp* en 20 departamentos. *V. parahaemolyticus* n=52, *V. cholerae*-no-O1/no-O139 n=43, *V. alginolyticus* n=38, *V. fluvialis* n=25, *V. vulnificus* n=7. En aislamientos ambientales, *V. cholerae* y *V. alginolyticus* predominaron en la Costa Caribe, mientras *V. parahaemolyticus* en la Costa Pacífica. En aislamientos clínicos el 86% (n=32) fueron de materia fecal con *V. cholerae*-no-O1/no-O139 (34%), *V. parahaemolyticus* (34%) y *V. fluvialis* (32%). Los aislamientos clínicos de 3 especies fueron más resistentes que los ambientales a CIP, CTX, CAZ. El 19% y 14% de *V. cholerae*-no-O1/no-O139 fueron resistentes a AZT y TET respectivamente. *V. fluvialis* fue resistente a TET (18%). **Conclusiones.** La presencia de 5 especies de *Vibrio spp.* ambiental y clínico en Colombia confirma la posibilidad de adquisición de vibriosis sugiriendo implementar vigilancia rutinariamente.

P-048. Challenges in the control of bovine rabies: A spatio-temporal analysis of the case trends in Colombia, 2005-2019.

Bonilla-Aldana D, Jiménez-Díaz S, Rodríguez-Morales A, SIZOO; Fundación Universitaria Autónoma de las Américas. GISPEI; Universidad Tecnológica de Pereira.
arodriguezm@utp.edu.co.

Introducción. Vampire-bats became the main reservoir of rabies in Latin America, where the disease remains one of the most important viral zoonoses affecting humans and livestock. In most countries of the region, including Colombia, the most affected populations are cattle. **Materiales y métodos.** Retrospective cross-sectional descriptive study, based on the monthly reports by departments of the Colombian Agricultural Institute (ICA), for surveillance of bovine rabies, in Colombia, from 2005 to 2019. The data were converted into databases in Microsoft Access 365® and multiple epidemiological maps with Kosmo-RC1®3.0 software coupled to shapefiles of all municipalities in the country were developed. **Resultados.** During the study period, 4,888 cases of rabies in bovine were confirmed, ranging from a peak in 542 cases (11,1%) in 2014 up to 43, 2019 (0,88%). From 2014 there has been a significant reduction in the annual national number of cases ($r^2 = 0,9509, p < 0,05$). In 2019, 32,6% of the cases occurred in January, 48,8% occurred in the department of Sucre. In 2009 occurred the maximum number of spatial clusters (13) at the Orinoquia region, where other clusters, in 2005-2008, were also identified. In 2018, 98 foci were identified leading to deaths of bovine and other animals, 28,6% of them in Sucre department. **Conclusiones.** It is necessary to review the current national program for the prevention and control of rabies in livestock, incorporating concepts of the ecology of vampire bats, as well as the prediction of the infection waves geographic and temporal spread, in the context of the One Health approach.

P-049. Herramienta geoespacial de vigilancia epidemiológica para el control de la tuberculosis bovina y brucelosis en Colombia.

Arenas N, Ávila E, Correa E, Rueda W, López G, Torres J, Abril D, Moreno V, Soto C. Universidad de Cundinamarca. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
narenas69@uan.edu.co

Introducción. Uno de los principales desafíos para la productividad ganadera es la presencia de enfermedades de control oficial como la tuberculosis (TB) bovina y brucelosis, que no sólo representan un riesgo en la salud ani-

mal sino también para los consumidores de productos lácteos contaminados. Nuestro objetivo fue desarrollar una herramienta interactiva para la vigilancia epidemiológica de la TB bovina y brucelosis en Colombia entre el año 2004-2019. **Materiales y métodos.** Se obtuvo la información de casos de TB bovina y brucelosis por semana desde 2004 hasta 2019 como periodo de observación con base a los boletines epidemiológicos del Instituto Colombiano Agropecuario (ICA). La información se almacenó en una base de datos y con la herramienta Map-viewer de ArcGIS de Esri® se generaron mapas interactivos. Se realizó un análisis de correspondencia múltiple mediante el software estadístico R (v3.6.1). **Resultados.** En los mapas se observan los focos históricos de ambas enfermedades (<https://arcris.org/1uvSLv>). Se identificó una alta prevalencia de TB bovina en los departamentos de Cundinamarca y Boyacá para el mes de enero específicamente en el año 2012 presenta un incremento significativo (cluster 4). Para brucelosis se muestra una alta concentración de casos de en Santander, Valle del Cauca y Cauca en el mes de Diciembre (cluster 3). La variable departamento estuvo significativamente vinculada con el reporte de los casos de ambas enfermedades. **Conclusiones.** Nuestros resultados podrían ser muy útiles para el diseño de estrategias preventivas como vacunación y tamizaje en campo para el control y de la brucelosis y TB bovina en Colombia.

P-050. Seroprevalence of infectious diseases detected in a blood bank of a hospital in Sucre, Colombia, 2016-2017.

Villamil-Gómez W, Quino M, Martínez F, Salgado P, Betanzos Á, Rodríguez-Morales A, Departamento de Salud Pública; Instituto Nacional de Salud Pública; Cuernavaca; México. Sanatorio Ramón A. Cereijo; Buenos Aires; Argentina. GISPEI; Universidad Tecnológica de Pereira; Pereira. Grupo de Investigación Infección y Control de Infecciones; Hospital Universitario de Sincelejo. Sincelejo
arodriguezm@utp.edu.co

Introducción. Blood-borne pathogens continue to be a significant health threat at hospitals and healthcare institution with blood banks and transfusions capacities. Proper surveillance at institutions is of utmost relevance for such infectious agents. **Materiales y métodos.** Retrospective study analyzing the seroreactivity to seven different infectious agents in the blood bank of the Hospital Universitario de Sucre, Sincelejo, Colombia. ELISA serological testing was done with 4774 blood units between 2016 (2101) and 2017 (2673). Samples that were repeat reactive with the ELISA underwent supplementary Western blot testing. **Resultados.** During the period, 6,2% of the blood units were reactive (5,95% in 2015 and 6,36% in 2017). From that total, 37,92% corresponded to syphilis (VDRL), 35,59% to hepatitis B core antigen, 7,8% to HIV and HTLV-1 and -2, 6,4% hepatitis C, 3,73% *Trypanosoma cruzi*, and 1,36% hepatitis B surface antigen. From those reactive (295), 35,25% were confirmed, mainly for syphilis, 76,4%, *Trypanosoma cruzi* 72,73%, hepatitis B surface antigen 25%, HIV 21,74%, 13,04% HTLV, 2,86% hepatitis B core antigen and 0% for hepatitis C. **Conclusiones.** In this study, in Sucre, syphilis, a mainly sexually transmitted infection, remains as the main pathogen prevalent in contaminated blood units. This calls on the importance of prevention, treatment and control of this disease in the department. Secondly, Sucre is endemic for Chagas disease, then as occurred this was prevalent, and should be kept in suspicion, given the possibility of infection due to blood transfusion and organ transplantation, that may lead to acute forms in immunosuppressed individuals.

P-051. Virulencia y relación genética de aislamientos clínicos y ambientales de *Vibrio* spp. en Colombia.

Sánchez L, Cobos T, Martínez M, Córdoba T, Díaz P, Calvo M, Angeline L, Escandón P, Narváez S, Vivas, J. Duarte, C. Wiesner, M. Instituto Nacional de Salud. Universidad Nacional de Colombia. Universidad Antonio Nariño. Bogotá. Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras José Benito Vives de Andréis; Santa Marta. Universidad ECCI. Bogotá.
mwiesner@ins.gov.co

Introducción. Diferentes especies del género *Vibrio* son patógenas para humanos y han ganado importancia por el incremento en casos de Vibriosis, en Colombia se desconoce su capacidad patogénica y relación clonal. El objetivo de este trabajo fue identificar genes de virulencia y relación genética entre aislamientos clínicos y ambientales de *Vibrio* spp. circulantes en el país. **Materiales y métodos.** Se evaluaron 168 aislamientos de *Vibrio* spp, 131 ambientales y 37 clínicos recuperados entre 2010-2019 de muestreos ambientales y por la Vigilancia Nacional de Laboratorio del Instituto Nacional de Salud. Se identificaron mediante PCR genes de virulencia como *tth*, *tdh*, *trh*, *vfh* y *hlyA*,

ctxA, *tcpA*, *nanH*, y *vcgC* o E. Se evaluó la relación genética de 20 aislamientos ambientales y clínicos de cada especie mediante PFGE. **Resultados.** De 165 aislamientos confirmados como *Vibrio* spp, se observaron genes de virulencia específicos en aislamientos de *V. parahaemolyticus* n=52 (tdh en 16,4 %), *V. cholerae*-no-O1/no-O139 n=43 (*nanH* en 43,2% y *hlyA* en 54%), *V. fluvialis* n=25 (*vfh* en 96%) y *V. vulnificus* n=7 (*vcgC* en 85,7%), *V. alginolyticus* n=38, no porto ningún gen; todos fueron negativos para las toxinas CT y TCP. Se observó relación genética entre 60 a 100%, con uno o dos clones (90-100% similitud) circulantes en el país para cada especie. **Conclusiones.** La presencia de 5 especies de *Vibrio* portadoras de genes de virulencia de origen ambiental y clínico en Colombia, así como su relación genética, evidencian el riesgo de adquisición de vibriosis y sugiere implementación de estrategias de vigilancia, prevención y control. Proyecto-Colciencias-21047775791

MICOBACTERIAS

P-052. Infection capacity of *Mycobacterium leprae*'s Colombian strains associated or not associated to recurrent leprosy events.

Chavarro-Portillo B, Soto C, Guerrero M, Hospital Universitario Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
bchavarrop@una.edu.co

Introducción. The Peripheral Nervous System (PNS) is the preferred residence to the bacterial pathogen *Mycobacterium leprae*. This pathogen has an exceptional ability to invade Schwann cells: the adult PNS glial cells, which provide a safe niche to *M. leprae*'s initial colonization, its survival and spread. This study evaluated the infective capacity of relapse-associated and non-associated *M. leprae* strains in the *in vitro* model of Schwann cells to determine the *M. leprae* differences in strains that cause leprosy recurrence compared to new case-derived strains. **Materiales y métodos.** The *M. leprae* strains obtained and purified from new and suspected relapse patients were used to infect human Schwann cells, until achieving exponential multiplication of *M. leprae*, during the culture time between 1 and 12 days. **Resultados.** The experimental conditions of study involved cultures at 33°C, which is the optimal temperature for infection of Schwann cells with *M. leprae*. We found variation in the infective capacity of the strains in the initial time: oscillating between 6.5 and 27% of infection rate. This infection reached maximum percentages between 16.5% and 54%. These results demonstrate the differences in the infective capacity of different strains. **Conclusiones.** Our study provides evidence that not only PGL-1 (glycolipid present in the envelope of *M. leprae*) that is recognized by Schwann cells, modulates the response of Schwann cells and favors the intracellular persistence of the bacterium, but also, the bacterial load and the genotypic properties of the infecting *M. leprae* strains.

P-054. Agentes causales de lepra: identificación molecular de *Mycobacterium leprae* y *Mycobacterium lepromatosis* en un área endémica de lepra en Colombia.

Fragozo M, Cano E, Gómez D, Grupo de Investigación UNIMOL Universidad de Cartagena. Cartagena.
carolinafragozo@gmail.com

Introducción. *Mycobacterium leprae* se consideró el único agente causal de la lepra hasta que se identificó el *Mycobacterium lepromatosis*, este último, se propone que posee mayor patogenicidad y se vincula a la Lepra Lepromatosa Difusa (LLD) y el Fenómeno de Lucio (FL). Nuestro objetivo es identificar el *Mycobacterium* spp., en un área endémica de lepra en Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, multicéntrico. Se incluyeron casos con diagnóstico de lepra confirmado por clínica o laboratorio provenientes de Cartagena y Bolívar entre enero de 2015 y febrero de 2020. En biopsias parafinadas, se realizó extracción de ADN y dos rondas específicas de PCR semianidadas para *M. leprae* y *M. lepromatosis*. **Resultados.** Se analizaron 41 casos, 61% multibacilares. El diagnóstico clínico más frecuente fue Lepra Lepromatosa (LL) (36,6%), se presentó un caso con LLD y dos con FL. El hallazgo histopatológico más común fue Lepra Tuberculoide (LT) (36,59%), tres sujetos tuvieron una histopatología negativa. No se detectó *M. lepromatosis* en las muestras estudiadas, todos los casos correspondieron a *M. leprae* incluyendo los sujetos con patología negativa, LLD y FL. **Conclusiones.** En este estudio, *M. leprae* fue el agente causal de lepra, abarcando sus formas fenotípicas más severas y altamente mortales como el FL, por lo que elementos ligados al huésped en lugar de las especies

se deben tener en cuenta como los principales factores de riesgo. Es apropiado considerar la PCR como una herramienta indispensable para el diagnóstico de la lepra y seguir realizando la búsqueda activa de *M. lepromatosis* en casos con PCR negativa para *M. leprae*.

P-055. Perfil de susceptibilidad a antibióticos en especies de micobacterias no tuberculosas en Medellín, Colombia 2010-2019.

Victoria L, Realpe T, Mejía G, Robledo J, Corporación para Investigaciones Biológicas. Medellín.
laura.victoria0216@gmail.com.

Introducción. Datos acerca del perfil de susceptibilidad a antibióticos de especies de micobacterias no tuberculosas (MNT) en países de Suramérica son escasos. El objetivo del estudio fue determinar el perfil de susceptibilidad a antibióticos de las MNT en nuestra población. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo. Se seleccionaron datos disponibles de concentración inhibitoria mínima (CIM) de la unidad de bacteriología y micobacterias de la Corporación para Investigaciones Biológicas (2010 a 2019). Se incluyeron datos de MNT de crecimiento rápido (*M. fortuitum*, *M. abscessus* y *M. chelonae*) y MAC. Puntos de corte se determinaron de acuerdo con los lineamientos del CLSI. Se seleccionaron cuatro antimicrobianos: claritromicina, amikacina, fluoroquinolonas y tetraciclinas para MNT de crecimiento rápido y claritromicina para complejo MAC. Se determinó la CIM 50 y CIM 90. **Resultados.** Se analizaron 282 aislamientos, 81 correspondientes a *M. fortuitum*, 78 a *M. abscessus*, 24 a *M. chelonae* y 99 a MAC. 124 de ellos fueron de muestras pulmonares y 158 extrapulmonares. Para claritromicina la CIM 90 en *M. fortuitum* fue de 32 y el 38% fueron susceptibles. Para *M. abscessus* fue 8, 70% susceptibles. Para *M. chelonae* 2, 87 % susceptibles y para MAC 16, 50% susceptibles. Para fluoroquinolonas, la CIM 90 en *M. fortuitum* fue de 2, *M. abscessus* 16 y *M. chelonae* 32. **Conclusiones.** Los antimicrobianos utilizados para tratar enfermedad por MNT pueden ser parcialmente efectivos, debido a la resistencia encontrada "in vitro", esto sugiere la necesidad de actualizar los protocolos de tratamiento para nuestra población.

P-056. Frecuencia de síntomas depresivos en pacientes y expacientes con enfermedad de Hansen de una ciudad del caribe colombiano.

Salas S, Borje P, Guerra C, Carcamo L, Grupo GINUMED, Corporación Universitaria Rafael Núñez. Departamento administrativo distrital de salud – DADIS. Cartagena.
soraya.salas@cumvirtual.edu.co.

Introducción. Está establecido que personas que padecen enfermedades crónicas tienen mayor riesgo de desarrollar trastornos mentales, igualmente, estudios evidencian altas prevalencias de comorbilidades psiquiátricas en pacientes con enfermedad de Hansen siendo los trastornos depresivos los más comúnmente descritos. Por lo cual, el presente trabajo estimó la prevalencia de síntomas depresivos en una agremiación de pacientes y expacientes con enfermedad de Hansen de Cartagena, Colombia. **Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo con muestreo no probabilístico durante los meses de abril a septiembre de 2019, en una agremiación de pacientes y expacientes con enfermedad de Hansen de Cartagena. Se realizó test de Beck I y los resultados se contrastaron con variables sociodemográficas y clínicas mediante análisis bivariado. **Resultados.** Participaron 51 personas, con una edad promedio de 52 años (IC 35,7-68,5), y predominio del sexo masculino (57%). El 39% de la población cursó bachillerato, el 25% se encontraban en tratamiento al momento de la encuesta y el 33% presentaban algún grado de discapacidad. El 27%, 16% y 2% de la población presentó depresión leve, moderada y severa respectivamente. El síntoma depresivo más frecuentemente descrito fue la fatiga (13%) seguido de cambios en el apetito (84,2%), llanto (81,6%), y tristeza (79%). No se encontró relación estadísticamente significativa entre presencia de síntomas depresivos y características sociodemográficas, el tratamiento y la discapacidad. **Conclusiones.** Se evidencia que el 35% de los encuestados con el test de Beck I obtuvo calificaciones compatibles con depresión, se recomienda implementar manejo especializado dentro del abordaje integral del paciente y expaciente con enfermedad de Hansen.

P-057. Situación epidemiológica de la tuberculosis infantil en el departamento de Caldas 2016-2018.

Caicedo J, Villegas J, Cañas A, Echeverri, J Gallego Y, Pacheco R, Universidad Icesi. Cali. Dirección Territorial de Salud de Caldas. Manizales.
jackyzcaicedo@msn.com

Introducción. Tuberculosis (TB) infantil es un reto para los programas de control de TB. La OMS, estima que 6% de casos nuevos corresponden a población infantil. En Colombia, la incidencia general de TB, para el 2018, fue de 17,7/100.000 habitantes. Caldas ocupa el noveno puesto, con una incidencia general de 21,9/100.000 habitantes para el mismo año. El objetivo principal del estudio es describir la epidemiología de la TB infantil en el departamento de Caldas entre 2016-2018. **Materiales y métodos.** Estudio observacional-descriptivo. **Resultados.** Se registraron 41 casos (4%, 41/1.029) de TB infantil. La incidencia de TB infantil fue 2,96/100.000 (2016), 6,31/100.000 (2017) y 4,34 /100.000 (2018). La mediana de edad fue 10 años (RI 2-16). El sexo femenino aportó el 53,66%, los estratos socioeconómicos bajos fueron más prevalentes (90,24%, 37/41), Manizales fue el municipio con el mayor reporte de casos (43,9%, 18/41). La TB pulmonar se presentó en el 39,02% de los pacientes. El 68,29% (28/41) reportaron haber tenido una duración de síntomas mayor a 15 días antes de la consulta. El 70,73% (29/41) de los casos presentó tos con expectoración y 65,85% (27/41) reportaron astenia o disnea. La PPD se midió en el 65,85% de la población (27/41) y fue positiva (> 10 mm) en 62,96% (17/27) niños. El diagnóstico radiológico se realizó en 56,1% (23/41) del total de casos. En los 10 casos de TB extrapulmonar, la presentación más frecuente fue TB miliar (7/10). Se registraron dos casos fatales. **Conclusiones.** La TB infantil en el departamento de Caldas afecta principalmente a niñas con vulnerabilidades sociales.

MICOLOGÍA

P-058. Evaluación de la actividad antimicótica y el efecto en el crecimiento de *Candida albicans* del Óxido de zinc en productos formulados anti-panalitis.

Gómez O, Llanos C, García A, Universidad CES, Universidad de Antioquia. Tecnoquímicas S.A. Medellín.
ana.garcia@udea.edu.co

Introducción. Uno de los factores causantes de la dermatitis del pañal en infantes es la sobreinfección con especies de *Candida*, principalmente *C. albicans*. El tratamiento se basa en el uso de productos tópicos a base de óxido de zinc (ZnO) con o sin antimicóticos como la nistatina, pero la actividad antimicótica in vitro de estos se desconoce. Este trabajo buscó evaluar la actividad antimicótica y el efecto en el crecimiento de *C. albicans* de diversas cremas antipañalitis a base de ZnO al 25 y 40%. **Materiales y métodos.** Se evaluó la actividad antimicótica (ensayos de difusión en agar) y el efecto sobre el crecimiento microbiano (curva de crecimiento), sobre la cepa de *Candida albicans* ATCC®90028™, de tres formulaciones a base de óxido de zinc, y una crema medicada y anfotericina B como productos control. **Resultados.** En el ensayo de difusión, los productos control presentaron actividad antimicótica. La curva de crecimiento mostró inhibición total de *C. albicans* a partir de las 4 horas en los productos control, mientras que las formulaciones mantuvieron constante el recuento de UFC a través del tiempo (efecto inhibitorio). Análisis adicionales mostraron mayor efecto inhibitorio para las formulaciones 1 y 2. **Conclusiones.** La crema medicada presentó actividad antimicótica incluso desde las 4 horas de crecimiento. Si bien los ensayos de difusión en agar no mostraron actividad antimicótica con las tres formulaciones, el ensayo del efecto sobre el crecimiento microbiano mostró actividad inhibitoria de estas.

P-059. Actividad de péptidos antifúngicos derivados de la catelicidina humana II37, en aislamientos clínicos causantes de candidiasis vulvovaginal.

Guzmán K, Mejía W, Pinilla G, Cruz C, Navarrete J, Muñoz L, Sierra C, Muñoz J, Salazar L, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Universidad Nacional de Colombia. Organización Sanitas Internacional. Universidad del Rosario. Bogotá.
kjguzman@unicolmayor.edu.co

Introducción. La levadura *C. albicans*, es causante de una variedad de manifestaciones clínicas de la candidiasis, entre ellas, la candidiasis vulvovaginal recurrente (VVCR) definida así por la presentación de 4 o más casos de candidiasis vulvovaginal al año, las cepas de *Candida*, aisladas de pacientes con VVCR presentan una alta resistencia a la terapia convencionalmente usada para su tratamiento. Como alternativa han sido estudiados diversos péptidos antimicrobianos de amplio espectro, entre ellos la catelicidina humana LL37. En este estudio se determinó el efecto antifúngico in vitro de péptidos análogos derivados del LL37, en levaduras de cándida, de pacientes con VVCR. **Materiales y métodos.** Se utilizó un método descriptivo correlacional, don-

de se estudiaron 15 aislamientos clínicos de pacientes con VVCR frente a los péptidos análogos al LL37: LL37-1, D, AC1, AC2; se utilizó la cepa 256 como referencia. El análisis estadístico se realizó mediante One-way ANOVA seguida de Post-hoc test Tukey. **Resultados.** Mediante la técnica MALDI-TOF se identificó que las muestras correspondieron al género y especie *C. albicans*. Mediante el ensayo XTT se obtuvo que el 93% de las muestras fueron fuertemente formadoras de biopelículas y el 7% moderadamente formadoras. Los péptidos LL37-1 y D a concentraciones de 5 y 10 µM, demostraron efectos inhibitorios. **Conclusiones.** Los péptidos estudiados tienen potencial para ser utilizados en infecciones de VVCR. Las variaciones de la síntesis química de los péptidos derivados de LL37, reflejan una posible alternativa en el efecto antimicrobiano, e incrementan su actividad microbicida y/o inhibitoria en el crecimiento fúngico, favoreciendo los avances en el diseño racional de nuevos péptidos.

P-060. Comportamiento de la sensibilidad a antifúngicos de *Cryptococcus neoformans* provenientes de hemocultivos y cultivos de líquido cefalorraquídeo de pacientes atendidos entre 2012-2019 en Antioquia, Colombia.

Maldonado N, Montaña A, Roncancio G, García C, Robledo C, Robledo J, Grupo GERMEN, Laboratorio Médico de Referencia. Clínica CardioVID. Corporación para Investigaciones Biológicas; Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín.
natalia.maldonado@yahoo.com.

Introducción. Caracterizar la sensibilidad de *Cryptococcus neoformans* y conocer la epidemiología local, son esenciales para su tratamiento. **Materiales y métodos.** Análisis de *C. neoformans* en hemocultivos y cultivos de líquido cefalorraquídeo (LCR) de pacientes de Antioquia, entre 2012-2019. Comparación de las concentraciones mínimas inhibitorias (CMI) a fluconazol, anfotericina B y 5-fluorocitosina en periodos bianuales. **Resultados.** *C. neoformans* fue el segundo microorganismo más frecuente en hemocultivos positivos para hongos con 104/1547 aislamientos (7,0%), después de *Candida spp.*, y el primero en LCR con 130/159 aislamientos (81,7%). Los aislamientos con resultado de CMI para fluconazol fueron 18 en 2012-2013, 21 en 2014-2015, 30 en 2016-2017 y 4 para 2018-2019 (periodo no incluido en el análisis); para anfotericina B fueron 21, 11, 20 y 20 en cada periodo y para 5-fluorocitosina de 14 en 2012-2013 y 15 aislamientos en cada uno de los tres periodos siguientes. Para fluconazol, entre 2012-2017 la media de la CMI pasó de 1,58 µg/mL a 1,65 µg/mL y 2,5 µg/mL, en los tres periodos bianuales. El 93,3% de aislamientos presentaron una CMI ≤2 µg/mL en 2012-2013, 89% en 2014-2015 y 71,4% en 2016-2017. Todos los aislamientos mostraron una CMI ≤4 µg/mL para 5-fluorocitosina entre 2012-2019, excepto para el periodo 2016-2017 con el 93,0%; la media de la CMI subió de 1,16 µg/mL en 2012-2013 a 1,44 µg/mL en 2018-2019. Para anfotericina B, la media de la CMI bajó de 0,89 µg/mL en 2012-2013 a 0,51 µg/mL en 2018-2019. **Conclusiones.** Se observó un incremento de la media de la CMI para fluconazol y 5-fluorocitosina, en contraste con una reducción para anfotericina B.

P-061. Neutralizing Anti-Granulocyte-Macrophage Colony-Stimulating factor (GM-CSF) autoantibodies in three colombian patients with disseminated Cryptococcosis.

Arango-Franco C, Migaud M, Ramírez I, Patiño S, Moncada-Vélez M, Álvarez J, Orrego J, Roncancio G, Arango K, Abel L, Casanova J, Bustamante J, Puel A, Franco J, Arias A. Grupo de Inmunodeficiencias Primarias; Fac de Medicina; Universidad de Antioquia. Medellín. Laboratory of Human Genetics of Infectious Diseases; Necker Branch; INSERM U1163; Paris; France. Depto de Medicina Interna; Sección de Enfermedades Infecciosas. Hospital Pablo Tobón Uribe. Clínica CardioVID. Corporación Para Investigaciones Biológicas CIB. Medellín. Colombia. St. Giles Laboratory of Human Genetics of Infectious Diseases; Rockefeller Branch; New York; USA. Center for the Study of Primary Immunodeficiencies; Necker Hospital for Sick Children; Paris; France.
carlos.arango2@udea.edu.co

Introducción. Invasive fungal diseases (IFDs) frequently occur in patients with immune compromise, either acquired, or less frequently in otherwise healthy individuals. Cryptococcosis is a potentially fatal mycosis caused by *C. neoformans* and *C. gatti* in humans. Invasive Cryptococcosis and Pulmonary Alveolar Proteinosis (PAP) due to Anti-Granulocyte-Macrophage Colony-Stimulating Factor (GM-CSF) auto-Ab can develop in otherwise previously healthy adults. We aim to investigate anti-GM-CSF Auto-Ab and establish their neutralizing activity in otherwise healthy adult Colombian patients with Cryptococcal meningitis.

Materiales y métodos. We reviewed medical and laboratory records and measured anti-Cytokine Auto-ab in serum by ELISA, and their neutralizing activity by inhibition of STAT5 phosphorylation (pSTAT5) in peripheral blood mononuclear cells (PBMC) after rhGM-CSF stimulation using flow cytometry. **Resultados.** Three previously healthy individuals, one male (P1, 56 years) and two females (P2 and P3, 46 and 44 years) developed disseminated Cryptococcosis in their middle 30's; P3 also presented with PAP. All were HIV negative and serum Immunoglobulins, PB lymphocytes were in normal ranges. High titers of neutralizing anti-GM-CSF auto-Abs were found in the serum of all individuals; no auto-Abs against IL-12 and IFNγ were detected. Patients' sera exhibited high neutralizing activity by preventing pSTAT5 after stimulation with rhGM-CSF in PBMC. **Conclusiones.** Alveolar macrophages and GM-CSF are essential in the immune response against cryptococcal infections. To our knowledge, this is the first report of Colombian patients with auto-Ab underlying disseminated cryptococcosis. Further studies should evaluate the genetic contribution and the role of GM-CSF and pSTAT5 signaling pathway in the immune response against *Cryptococcus sp.*

P-062. Diferencias invisibles entre hermanas. Determinación de compuestos orgánicos volátiles (COVs) producidos por *Malassezia globosa*, *Malassezia restricta* y *Malassezia sympodialis*.

Ríos A, González M, Carazzone C, Celis A, Universidad de los Andes. Bogotá.
a.rios@uniandes.edu.co

Introducción. *Malassezia* pertenece a un grupo de levaduras lipido-dependientes, hacen parte de la microbiota de la piel, y se han asociado a distintas patologías dermatológicas. *Malassezia* produce compuestos orgánicos volátiles (COVs) cuya función aún no es clara. Sin embargo, podrían estar relacionados con procesos de interacción intra e inter-especie, o estar implicados en el metabolismo central y secundario de la levadura. El objetivo de este estudio es determinar el perfil de volátiles de *M. globosa*, *M. restricta* y *M. sympodialis* en fase exponencial y estacionaria en medio de crecimiento caldo Dixon-modificado, y comprender su rol en el metabolismo de *Malassezia*. **Materiales y métodos.** Los compuestos fueron separados y caracterizados en cada fase mediante microextracción en fase sólida por espacio de cabeza (HS-SPME) y cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas (GC-MS). **Resultados.** Aproximadamente 100 compuestos fueron identificados putativamente, dentro de los cuales se encontraron alcoholes, alcanos, alquenos, cetonas, aldehídos y tioles. Compuestos asociados con procesos de interacción como, 1-butanol, 2-metil-1-butanol, 3-metilbutanol y 2-metilpropanol fueron detectados. Los análisis multivariados de componentes principales (PCA) y análisis discriminante (DA) demostraron que la especie de *Malassezia* determina diferencias significativas en el perfil de volátiles. Adicionalmente, los compuestos volátiles de cada fase de crecimiento también son significativamente distintos. **Conclusiones.** Esta investigación muestra como los COVs representan un resultado importante del metabolismo de *Malassezia spp.* y pueden ayudar a comprender el rol patogénico que desempeñan estas levaduras en la piel, además pueden ser claves en procesos de interacción huésped – patógeno.

P-063. Análisis in vitro de ADN mitocondrial de especies de *Paracoccidioides spp.*, confirman la presencia de secuencias que conforman una mitocondria de 115 kb pero no de heteroplasmia en este género.

Botero V, Botero V, Misas E, López A, Tamayo D, Hernández O, Corporación para Investigaciones Biológicas CIB. Unidad de Biología Celular y Molecular. Universidad de Antioquia. Medellín.
nessabc7.9@gmail.com

Introducción. La mitocondria es un orgánulo clave en las células eucariotas por su función en la generación de energía química a través del adenosin trifosfato (ATP), contienen su propio material genético ADN mitocondrial (ADNmt) y ribosomas que le permiten generar sus propias proteínas. Las mitocondrias son orgánulos claves en las células eucariotas, contienen su propio material genético ADN mitocondrial (ADNmt) del que producen un abundante número de copias, lo que aumenta la probabilidad de errores en la replicación y da lugar a ADNmt con secuencias diferentes que pueden derivar en heteroplasmia, es decir, la presencia de más de una secuencia de ADN mitocondrial. **Materiales y métodos.** En este estudio, mediante ensayos *in vitro* se analizaron variaciones estructurales en el ADN mitocondrial de *Paracoccidioides brasiliensis* descritas *in silico* y se realizó un análisis comparativo para determinar la presencia de las variaciones en especies del género *Paracoccidioides*.

Resultados. Se encontró que existen diferencias entre las cinco especies del complejo *P. brasiliensis* y *P. lutzi* y que la heteroplasma no está condicionada por el estrés metabólico del hongo. **Conclusiones.** Entender la composición de estos genomas mitocondriales es fundamental para el desarrollo de hipótesis sobre los mecanismos que ocasionan la presencia de heteroplasma y las causas de las diferencias genéticas entre las especies.

P-064. Persistencia ambiental de *Cryptococcus neoformans* y *Cryptococcus gattii* en Cúcuta, Norte de Santander.

Angarita A, Vélez N, Parra C, Escandón P, Universidad de Santander. Pontificia Universidad Javeriana. Pontificia Universidad Javeriana. Instituto Nacional de Salud. Bogotá.
as.angarita@mail.udes.edu.co

Introducción. la presencia en el ambiente del agente etiológico de la criptococosis ha sido ampliamente estudiado en Cúcuta desde el primer reporte de su recuperación en 1997. El objetivo de este estudio fue determinar la persistencia de *C. neoformans* y *C. gattii* en 2 zonas de Cúcuta previamente positivas para el hongo. **Materiales y métodos.** se recolectaron 2160 muestras de corteza, tierra y hojas entre marzo y agosto del 2019 en el parque general Santander (n=720) y estadio (n=1440). Las muestras se procesaron con técnicas convencionales y se identificaron por espectrometría de Masas (MALDI-TOF), se utilizó ArcGIS10 para su georreferenciación. Los datos de temperatura, humedad relativa y precipitación se obtuvieron del Instituto de hidrología Meteorología y Estudios Ambientales (IDEAM). **Resultados.** la frecuencia de *Cryptococcus* en el estadio fue de 4% (51/1440) y en el Parque Santander de 2% (16/720). Al discriminar por especie, en la zona estadio en el 84% (43/51) de los árboles positivos se recuperó *C. neoformans* y el restante 16% (8/51) a *C. gattii*. En el Parque Santander, en el 88% (14/16) de los positivos se aisló *C. neoformans* y 12% (2/16). Con relación a los factores climáticos asociados a la presencia del hongo, la mayor frecuencia se evidenció en abril y mayo, época con mayor precipitación y humedad relativa, relacionado con los antecedentes referenciados en la ciudad. **Conclusiones.** este reporte alerta sobre la presencia de un nuevo nicho de *C. gattii* en el Parque Santander de la ciudad de Cúcuta, y la persistencia de las dos especies en el ambiente Financiación UDES F188-19.

P-065. Embriones de pez cebra (*Danio rerio*): en la búsqueda de nuevos modelos de infección alternativos para *Malassezia furfur* CBS 1878.

Soto D, Uribe L, Torres M, Zayra G, Celis A, Universidad de Los Andes.
marit-to@uniandes.edu.co

Introducción. *Malassezia furfur*, una levadura lípido-dependiente, ha sido asociada a infecciones en piel y sistémicas. Sin embargo, poco se sabe de la interacción huésped-patógeno, por lo que se requiere de la implementación de modelos que permitan un mejor entendimiento de esta interacción. El objetivo de este estudio es evaluar la capacidad del pez cebra (*Danio rerio*) como modelo de infección para *M. furfur*. **Materiales y métodos.** Para lograr este objetivo, se microinyectaron embriones de *D. rerio* de 36 horas post fertilización (hpf) en el área pericárdica con Tween 80 al 0.5%, como control negativo, y 3 concentraciones de inóculo de *M. furfur* (1.5x10⁶, 1.5x10⁷ y 1.5x10⁸ UFC/mL), usando como trazador de microinyección rojo de fenol. Los embriones inoculados fueron incubados a 32°C por 24 horas, evaluando su supervivencia a lo largo de este periodo. Se evaluó la carga fúngica, homogeneizando los embriones en PBS, luego se sembró en agar Dixon modificado e incubó a 33°C. Además, se realizaron estudios histológicos con tinción hematoxilina-eosina. **Resultados.** Se evidenció que la supervivencia de los embriones depende de la concentración del inóculo inicial de *M. furfur*. Por otro lado, se observaron alteraciones en la integridad de diferentes tejidos con aislamiento de levaduras, lo que indica un posible establecimiento de la infección de *M. furfur*. **Conclusiones.** Los embriones *D. rerio* de 36 hpf pueden ser una alternativa como modelo de infección *in vivo* para *M. furfur*, aunque se requieren más estudios para estandarizar este modelo con mayor reproducibilidad en los resultados

P-066. Caracterización de levaduras del género *Malassezia* ocasionando fungemia en la unidad de cuidados intensivos neonatal de un hospital del eje cafetero colombiano.

Galvis J, Giraldo B, Martínez J, Echeverri S, Institución Universitaria Visión de las Américas. Hospital Universitario San Jorge. Pereira.
juan.galvism@uam.edu.co

Introducción. El género *Malassezia* comprende levaduras lipofílicas, comensales de la piel de humanos y animales, responsables de infecciones dermatológicas y sistémicas, particularmente en recién nacidos pretérmino hospitalizados en Unidades de Cuidados Intensivos Neonatal (UCIN) con catéteres venosos centrales, antibióticos de amplio espectro y nutrición parenteral rica en lípidos. Su difícil aislamiento ha limitado los estudios encaminados a identificar este hongo como causa de fungemia en pacientes con factores de riesgo. El objetivo de la investigación fue caracterizar aislamientos cutáneos y sanguíneos de *Malassezia spp.* obtenidos de recién nacidos hospitalizados en la UCIN del Hospital Universitario San Jorge (HUSJ) de Pereira (Colombia) durante el segundo periodo del año 2018. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo transversal cuya población objeto fueron todos los recién nacidos con sospecha clínica de sepsis neonatal hospitalizados en la UCIN del HUSJ de julio a diciembre del 2018. Se realizó aislamiento de *Malassezia spp.* a partir de cultivos de frotis de piel y hemocultivos, pruebas de susceptibilidad antifúngica, amplificación de genes ribosomales, secuenciación y análisis filogenéticos. **Resultados.** Se obtuvo un aislamiento positivo para *Malassezia sympodialis* de 19 hemocultivos (5.3%), perteneciente a un neonato pretérmino, con antibiocioterapia de amplio espectro y hemocultivos de rutina negativos. Fue sensible a fluconazol y voriconazol, y resistente a anfotericina B. **Conclusiones.** Este es el primer caso confirmado de fungemia en neonatos por *M. sympodialis* en Colombia, con mayor susceptibilidad a los azoles que a los polienos, por lo cual se recomienda realizar hemocultivos con suplementación lipídica en pacientes con factores predisponentes.

P-067. Epidemiología y características clínicas de casos de onicomiosis por *Neoscytalidium dimidiatum* vs *Trichophyton rubrum*.

Gil-González M, Gómez-Velásquez J, Hernández-Herrera G, Loaiza-Díaz N, Mesa-Arango A, Grupo de Investigación Dermatológica; Facultad de Medicina; Universidad de Antioquia. Synlab Colombia S.A.S. Medellín.
manuela.gilg@udea.edu.co

Introducción. La onicomiosis es una infección frecuente a nivel mundial causada principalmente por *Trichophyton rubrum*; sin embargo, en los últimos años se ha notado incremento de casos por hongos ambientales como *Neoscytalidium dimidiatum*, un hongo confinado sobre todo a regiones tropicales y poco sensible a los antifúngicos disponibles. El objetivo de este estudio fue comparar la epidemiología y la clínica de la onicomiosis causada por *N. dimidiatum* y por *T. rubrum*. **Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio analítico, retrospectivo, de corte transversal, con un grupo de pacientes con onicomiosis por *N. dimidiatum* (n=34) y otro por *T. rubrum* (n=55) diagnosticados entre 2016 y 2018. De ambos grupos se analizaron y compararon variables clínicas y sociodemográficas usando el software RStudio. **Resultados.** No se encontró diferencia estadísticamente significativa ($p > 0,05$) entre las variables analizadas a excepción del lugar de residencia y del número de uñas afectadas. En el primer caso, la mayoría de los pacientes con onicomiosis por *N. dimidiatum* procedían de zona rural (11,8% vs 1,8%, $p = 0,03$) y en el segundo caso se observaron más uñas afectadas en los pacientes infectados con *T. rubrum* (23,6% vs 2,9%, $p = 0,009$). En ambos grupos la característica clínica más frecuente fue la onicolisis y el tiempo de evolución mayor a 60 meses. **Conclusiones.** Los resultados sugieren que el diagnóstico de la onicomiosis basado en las características clínicas puede ser erróneo, por lo que el aislamiento y confirmación del agente etiológico es fundamental, no solo por epidemiología sino para la elección de la terapia.

P-068. Candidemia en pacientes hospitalizados de Antioquia: tendencias en la distribución por especies y su sensibilidad a antifúngicos en los últimos 12 años.

Maldonado N, Berrío I, Beltrán C, Robledo C, Robledo J, Grupo GERMEN, Laboratorio Médico de Referencia. Hospital General de Medellín Luz Castro de Gutiérrez; Grupo de Micología Médica y Experimental; CIB. Departamento Pediatría Universidad de Antioquia; Clínica El Rosario; Clínica del Prado; Grupo Quirón. Corporación para Investigaciones Biológicas; Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín.
natalia.maldonado@yahoo.com

Introducción. *Candida spp.* es el género predominante en infecciones fúngicas del torrente sanguíneo. Determinar el comportamiento de las especies y sensibilidad a antifúngicos es prioritario para el tratamiento empírico

oportuno. **Materiales y métodos.** Estudio retrospectivo de aislamientos de *Candida spp.* de hemocultivos de pacientes ingresados entre 2008-2019 en instituciones de Antioquia pertenecientes al Grupo GERMEN. Se analizaron las frecuencias de especies y sensibilidad a antifúngicos agrupada en periodos bianuales empleando los criterios del CLSI (M60Ed2) de 2020 con el Whonet 5.6. Se realizaron análisis de regresión lineal simple para evaluar las tendencias con el Programa SPSS y un valor $p \leq 0,05$ se consideró significativo. **Resultados.** Los 1.877 aislados de *Candida spp.* representaron el 2,72% de 68.966 hemocultivos positivos. Las especies más frecuentes fueron *C. albicans* (38,5%), *C. parapsilosis* (22,3%), *C. tropicalis* (16,8%) y *C. glabrata* (12,0%). Se observó una tendencia estadísticamente significativa en la disminución de aislamientos de *C. albicans* (43,7% a 30,3%, $p=0,034$), frente al incremento de *C. glabrata* (8,0% a 20,2%, $p=0,000$); tendencias que fueron significativas en población adulta, pero no en poblaciones pediátrica y neonatal. No se observaron cambios significativos en sensibilidad a fluconazol entre 2010-2011 y 2018-2019, que fue de 97,5% y 96,9% para *C. albicans*, 86,0% y 87,5% para *C. parapsilosis* y 94,9% y 93,4% para *C. tropicalis*, respectivamente. **Conclusiones.** No se observó aumento en la resistencia a fluconazol en las especies más frecuentes; sin embargo, se destaca la disminución de aislamientos de *C. albicans* y emergencia de *C. glabrata*, una especie que expone mayor resistencia a azoles, con implicaciones terapéuticas relevantes.

NUEVAS TERAPIAS EN ENFERMEDADES INFECCIOSAS

P-069. Inhibición del receptor ionotrópico 21a (IR21a) con N, N-Dietil-meta-toluamida y su implicación en el control del vector *Anopheles gambiae*.

Carvajal A, Gómez A, Arenas N, Universidad Antonio Nariño. Bogotá.
narenas69@uan.edu.co

Introducción. Muchas enfermedades infecciosas son transmitidas por vectores que se orientan a través de receptores ionotrópicos sensibles a la temperatura para localizar y alimentarse de mamíferos de sangre caliente. Particularmente, *Anopheles gambiae* es el vector más importante de la malaria en el mundo. Nuestro objetivo fue caracterizar la interacción del inhibidor N, N-Dietil-meta-toluamida (DEET) con el receptor ionotrópico IR21a de *A. gambiae*. **Materiales y métodos.** Se obtuvieron las secuencias de los receptores IR21a en *A. gambiae* (A0A1S4GYH6) y especies de insectos cercanas en UNIPROT. Se realizó el modelado estructural del receptor en I-TASSER, visualización en Chimera UCSF y un docking con DEET en los servidores SWISSDOCK y ZINC-DOCKING. Se realizó un análisis evolutivo usando las secuencias de proteínas de receptores homólogos en el programa Mega X. **Resultados.** Se obtuvo la estructura completa del receptor ionotrópico IR21a (RMSD 3.38 Å) que muestra 3 hélices transmembranales para la inserción del receptor en la membrana y posible mecanismo como canales iónicos. Se calculó una interacción (ΔG) de DEET con IR21a de -6.71Kcal/mol mediado por interacciones con Y391, Q603 y F606. El análisis evolutivo sugiere que el receptor IR21a presenta un porcentaje homología de 58.78% y similitud de 41.22% con otros receptores ionotrópicos de otras especies de insectos. **Conclusiones.** Los receptores ionotrópicos podrían ser un blanco efectivo para evitar la transmisión de varias enfermedades transmitida por *A. gambiae* y posiblemente otros insectos que actúan como vectores de otros patógenos.

P-071. Evaluación de inhibidores candidatos del crecimiento de *Malassezia*.

Ehemann K, Sastoque A, Guevara M, Celis A, Universidad de los Andes. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
k.ehemann10@uniandes.edu.co

Introducción. *Malassezia* es un género de levaduras lipofílicas y lipídodependientes que pueden causar diferentes patologías cutáneas. La resistencia de diferentes especies de *Malassezia* ante distintos antifúngicos utilizados comúnmente como los azoles se ha visto en aumento en los últimos años. Por lo tanto, es de interés clínico realizar una búsqueda de posibles inhibidores del crecimiento de estas levaduras. En estudios previos realizados en la Universidad de los Andes, se determinó que la lisina y la treonina podrían ser posibles candidatos para la inhibición de *Malassezia spp.* El objetivo del actual estudio es evaluar el efecto inhibidor de lisina y treonina en el crecimiento de estas levaduras. **Materiales y métodos.** Se llevó a cabo la evaluación del efecto inhibidor mediante técnicas *in vitro* como microdilución en placa modificada de CLSI M27-A3, y difusión en agar por pozos. **Resultados.** Se obtuvo una concentración mínima inhibitoria (CMI) de 3.10mg/mL $\pm$ 0.00 para lisina para *M.*

furfur, *M. sympodialis*; de 1.00mg/mL $\pm$ 0.00 para *M. furfur* atípica y >25.00mg/mL para treonina para todas las especies evaluadas. Para difusión por agar se obtuvo inhibición al utilizar una concentración de 100mg/mL para lisina con halos de inhibición de 19.66 $\pm$ 1.53mm para *M. sympodialis* y 10.83 $\pm$ 2.02mm para *M. furfur*. **Conclusiones.** Los resultados aquí mostrados evidencian que lisina si tiene un efecto inhibitorio en el crecimiento de *Malassezia spp.*, siendo candidato promisorio para el tratamiento de las entidades cutáneas causadas por esta levadura.

PARASITOLOGÍA

P-072. Comportamiento epidemiológico de la Malaria en el departamento del Choco entre los años 2.016 y 2.018.

Hernández J, Pizarro P, Vera S, Jiménez A, Pérez M, Ortiz G, Zuluaga J, Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín.
jose_mauricio_h@hotmail.com

Introducción. El Pacífico colombiano presenta alto riesgo para Malaria. Existen poblaciones de *Anopheles spp.* en áreas urbanas y rurales de esta región. Las altas precipitaciones, la minería ilegal, los cultivos ilícitos y los cambios climáticos hacen que la malaria sea endémica en la región. El objetivo de este estudio es caracterizar los casos de malaria que ocurrieron en el departamento de Chocó durante los últimos tres años. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, transversal. De una fuente secundaria se obtienen los reportes de casos de malaria notificados al Programa Departamental de Control de los años 2.016 - 2.018. Con base en estos datos se realiza un análisis sociodemográfico de los casos reportados. **Resultados.** El año con mayor número de casos fue el 2.016 con 49.864, y con menor número de casos fue 2.017 con solo 14.493. La especie más prevalente es *P. falciparum*. En la zona urbana de Quibdó hay transmisión activa. Los grupos humanos más afectados son afrocolombianos entre 27 y 59 años e indígenas menores de 15 años. El 4,1% requirieron hospitalización, el 1,1% tuvieron complicaciones y el 0,1% falleció a consecuencia de la enfermedad. **Conclusiones.** El Chocó continúa siendo una de las regiones de Colombia con alta transmisión de malaria. Factores climáticos, sociales y económicos facilitan que la malaria sea endémica en esta región. Es importante revisar las estrategias de educación y prevención en torno de esta enfermedad para proponer estrategias de control comunitario que incluyan capacitación en la identificación-eliminación de criaderos de mosquitos y conocimientos básicos de la enfermedad.

P-073. Evaluación del efecto del cambio de algoritmos diagnósticos de la enfermedad de Chagas en Colombia.

Segura M, Flórez A, Ayala M, Cortés L, Bautista J, Instituto Nacional de Salud. Bogotá.
msegura@ins.gov.co

Introducción. La enfermedad de Chagas de etiología parasitaria, es causada por el *Trypanosoma cruzi*. La Organización Mundial de la Salud la clasifica como una enfermedad desatendida, por lo tanto, desde la Dirección de Redes en Salud Pública se realiza la vigilancia por el laboratorio a través del Grupo de Parasitología. Para el año 2017, se realizó la implementación en la fase aguda del uso del micrométodo y la evaluación de una posible seroconversión. En cuanto a la fase crónica, se propuso un nuevo algoritmo de diagnóstico, en donde se estableció el uso de dos pruebas de ELISA (de principio antigénico diferente), en caso de discordancia, se acudiría al uso de una prueba complementaria. **Materiales y métodos.** Se realizó el análisis del impacto del cambio de algoritmos mediante el análisis de la oportunidad en el diagnóstico y la atención de casos agudos. **Resultados.** Para la enfermedad de Chagas en fase aguda, durante el año 2019, se atendieron siete brotes en los departamentos de Casanare, Antioquia, Cesar, Atlántico, Chocó, Meta y Valle del Cauca, en donde se fortaleció la capacidad de respuesta de las Direcciones Territoriales de Salud, a través del uso de los métodos parasitológicos. En cuanto a la fase crónica, los tiempos de oportunidad en el diagnóstico, se vieron significativamente favorecidos. **Conclusiones.** La actualización en los algoritmos demostró un incremento notable en las muestras procesadas en fase crónica durante 2017-2018 (n=1.284) y para el 2019 el diagnóstico por micrométodo en 68,65% (n=46), impactando favorablemente en el paciente a través de una atención rápida y oportuna

P-074. Niveles de calprotectina fecal en pacientes con espondiloartritis, infectados con protozoos intestinales.

Morales L, León-Falla M, Chaparro-Olaya J, Hernández P, Cortés F, De Avila J, Bautista W, Beltrán-Ostos A, Acero D, Bello-Gualtero J, Ramos-Casallas A, Florez C, Pacheco C, Parra-Izquierdo V, Jaimes D, Chamorro-Melo Y, Chila-Moreno L, Gutiérrez J, Chalem P, Romero-Sánchez C, Laboratorio de Parasitología Molecular. Vicerrectoría de Investigaciones. Programa de Maestría en Ciencias Básicas Biomédicas. Grupo de Inmunología Celular y Molecular (INMUBO). Universidad El Bosque. Grupo de Inmunología Clínica. Universidad Militar Nueva Granada. Unidad de Investigación Científica. Hospital Militar Central. Gastroadvanced S.A.S. Bogotá. Biomedicina de Chihuahua. México. Clínicos IPS. Bogotá. Fundación Instituto de Reumatología Fernando Chalem. Universidad El Rosario. Bogotá. chapparjacqueline@unbosque.com.co

Introducción. Las Espondiloartritis-EspA son una familia de enfermedades reumáticas autoinflamatorias. En los pacientes-EspA son frecuentes los síntomas gastrointestinales, pero su estudio se ha enfocado en la microbiota intestinal bacteriana. El objetivo de este trabajo fue evaluar la frecuencia de parásitos intestinales en pacientes-EspA y su asociación con los niveles de calprotectina fecal. **Materiales y métodos.** Este fue un estudio observacional, analítico, de corte transversal que incluyó un grupo de 51 individuos-EspA clasificados según criterios del grupo europeo para EspA-ASAS, y un grupo control de 50 individuos. Se recolectaron muestras de materia fecal para cuantificar calprotectina y hacer diagnóstico de parasitosis por microscopía, PCR y qPCR (Ética-Hospital Militar Central-2017-023). **Resultados.** En pacientes, la mediana de la concentración de calprotectina (ng/ml) fue 53,9 (43,9-98,9) y en los controles 44,6 (41,9-56,8; $p=0,0082$). Los síntomas gastrointestinales más frecuentes fueron dolor abdominal (66,7%), distensión abdominal (64,7%) y diarrea (49,0%). La frecuencia de *Endolimax nana* fue del 100% en pacientes y controles, seguida por *Blastocystis spp* (66,67% y 76,47%; $p=0,2724$), *Entamoeba coli* (9,80% y 13,73%; $p=0,5388$) y *Entamoeba histolytica* (7,84% y 3,92%; $p=0,4000$). En individuos-EspA con mono infección por *E. nana*, la mediana de la calprotectina fue 78,3 (49,7-215,15), mientras que en individuos-EspA con infección simultánea *E. nana*, *Blastocystis spp*, fue de 57,06 (43,3-92,01; $p=0,00366$). En contraste, en individuos control estas medianas fueron 44 (42-46,7) y 43,75 (41-55), respectivamente ($p=0,3684$). **Conclusiones.** Los niveles de calprotectina fecal fueron superiores en pacientes-EspA. Aunque no hubo diferencias significativas en la frecuencia de parasitosis en los dos grupos, la calprotectina en pacientes-EspA disminuyó notablemente en asociación con la presencia de *Blastocystis*. COLCIENCIAS-130877757442. Universidad El Bosque-PCI-2018-10091. Hospital Militar Central-2017-023.

RESISTENCIA BACTERIANA

P-075. Colonización intermitente por diversos clones de BGN productores de BLEE en pacientes en hemodiálisis sugiere uso excesivo de antibióticos y diferentes fuentes de transmisión.

Salazar-Ospina L, Vanegas JM, Roncancio G, Jimenez JN, Línea de Epidemiología Molecular y resistencia Bacteriana; Grupo de Investigación en Microbiología básica y aplicada (MICROBA); Universidad de Antioquia. Clínica CardioVID. Medellín. lorena.salazaro@udea.edu.co

Introducción. La colonización en pacientes en hemodiálisis se ha relacionado con un mayor riesgo de infecciones; sin embargo, el conocimiento de la colonización por Bacilos Gram negativos (BGN) resistentes a betalactámicos es escaso. Este trabajo describe las dinámicas y los factores asociados con la colonización por BGN en pacientes en hemodiálisis de Medellín. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio longitudinal (2017-2019) y se incluyeron pacientes en hemodiálisis con catéter venoso central. Se evaluó la colonización por BGN productores de betalactamasas de espectro extendido (BGN-BLEE) y resistentes a los carbapenémicos en tres momentos del tiempo. La tipificación molecular incluyó, PCR para secuencias consenso intergénicas repetidas de Enterobacterias (ERIC), Electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE), y tipificación de secuencias de múltiples locus (MLST). Los factores asociados con la colonización por BGN-BLEE se evaluaron utilizando un modelo de ecuación de estimación generalizada (GEE) **Resultados.** Se incluyeron 210 pacientes; la colonización por BGN-BLEE y resistentes a los carbapenémicos fue del 41,2% y el

11,5% respectivamente; siendo predominante la colonización intermitente en el 73,9% y el 92,9%. La BLEE y la carbapenemasa más frecuente fue CTX-M-G1 y KPC respectivamente. Se observó una alta diversidad genética de los aislados y el clon ST131 fue el más importante. El uso de fluoroquinolonas (OR:3,13, 95%CI:1,03-9,44, $p=0,043$) y la EPOC (OR:3,53, 95% CI:1,42-8,74, $p=0,006$) se asociaron con la colonización por BGN-BLEE. **Conclusiones.** La colonización por diversos clones de BGN resistentes a betalactámicos en estos pacientes, evidencian una presión excesiva de antibióticos y diferentes fuentes de transmisión que favorecen la adquisición de bacterias con diversos perfiles genéticos. **Financiación:** Comité para el desarrollo de la investigación -CODI - Universidad de Antioquia, Proyecto 2017-16256 y el departamento administrativo de ciencia, tecnología e innovación - COLCIENCIAS- Proyecto: 111577756947.

P-076. Diversidad genómica de clones de *Klebsiella pneumoniae* con *blaKPC* intra-paciente en una institución de Bogotá. Identificación de una nueva plataforma de movilización.

Abril D, Vergara E, Palacio D, Leal A, Madroño J, De La Rosa Z, Cortés J, Escobar-Pérez J, Universidad El Bosque. Universidad Nacional de Colombia. Fundación Santa Fe de Bogotá. Bogotá. deisyapril@gmail.com.

Introducción. La resistencia a carbapenémicos en *Klebsiella pneumoniae* ha sido asociada con la diseminación de la carbapenemasa KPC y el clon ST258. El objetivo del estudio fue determinar la diversidad genómica de clones de *K. pneumoniae* con *blaKPC* (Kp-KPC) aislados de un mismo paciente. **Materiales y métodos.** Este fue un estudio descriptivo y retrospectivo, en el que se analizó la diversidad genética de 143 aislamientos de Kp-KPC recuperados de 69 pacientes por PFGE y MLST. A partir de esos resultados se realizó un análisis genómico comparativo de clones aislados de un mismo paciente y se determinaron las plataformas genéticas que movilizaron a *blaKPC*. **Resultados.** En los 143 aislamientos se encontraron 46 clones (multiclonal). Durante su estancia, 16 pacientes presentaron clones diferentes de Kp-KPC. En uno de estos pacientes se identificaron 15 aislamientos agrupados en cuatro clones que estuvieron asociados al ST258, ST504, ST846 y ST1407, y el análisis de su genoma mostró diferencias significativas. El gen *blaKPC* fue transportado tanto en plásmidos como en cromosoma, y fue movilizado por dos plataformas derivadas del transposón Tn3: el Tn4401b y una nueva estructura, por primera vez reportada. **Conclusiones.** En algunos pacientes las infecciones son generadas por clones de Kp-KPC diferentes, los cuales han emergido por la adquisición del gen mediante nuevas plataformas genéticas. Esto muestra una visión más detallada del proceso infeccioso por Kp-KPC y brinda evidencia de la necesidad de nuevos enfoques para su tratamiento. Financiado por Min-Ciencias código 130877758007 CT: 605-2018.

P-077. Alta frecuencia de colonización por bacterias resistentes a betalactámicos en pacientes en hemodiálisis y sus convivientes residenciales.

Montoya D, Vanegas J, Jiménez J, Universidad de Antioquia. Medellín. daniela.montoyau@udea.edu.co

Introducción. La colonización por bacterias resistentes ha incrementado en los entornos hospitalario y comunitario. Los pacientes en hemodiálisis y sus convivientes representan un modelo para entender la dinámica de diseminación entre ambos ambientes. Este trabajo pretende estudiar la colonización por bacilos Gram negativos resistentes a betalactámicos (BGN-B) y *Staphylococcus aureus*, sensible y resistente a meticilina (SASM/SARM), en pacientes en hemodiálisis y sus convivientes. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo transversal. Incluyó pacientes en hemodiálisis de una unidad renal de Medellín y sus convivientes (2019-2020). La colonización por *S. aureus* y por BGN-B fue evaluada a partir de hisopado nasal y materia fecal, respectivamente. La identificación y susceptibilidad bacteriana se realizó usando el sistema Vitek-2. La información clínica y epidemiológica se obtuvo mediante formulario. **Resultados.** Ingresaron 45 pacientes y 123 convivientes. La mediana de edad fue 45 años (RIC:24-63) y 61,3% ($n=103$) fueron mujeres. La colonización por *S. aureus* fue 44,5% en los pacientes y del 45,5% en los convivientes, siendo el 15% y el 10,7% SARM, respectivamente. La colonización por BGN-B fue 69,4% en pacientes, donde el 88% de los aislados portaban betalactamasas de espectro extendido (BLEE) y 8% fueron resistentes a carbapenémicos; de los convivientes, el 27,8% estuvo colonizado por BGN-B, 80% de los aislados portaban BLEE y el 4% fueron resistentes a carbapenémicos. **Conclusiones.** La alta frecuencia de colonización por bacterias resistentes tanto en pacientes como en sus convivientes, resalta la importancia de la colonización en la diseminación de bacterias resistentes entre la comunidad y el hospital, y la necesidad de intervenciones en ambos ambientes.

P-078. Identificación de nuevas plataformas de movilización del gen blaNDM-1 en *Providencia rettgeri*.

Cortés L, Abril D, Madroño L, Márquez R, Garza J, Silva J, Vanegas N, Escobar J, Universidad El Bosque. Bogotá. Instituto Nacional de Salud Publica (INSP), CISEI. Cuernavaca; Morelos; México. The ithree Institute; University of Technology Sydney; New South Wales; Australia.
lorenacortesv@gmail.com

Introducción. La metalo- β -lactamasa de Nueva Delhi (NDM) representa un serio problema en los sistemas de salud por su amplia diseminación en enterobacterias tales como *Providencia rettgeri*. El objetivo de este estudio fue identificar las plataformas de movilización del gen blaNDM-1 en aislamientos de *Providencia rettgeri*. **Materiales y métodos.** Estudio de tipo descriptivo y retrospectivo en el que se analizaron 19 aislamientos clínicos de *P. rettgeri* recolectados en un hospital mexicano y su relación filogenética se estableció por PFGE. El genoma completo de seis aislamientos representativos fue determinado y un exhaustivo análisis genómico comparativo fue realizado. Las plataformas de movilización del gen blaNDM fueron establecidas. **Resultados.** Los aislamientos se agruparon en siete clones y presentaron relación filogenética con genomas de aislamientos de México, China, Japón y Colombia. Se identificaron tres plásmidos movilizando el gen blaNDM, los cuales presentaron relación con plásmidos reportados en *P. rettgeri* y en otras enterobacterias. Se identificaron dos secuencias de inserción ISPrre10 (reportada por primera vez en este estudio) e IS6368 como nuevos potenciales movilizadores del gen blaNDM entre diferentes estructuras plasmídicas en *P. rettgeri*. **Conclusiones.** Se identificaron dos plataformas de movilización de blaNDM en *P. rettgeri*, con potencial de diseminación de este gen hacia otras enterobacterias de mayor impacto clínico. Este proyecto fue financiado por la Vicerrectoría de Investigaciones de la Universidad El Bosque con el código de proyecto PCI-2019-10891.

NUEVAS TERAPIAS EN ENFERMEDADES INFECCIOSAS

P-079. Evaluación comparativa del inmunoensayo de flujo lateral CORIS RESIST-4 O.K.N.V con el método de sinergia para la detección de carbapenemasas en *Enterobacterales* y *Pseudomonas aeruginosa*.

Josa D, Leal R, Rojas J, Torres I, Cortés F, Reyes L, Esparza G, Fundación Clínica Shaio. Bogotá.
diego.josa@shaio.org

Introducción. La diseminación de *Enterobacterales* productores de carbapenemasas (CPE) se considera una amenaza para la salud pública por el impacto en la morbi-mortalidad de los pacientes y el aumento en los costos de la atención en salud. Nuestro objetivo fue comparar el desempeño de las pruebas convencionales fenotípicas para la detección de carbapenemasas con el inmunoensayo de flujo lateral. **Materiales y métodos.** Estudio cuantitativo de pruebas diagnósticas. Se analizaron 100 aislamientos de bacilos Gram negativos resistentes a carbapenémicos (86 *Enterobacterales* y 14 *Pseudomonas aeruginosa*). Se realizó test de Hodge, prueba de sinergia con ácido borónico y con EDTA y método de inmunoensayo de flujo lateral RESIST-4 O.K.N.V (Coris Bioconcept®). **Resultados.** La carbapenemasa detectada con mayor frecuencia mediante inmunoensayo fue: KPC (n= 85 aislamientos), VIM (n=11), NDM (n=2), y OXA-48 (n=1). Un solo aislamiento dio resultado negativo y fue igualmente confirmado por PCR indicando que no presentaba carbapenemasa. Se observó una variabilidad y discordancias en las pruebas fenotípicas convencionales con 7 falsos negativos que si fueron detectados por el método inmunocromatográfico. Estas pruebas de sinergia dependen mucho de la distancia a la que se ubiquen los discos. Se logró detectar coproducciones por el método inmunocromatográfico. **Conclusiones.** Las pruebas fenotípicas convencionales para la detección de carbapenemasas como sinergia con ácido borónico y EDTA, son subóptimas y su uso masivo de rutina debe ser reconsiderado. Las pruebas de inmunoensayo de flujo lateral constituyen una herramienta rápida para la caracterización de enzimas carbapenemasas, para mejorar los desenlaces clínicos y contener su diseminación.

P-080. Linajes de *Streptococcus pneumoniae* en aislamientos invasores resistentes a antibióticos en Colombia.

Moreno J, Bernal J, Alarcon Z, Sanabria O, Medina V, Donado P, Argimón S, Abrudan M, Underwood A, Duarte C, Instituto Nacional de Salud- Colombia. AGROSAVIA. Centre for Genomic Pathogen Surveillance; Wellcome Genome Campus; Hinxton; UK.
jmoreno@ins.gov.co

Introducción. Las infecciones por *Streptococcus pneumoniae* son causa importante de morbilidad y mortalidad en el mundo. Objetivo: Determinar los linajes genómicos entre aislamientos de *S. pneumoniae* con resistencia a antimicrobianos en Colombia durante 2005 a 2017. **Materiales y métodos.** Se seleccionó una muestra de 206 aislamientos de *S. pneumoniae* con resistencia a uno o más antibióticos recuperados mediante la vigilancia nacional por laboratorio durante los años 2015 a 2017. Los aislamientos fueron serotipificados por reacción de Quellung y la resistencia antimicrobiana se determinó por concentración mínima inhibitoria y Kirby Bauer según las recomendaciones de CLSL. El ADN fue extraído usando el estuche QIAamp DNA Mini kit y se sometió a secuenciación completa del genoma en Wellcome Trust Sanger Institute. Los linajes genómicos se determinaron utilizando la tipificación de secuencias de múltiples locus (MLST) (<https://pubmlst.org/spneumoniae/>) y PopPUNK (Articulación de la población utilizando nucleótidos K-mers) (<https://www.pneumogen.net/gps/assigningGPSCs.html>). Los determinantes de resistencia a antibióticos se detectaron utilizando ARIBA. **Resultados.** Se incluyeron 27 serotipos siendo los más frecuentes 19A (32,5%), 6A (13,6%) y 14 (7,3%). Se identificaron 69 tipos de secuencia (ST), principalmente las STs 320 (18,5%), 156 (6,8%) y 473 (4,8%), organizados en 32 linajes, principalmente de los Grupos de secuencia neumocócica global (GPSP) 1 (23,8%), 5 (13,6%) y 13 (9,7%). La multiresistencia (resistencia a 3 clases de antibióticos) se relacionó principalmente con GPSP1, 9 y 10. **Conclusiones.** Los datos genómicos generados pueden utilizarse para establecer la evasión de vacunas, selección de resistencia, predecir el impacto de vacunas y el diseño de nuevas vacunas.

P-081. Evaluación del efecto *in vitro* de una emulsión de Perfluorooctil-bromuro en el crecimiento de *Pseudomonas aeruginosa*.

Carreño F, Martínez H, Rojas N, Torres M, Celis A, Briceño J, Gaitan J, Uniandes.
fl.carreno10@uniandes.edu.co

Introducción. Una de las amenazas para la salud que enfrentamos actualmente es la creciente resistencia bacteriana a los antibióticos, por lo que es necesario encontrar alternativas. El perfluorooctil-bromuro es un compuesto perfluorocarbonado que *in-vitro* es bacteriostático contra *Pseudomonas aeruginosa*; sin embargo, se desconoce el efecto de este compuesto en su forma emulsionada sobre *P. aeruginosa*. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto del perfluorooctil-bromuro emulsificado en aislamientos de *P. aeruginosa* susceptibles y resistentes a gentamicina. **Materiales y métodos.** Se realizó un experimento *in-vitro* evaluando el efecto del perfluorooctil-bromuro emulsificado sobre el crecimiento de *P. aeruginosa*, susceptible y resistente a gentamicina, en caldo Muller Hinton. Los tratamientos fueron control de crecimiento, perfluorooctil-bromuro emulsificado, gentamicina y perfluorooctil-bromuro emulsificado + gentamicina. Estos se incubaron a 37°C en agitación a 150 rpm. El inóculo de *P. aeruginosa* fue de 1,5x10⁵ UFC/mL, la concentración del perfluorooctil-bromuro emulsificado fue de 0,57 g/ml y para gentamicina fue de 1 mg/L por tratamiento. Los tiempos evaluados fueron 0, 0,25, 0,5, 0,75, 1, 2, 3, 4, 5 y 6 horas. Finalmente, el diámetro de las microgotas del perfluorooctil-bromuro emulsificado se midió antes y después de la prueba para ambas cepas. **Resultados.** El perfluorooctil-bromuro emulsificado inhibe completamente a *P. aeruginosa* después de la primera hora de exposición tanto en la cepa susceptible como resistente a gentamicina. Asimismo, la exposición de *P. aeruginosa* no generó cambios en el diámetro de las microgotas del perfluorooctil-bromuro emulsificado. **Conclusiones.** El perfluorooctil-bromuro emulsificado tiene actividad bactericida contra *P. aeruginosa*, además de ser estable en presencia de esta bacteria.

P-082. Análisis de la dinámica de aparición intra-institución e intra-paciente de aislamientos de *Klebsiella pneumoniae* portadora de blaKPC.

Vergara E, Abril D, Madroño J, Palacios D, De La Rosa Z, Cortés J, Leal A, Escobar J, Universidad Nacional de Colombia. Universidad El Bosque - Laboratorio de genética molecular bacteriana. Hospital Universitario Fundación Santa Fe de Bogotá. Bogotá
evergarav@unal.edu.co

Introducción. *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos es un problema de salud pública. KPC es la de mayor distribución y el clon CC258 el más frecuente. Se han reportado otros clones, desconociendo sus comportamientos clínicos diferenciales y en eventos procedentes de un mismo individuo. Se describen las características clínicas y microbiológicas de infecciones por *K. pneumoniae* resistentes a carbapenémicos portadores del gen blaKPC

(Kp-KPC) y las dinámicas moleculares en muestras de un mismo paciente. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo de serie de casos. En 3 años se tomaron aislamientos con Kp-KPC de adultos en institución de cuarto nivel en Bogotá. Se analizaron características clínicas y moleculares en aislamientos con identificación de variantes KPC y otras Betalactamasas por PCR, relación clonal por PFGE y tipo de ST. **Resultados.** Se analizaron 143 eventos de 69 pacientes con mediana de edad 56 años y quienes tenían alta comorbilidad (mediana índice de Charlson 4). La variante del gen blaKPC 2 fue la más frecuente. Se documentó coexpresión CTXM(27%) y TEM(37%). Se identificaron 46 pulsotipos, los más frecuentes: 4(ST 258), 19(ST 485) y 37(ST111) en el 22%,6% y 5,5% respectivamente. Pulsotipo 4 persistió los 3 años, más frecuente en personas mayores y se asocio con resistencia quinolonas y aminoglicósidos. 13 pacientes que presentaron más de un evento por Kp-KPC, se identificaron clones diferentes. **Conclusiones.** Existe multiclonalidad en Kp-KPC en una misma institución y en eventos de un mismo paciente, sugiriendo comportamientos clínicos diferenciales por pulsotipo. Colciencias código 130877758007

P-083. Nuevo protocolo de detección rápida de Enterobacterales productores de carbapenemasas en hisopados rectales mediante nefelometría láser e inmunocromatografía de flujo lateral.

Josa D, Leal R, Rojas J, Torres I, Cortés F, Esparza G, Fundación Clínica Shaio. Proasecal. Bogotá.
Diego.Josa@Shaio.Org

Introducción. El tracto gastrointestinal es el principal reservorio de *Enterobacterales* productores de carbapenemasas (EPC) y la colonización rectal es un importante factor de riesgo para el desarrollo de infecciones. Nuestro objetivo fue lograr la detección rápida carbapenemasas en hisopados rectales mediante ensayo modificado por nefelometría láser e inmunocromatografía. **Materiales y métodos.** Estudio cuantitativo, de pruebas diagnósticas. Se analizaron 74 muestras de hisopados rectales de pacientes que ingresan por el servicio de urgencias. Se realizó un método directo modificado por nefelometría láser HB&L Carbapenemase® (Alifax) junto a método de inmunoensayo RESIST-4 O.K.N.V (Coris, Bioconcept®) y se comparó con el método convencional con siembra en cultivo y test de Hodge, sinergia con ácido borónico y EDTA. **Resultados.** La concordancia de resultado del método propuesto comparado con el método convencional fue del 100%. En estos hisopados rectales se aislaron *Enterobacterales* y *Pseudomonas aeruginosa* productoras de carbapenemasas. Se detectó de manera correcta por inmunoensayo la coproducción de carbapenemasas que por pruebas de sinergia no pudo detectarse. El tiempo de resultado final por nuestro método fue de 7 horas, comparado con el método convencional que abarca entre 48 hasta 72 horas. **Conclusiones.** Nuestro nuevo protocolo directo empleando nefelometría láser junto con inmunoensayo se convierte en una estrategia efectiva para reducir el tiempo de detección y caracterización de carbapenemasas en hisopados rectales, en un tiempo máximo de 7 horas, con un bajo costo en comparación con pruebas moleculares, lo cual ayudaría a implementar rápidos aislamientos de los pacientes colonizados y contener su diseminación.

P-084. Resistencia a carbapenémicos en dos efluentes hospitalarios señala el comportamiento de la resistencia dentro de los hospitales y su posible impacto en la comunidad.

Téllez S, Rodríguez E, Aristizábal A, Aguirre M, Torres R, Jiménez J, Universidad de Antioquia. Medellín.
saratellez597@gmail.com

Introducción. Las aguas residuales hospitalarias son una de las fuentes de resistencia bacteriana y su vigilancia podría indicar el comportamiento de la resistencia en los hospitales. Teniendo en cuenta el problema de la resistencia a carbapenémicos en Colombia, en este trabajo se propuso describir los bacilos Gram negativos (BGN) resistentes a carbapenémicos en dos efluentes hospitalarios (EH) de un hospital de alta complejidad. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo realizado en 2018. Se realizaron 2 muestreos en dos EH: El punto 1 incluía vertidos de hospitalización general, medicina interna y servicio de alimentación y el punto 2 vertidos de urgencias, hospitalización quirúrgica, unidad de cuidados intensivos y unidad de cuidados especiales. Los BGN resistentes fueron seleccionados de agares cromogénicos, mediante PCR se detectaron genes productores de betalactamasas y para identificación y susceptibilidad se empleó Vitek2. **Resultados.** Un total de 90 BGN fueron seleccionados de agares cromogénicos, de los cuales 71 aislados (78,9%) portaban

al menos un gen de Carbapenemasas (70% punto 1 y 83,3% del punto 2). La carbapenemasa blaKPC fue la más frecuente (77,8%). Dentro de los BGN identificados *Citrobacter freundii* fue el predominante (30%), seguido de *Klebsiella pneumoniae* (25%). El 100% de los BGN eran multidrogorresistentes y especialmente el punto 2 presentó mayor diversidad de microorganismos y perfiles de resistencia. **Conclusiones.** La alta presencia de BGN multidrogorresistentes productores de blaKPC en aguas residuales hospitalarias responde al comportamiento epidemiológico local de la resistencia bacteriana. Es importante continuar la vigilancia epidemiológica en este tipo de efluentes como apoyo a la vigilancia convencional. Financiado por MinCiencias (111571149740)

P-085. Alta frecuencia de KPC y NDM en aguas residuales hospitalarias, independiente de la presencia de Planta de tratamiento: ¿Riesgo de diseminación al ambiente?

Aristizábal-Hoyos A, Rodríguez E, Torres-Palma R, Jiménez J, Línea de Epidemiología Molecular y Resistencia Bacteriana, grupo MICROBA, Universidad de Antioquia. Grupo de Investigación en Remediación Ambiental y Biotecnología (GIRAB), Instituto de Química, Universidad de Antioquia. Medellín.
anamara_2548@hotmail.com

Introducción. La liberación de aguas residuales hospitalarias sin tratamiento previo podría representar un peligro para el medio ambiente y la salud humana, sin embargo son limitados los estudios a nivel local. En este estudio se propuso caracterizar la presencia de bacilos Gram-negativos resistentes a betalactámicos (BGNRB) en dos hospitales de segundo y tercer nivel de atención, con y sin planta de tratamiento de aguas residuales (PTAR). **Materiales y métodos.** Se tomaron muestras de aguas residuales de dos hospitales de Colombia: hospital ubicado en la región cafetera con PTAR (HP) y efluente hospitalario sin PTAR (HNP) ubicado en la Costa Pacífica. Se seleccionaron BGNRB empleando medios cromogénicos, mediante PCR se detectaron genes productores de betalactamasas y la identificación y antibiograma se realizó empleando Vitek. **Resultados.** Se seleccionaron 180 aislados: 120 del HP (Afluente:60, Efluente:60) y 60 de HNP. El 98,3% de los aislados albergaba mínimo una betalactamasa donde blaKPC fue la más frecuente: ≥90% en HP y 40% en HNP. No obstante, blaNDM fue más frecuente en HNP (18,3%) frente al HP (Efluente: 1,7%). De los aislados identificados *Aeromonas hydrophila* y *Citrobacter freundii* fueron los microorganismos más frecuentes en ambos hospitales. La multidrogorresistencia fue detectada en 93,7% de los aislados de HP y 90% de HNP. El efluente de HP fue el más diverso en especies bacterianas (n=10). **Conclusiones.** De forma preocupante se evidencia la alta frecuencia de carbapenemasas con amplia capacidad de diseminación a nivel intra e interespecie, aún en presencia de PTAR, resaltando la importancia de regulación para estos ambientes. Financiado por MinCiencias (111571149740)

P-086. Análisis metagenómico de aguas residuales de una planta de tratamiento de Colombia: apoyo para la vigilancia epidemiológica de la resistencia bacteriana en un país endémico.

Rodríguez EA, Aristizábal-Hoyos AM, Balcázar JL, Jiménez JN, Línea de Epidemiología Molecular y Resistencia Bacteriana. Grupo MICROBA. Universidad de Antioquia. Medellín. Catalan Institute for Water Research (ICRA).
erika.rodriguez@udea.edu.co

Introducción. En países en vía de desarrollo donde se observan altos niveles de resistencia bacteriana en hospitales, la vigilancia de la resistencia en el ambiente y plantas de tratamiento de agua residual (PTARs) es poca y menos empleando enfoques metagenómicos. En este estudio se determinó la composición las comunidades bacterianas y la ocurrencia de genes de resistencia antibióticos (ARGs) en una PTAR usando análisis de metagenómicos. **Materiales y métodos.** Entre febrero y julio del 2017 se realizaron muestreos en 4 puntos de una PTAR: afluente, tanques de aireación, lodos de recirculación y efluente. Un total de 24 muestras fueron secuenciadas usando secuenciación de alto rendimiento por la plataforma Illumina. Los análisis bioinformáticos se enfocaron en identificar el gen 16S rRNA y ARGs de importancia clínica. **Resultados.** Se observaron cambios en la composición de las comunidades bacterianas y ARGs de acuerdo con los puntos de la planta evaluados. Se detectaron familias bacterianas de importancia clínica como *Moraxellaceae*, *Aeromonadaceae* y *Enterobacteriaceae* principalmente en afluente y efluente. Los genes de resistencia a múltiples antibióticos, macrolide-lincosamida-streptogramin y betalactámicos fueron los más abundantes. Así mismo, se detectaron ARGs de importancia

clínica frecuentes en hospitales de la región como *blaKPC-2* y *blaCTX-M* y otros no reportados localmente como *blaTEM-196*, *blaGES-23*, *blaOXA-10*, *mcr-5* y *mcr-3*. **Conclusiones.** Los hallazgos en este trabajo señalan como el estudio de la resistencia bacteriana en PTARs constituye una herramienta para evidenciar el impacto de la resistencia en una población y señala la importancia apoyar la vigilancia tradicional desde Epidemiología basada en aguas residuales. Financiación: MinCiencias Proyecto (Contrato:FP44842-124-2017)

P-087. Epidemiología de los patógenos respiratorios y descripción de la población diagnosticada por el Panel Respiratorio FilmArray en un hospital de tercer nivel, 2017-2019.

Arias A, Cerón J, Vergara A, Carrillo Y, Villamizar J, Brunel R, Hospital Universitario Erasmo Meoz. Universidad de Pamplona. BioMérieux. Pamplona
felipe_arias4@hotmail.com

Introducción. Las infecciones respiratorias son una causa mayor de morbilidad en Colombia. Los métodos de diagnóstico sintomático detectan simultáneamente las etiologías virales y bacterianas más frecuentes, orientando la terapia e informando sobre la epidemiología. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de la población diagnosticada con el Panel Respiratorio FilmArray (RP) en el HUEM, durante dos años (2017-2019). Recolección de variables descriptivas de los pacientes, de los resultados y del cambio de terapia. **Resultados.** 367 pacientes, edad mediana de 11 meses (0-77 años), 31,4% venezolanos, 68,6% colombianos. 27,3% presentaba alguna inmunodeficiencia. RP se solicitó en Urgencias (39,7%), Piso (44,1%) o UCI (16,2%). El 85,2% de las veces fue solicitado en menores de 14 años. Los patógenos más frecuentes fueron Rinovirus (32,5%), Virus Sincicial (31,4%), Adenovirus (9,0%), Influenza AH1N1-2009 (6,0%). Se detectaron 11 *B. pertussis* (3,0%), un evento reportable. 99% de los casos de detección múltiple (≥ 2 patógenos) ocurrieron en pacientes pediátricos; la inmunosupresión no fue un factor de riesgo ($p=0,22$). Cuando RP detectó algún patógeno (79,3% positividad) hubo más cambios de diagnóstico entre ingreso y egreso (77 vs. 60%, $p=0,004$) y más cambios de terapia (48 vs. 32%, $p=0,028$). Se identificaron 4 picos de circulación con múltiples patógenos en el periodo estudiado. **Conclusiones.** El uso del panel RP permitió detectar etiologías virales y bacterianas previamente no detectadas y la detección de al menos un patógeno fue asociado a una mayor frecuencia de cambios de diagnóstico y terapia.

P-088. Caracterización de los pacientes con infecciones por *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos en manejo con politerapia anti-biótica, estudio en un centro de atención de cuarto nivel de Bucaramanga.

Rodríguez K, Vega A, Uribe L, Figueroa C, Torres M, Flórez D, López J, Universidad Industrial de Santander. Hospital Universitario Los Comuneros. Bucaramanga.
carbapenemasakp@gmail.com

Introducción. El tratamiento de las infecciones causadas por enterobacterias resistentes a carbapenémicos, derivan en una elevada morbilidad por una limitada disponibilidad de esquemas antibióticos eficientes. La monoterapia se relaciona con mayor mortalidad y la combinación de antimicrobianos es utilizada como primera elección. Este estudio describe la experiencia clínica y microbiológica de los aislamientos de *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos (KPRC) manejados con terapia combinada. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de cohorte retrospectiva, se incluyeron pacientes >18 años, de un Hospital Universitario de Bucaramanga, con infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS) por KPRC, en el periodo entre enero del 2017 a junio del 2020. **Resultados.** Fueron incluidos 20 pacientes considerados por laboratorio y por registros clínicos como IAAS por KPRC. Los principales sistemas comprometidos fueron tracto genitourinario en un 45%, seguido de 15% en tejidos blandos y 15% en sangre; Los esquemas de manejo antibiótico combinados fueron Meropenem con Amikacina, Ertapenem, Polimixina-B o Aztreonam. El éxito microbiológico fue del 60% y el Éxito clínico del 80% con un porcentaje de fracaso del 20%. La mortalidad global fue del 20%; Al mismo tiempo, del 100% de los esquemas de manejo con Ertapenem no presentaron desenlaces fatales o reacciones adversas. **Conclusiones.** Persiste la necesidad de un manejo eficaz para KPRC. El principal esquema de manejo combinado fue Meropenem + polimixina-B, sin embargo con falla renal como reacción adversa. Al mismo tiempo, el uso del doble carbapenémico registra éxito clínico y microbiológico con menores tasas de mortalidad sin evidencia de efectos adversos en los aislamientos con producción de KPC.

P-089. Multidrug-Resistant Organisms (MDRO) colonization in patients from Intensive Care Units (ICU) in two Colombian high-complexity hospitals.

Martínez J, Carvajal L, Echeverri A, Castro B, Ordoñez K, Mora L, Salcedo S, Hernández A, Espita C, Vargas S, Torres K, Arias C, Díaz L, Rincón S, Reyes J, Universidad el Bosque. Hospital San Jorge de Pereira. Clínica General del Norte. Universidad de Texas.
julyvictoriarmartinez@hotmail.com

Introducción. MDRO are a global public health threat causing significant morbidity and mortality. Usually MDRO colonized patients develop infection. We aimed to investigate the epidemiology of MDRO-colonization in patients admitted to ICU in two Colombian high-complexity hospitals. **Materiales y métodos.** 35 adult patients admitted to ICU from 2 high-complexity hospitals in 2 Colombian cities (October 2019 to March 2020) were included. Rectal and nasal swabs were collected on admission and on day 7 of ICU stay or when an infection was reported. MDRO were recovered and identified using chromogenic media and PCR. Clinical data was collected using REDCap database. Charlson (CCI), Pitt index (PBS), and final clinical outcome were analyzed. **Resultados.** 34 patients (97%) were colonized with Carbapenem-Resistant Enterobacteriales and *Klebsiella pneumoniae* (CR-Kp) was the predominant specie in 82% of the patients. Further, co-colonization with CR-*Escherichia coli* was found in 22 patients (64%). Whereas, Methicillin resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) was found in 5 patients. The median patient age was 58 years; 71% were men ($n=25$). Of note, 26% of patients were admitted from home and 74% were hospital transfers. CCI and PBS scores were 1 ($SD=2$) and 3 ($SD=3$), respectively. 8 out of 9 patients with mechanical ventilation were colonized with CR-Kp the overall mortality rate was 8,6%. **Conclusiones.** We found a high frequency (97%) of MDRO carriers within ICU. Since, CRE and MRSA are endemic in hospitals in Colombia, our findings highlight that MDRO active surveillance would be recommended in institutions in our country. Colciencias-Minciencias: 130880764152

VIROLOGÍA

P-090. Alcaloides indólicos aislados de *Tabernaemontana cymosa* inhiben la infección por virus Zika y Chikungunya en diferentes etapas del ciclo replicativo.

Monsalve-Escudero L, Zapata-Cardona M, Loaiza-Cano V, Díaz-Castillo F, Robledo S, Martínez-Gutiérrez M, Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia. Laboratorio de Investigaciones Fitoquímicas y Farmacológicas de la Universidad de Cartagena (LIFFUC). Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET. Universidad de Antioquia. Medellín.
marlen.martinezg@campusucc.edu.co

Introducción. Las enfermedades causadas por virus Zika (ZIKV) y Chikungunya (CHIKV) carecen de tratamiento específico. El objetivo fue evaluar la actividad *in vitro* e interacciones *in silico* de alcaloides indólicos aislados de *Tabernaemontana cymosa* frente a la infección por ZIKV y CHIKV. **Materiales y métodos.** Citotoxicidad de los tres alcaloides se evaluó mediante el método de MTT. Se realizó estrategia antiviral combinada y estrategias antivirales individuales. Se cuantificó copias genómicas por RT-qPCR, partículas virales infecciosas por plaqueo (UFP/ml) y proteína viral por Cell-ELISA. Acoplamiento molecular determinó la interacción de los compuestos con una proteína estructural y otra no estructural de cada modelo viral. Significancia estadística $p<0,05$. **Resultados.** Hubo baja toxicidad de los compuestos en concentraciones menores a 17,1 μM . Se inhibió la infección *in vitro* por ZIKV y CHIKV en células VERO con porcentajes superiores a 79,7% mediante estrategia antiviral combinada. Voacangina inhibió CHIKV (76,8%) en pre-tratamiento, y a ZIKV (86,2%) en pre-tratamiento y en post-tratamiento (80,8%) disminuyendo síntesis de proteína en tres líneas celulares. Voacangina-Hidroxi-Indolenina inhibió a CHIKV en pre-tratamiento (89%), y a ZIKV en pre-tratamiento (89%), trans-tratamiento (92,4%) y post-tratamiento (88,4%) con disminución de proteína en tres líneas celulares. Rupicolina inhibió en post-tratamiento a CHIKV (90,9%) sin afectar la síntesis de proteína. La interacción entre las proteínas virales y los compuestos osciló entre -5,1 y -7,5 Kcal/mol. **Conclusiones.** Los resultados *in vitro* obtenidos demuestran que Voacangina, Voacangina-Hidroxi-Indolenina y Rupicolina son antivirales promisorios contra la infección por ZIKV y CHIKV. Este trabajo cuenta con permisos de MINAMBIENTE contrato 130 de 2016 RGE0176. Financiado MINCIENCIAS No: 123171249665

P-091. Portadores asintomáticos de SARS-CoV-2 en una cohorte de viajeros y trabajadores del aeropuerto internacional de Bogotá, Colombia.

Malagón-rojas J, Mercado M, Ospina M, Rubio V, Parra-Barrera E, Barbosa J, Herrera-Sepúlveda M, Puerto G, Arévalo A, Laiton-donato K, Franco-Muñoz C, Álvarez-Díaz D, Muñoz L, Walteros D, Universidad El Bosque. Instituto Nacional de Salud. Bogotá.
jmalagon@unbosque.edu.co

Introducción. Desde el inicio de la pandemia por SARS-CoV-2, uno de los aspectos más trascendentes ha sido el manejo de los portadores asintomáticos del virus. El objetivo de este estudio fue establecer los portadores asintomáticos de SARS-CoV-2 en una población de viajeros y trabajadores en el aeropuerto internacional de Bogotá, Colombia. **Materiales y métodos.** Estudio de una cohorte prospectiva en portadores asintomáticos de SARS-CoV-2. Los participantes fueron seleccionados en el aeropuerto, incluyendo viajeros internacionales que llegaron a Bogotá y trabajadores del aeropuerto en operación el 22 de marzo de 2020. La detección del virus se realizó a partir de muestras nasofaríngeas y usando RT-PCR y pruebas serológicas anti-SARS-CoV-2 IgM/IgG. Se realizó seguimiento de 20 días a los portadores positivos y los contactos de los casos positivos fueron incluidos en el análisis. **Resultados.** El estudio incluyó 209 participantes; 169 viajeros y 40 trabajadores del aeropuerto. La RT-PCR fue positiva en el 4,8% de los participantes. En el seguimiento, únicamente dos participaron presentaron una RT-PCR positiva a los 8 y 20 días. La positividad en los contactos de los participantes fue de 3,48% (n=1). La proporción de seroconversión fue del 37,5% (n=3/8). **Conclusiones.** Los portadores asintomáticos pueden comportarse como SARS-CoV-2 vectores de transmisión que no son detectables por las evaluaciones de rutina.

P-092. Dos arbovirus de importancia en salud pública en Colombia son inhibidos *in vitro* por esteres de L-tirosina dihalogenada mediante diferentes mecanismos de acción.

Loaiza-Cano V, Pastrana M, Galeano E, Martínez-Gutiérrez M, Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín.
marlen.martinezg@campusucc.edu.co

Introducción. Hasta el momento, no hay vacunas ni antivirales aprobados para prevenir o tratar la infección causada por los virus emergentes Zika (ZIKV) y Chikungunya (CHIKV). El objetivo fue evaluar la actividad antiviral *in vitro* e interacciones *in silico* de compuestos di-halogenados derivados de la L-tirosina contra dos arbovirus emergentes. **Materiales y métodos.** Se evaluó en células VERO la viabilidad de 10 compuestos por MTT y la actividad antiviral contra CHIKV y ZIKV por estrategia combinada (pre-trans-post-tratamiento) y por estrategias individuales. La disminución de UFP/ml fue cuantificada por plaqueo, el genoma viral por RT-qPCR y la proteína viral por Cell-ELISA. La interacción entre los compuestos y proteínas virales fue evaluada en Autodock VINA®, y la toxicidad *in silico* con ADMET Predictor®. **Resultados.** La viabilidad de todos los compuestos a la concentración experimental (250µM), fue superior al 90%. En estrategia combinada, solo los dos compuestos del grupo B inhibieron ZIKV. Todos los compuestos inhibieron CHIKV (p<0,05), siendo los compuestos B, los más promisorios (inhibición superior al 75%, p<0,05). En la estrategia pre-tratamiento se inhibió CHIKV con los compuestos TDB-2M-ME y TDC-2M-ME, 90,4% y 93,1%, respectivamente (p<0,5). En la estrategia trans-tratamiento, solo se obtuvo actividad anti-ZIKV con TDB-2M-ME (34,6%; p<0,5). Ambos compuestos disminuyeron el genoma viral de CHIKV (p<0,5), pero no de ZIKV. Las energías de unión estuvieron entre -4,2 y -5,8Kcal/mol. Ninguno de los compuestos se consideró tóxico. **Conclusiones.** Los compuestos del grupo B tienen el mejor potencial antiviral al inhibir la infección por ZIKV y CHIKV en células VERO por diferentes mecanismos de acción. COLCIENCIAS No. 141577757439.

P-093. Seroprevalencia del VHE en individuos que conviven con el VIH y que hacen parte del programa de atención integral a pacientes con esta infección en Medellín.

Sánchez L, Álzate J, Giraldo S, Gutiérrez M, Rodríguez-Perea A, Bedoya A, Universidad de Antioquia. Corporación para Ciencias Biológicas. Medellín.
milena.bedoya@udea.edu.co

Introducción. La prevalencia del virus de la Hepatitis E (VHE) en individuos con el Virus de Inmunodeficiencia Humana (VIH) es desconocida en Colombia, por lo tanto, se determinará la seroprevalencia, la presencia del VHE y sus genotipos y los factores de riesgo asociados a esta infección en individuos

VIH positivos. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo transversal en 430 individuos VIH positivos que consultan al programa de atención integral a pacientes en la Corporación para Investigaciones Biológicas de Medellín. Se detectarán anticuerpos IgG e IgM en plasma a través de un ELISA y la presencia del ORF3 viral por RT-PCR. El VHE se genotipificará secuenciando el ORF 1. La información clínica, demográfica, socioeconómica y factores de riesgo se obtendrán a través de historias clínicas y encuestas. **Resultados.** Se han incluido 133 individuos, de los cuales el 77,1% son hombres, la mediana de edad es 52 años (Rango intercuartílico -RI-: 44-58) y el 37% tienen educación secundaria. La mediana de las células TCD4 fue de 482 células/mm³ (RI: 327-671). Todos los individuos tienen pruebas de función hepáticas normales, reciben tratamiento antirretroviral y tienen carga viral (CV) indetectable, excepto el 12% que tienen CV entre 83-704.215 copias/ml. De las 83 muestras evaluadas hasta el momento para IgM, una es positiva proveniente de un paciente con 365 células TCD4/mm³ y coinfección con el virus de la hepatitis B. **Conclusiones.** La seroprevalencia de IgM es del 1,2%, similar a otros países Latinoamericanos. El estado de inmunosupresión y coinfecciones aumentan la susceptibilidad a la infección por VHE. Financiación: CODI (2017-16191)

P-094. Diagnóstico de la infección por virus del Zika (ZIKV) en una región endémica para arbovirosis.

Ortiz C, Aponte S, Chavarro R, Vásquez H, Sarmiento A, Saavedra C, Echeverry M, Universidad Nacional de Colombia. Secretaría de salud de Ibagué. Bogotá.
cortizpi@unal.edu.co

Introducción. El diagnóstico de infección por ZIKV es difícil de establecer. Este estudio pretendió describir las características clínicas y diagnósticas de pacientes febriles en una zona endémica para transmisión de arbovirus; se confirmó mediante RT-qPCR la infección por ZIKV o DENV. **Materiales y métodos.** Estudio observacional de cohorte de 72 pacientes febriles que consultaron en dos IPSs de Ibagué, entre marzo-octubre del 2018. Se realizó examen clínico, IgG e IgM anti-ZIKV y anti-DENV por ELISA y RT-qPCR para ZIKV y DENV. Se usó estadística descriptiva para todas las variables y análisis bivariado de diferencia de proporciones (X²) para determinar los factores relacionados. **Resultados.** 33% de los pacientes fueron ZIKV-positivos por RT-qPCR (rango de detección en orina/suero: 2-23 días post-inicio de síntomas) y 6,9% DENV-positivos (rango de detección en suero: 3-4 días). 27,7% tenía IgM anti-ZIKV, 26,3% IgM anti-DENV y 88,8% IgG anti-DENV. 16,6% de los ZIKV-positivos por RT-PCR tenían IgM anti-ZIKV, 33,3% IgM anti-DENV. La respuesta para IgM anti-DENV positiva está asociada significativamente. **Conclusiones.** La RT-qPCR confirmó infección por ZIKV en pacientes febriles en zona endémica para transmisión de arbovirosis. Únicamente el síntoma anorexia mostró asociación con infección por ZIKV en esta serie de pacientes.

P-095. Modelación de la ARN Polimerasa del virus de la hepatitis E (HEV) y análisis *in silico* de la interacción con Ribavirina mediante docking molecular.

Cancela F, Rendón-Marín S, Arbiza J, Mirazo S, Quintero-Gil C, Sección Virología; Facultad de Ciencias; Universidad de la República; Montevideo; Uruguay. Grupo de Investigación en Ciencias Animales - GRICA; Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín.
dcaro63@gmail.com.

Introducción. El virus de la hepatitis E (HEV) es conocido mundialmente como la principal causa de hepatitis viral aguda en regiones endémicas. En individuos trasplantados e inmunocomprometidos, la infección con HEV puede causar hepatitis crónica, la cual se asocia únicamente al genotipo 3 (HEV3). La Ribavirina (RBV) es la única opción terapéutica para el tratamiento de la hepatitis E. Hasta el momento, se desconocen las características estructurales asociadas a la ARN Polimerasa ARN-dependiente de HEV (HEV-RdRp), ya que no existen estructuras cristalográficas, ni modelos reportados; por lo tanto, el sitio de interacción entre RBV y la HEV-RdRp no ha sido dilucidado. El objetivo de este trabajo fue analizar *in silico* la interacción entre la HEV-RdRp y RBV trifosfato. **Materiales y métodos.** Se modeló una cepa de RdRp de HEV3 proveniente de un caso crónico de hepatitis E (Genbank Accesion Number: HQ389543.1) mediante I-TASSER y se validó mediante RAMPAGE, ProSa-Web, Errat, Verify 3D, Procheck y TM-Align. Además, se realizó acoplamiento molecular entre RdRp y RBV con AutoDock Vina y LeDock. **Resultados.** Se validó el modelo obteniéndose valores aceptables y la RBV mostró energías de unión favorables con la HEV-RdRp (-7,3 ± 0,3 kcal/mol-AutoDock Vina y -9,27 ± 0,37-LeDock). Además, se determinaron los aminoácidos presentes en el sitio de interacción de HEV-RdRp que forman puentes de hidrógeno con RBV: L64, G194, Q195, G196, S256,

F258, S310, D344. **Conclusiones.** A través de herramientas bioinformáticas se identificaron los posibles sitios de interacción de RBV y RdRp de HEV, contribuyendo a comprender los mecanismos de acción de este medicamento.

P-097. Estudio bibliométrico de la investigación mundial en productos naturales para mitigar los efectos del dengue.

Jiménez-Posada E, Martínez-Gutiérrez M, Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín.
marlen.martinezg@campusucc.edu.co

Introducción. El dengue es una infección considerada un problema de salud pública mundial. Actualmente no existe un tratamiento eficaz para la infección. En este trabajo se realizó un análisis bibliométrico de las investigaciones realizadas bioprospección para mitigar los efectos generados por esta enfermedad. **Materiales y métodos.** La búsqueda se realizó en la base de datos Web of Science, con la ecuación "Dengue AND Natural Product\$". El análisis se realizó en el software R con el paquete bibliometrix. Se cuantificaron los autores más productivos, la producción por año, se analizaron las redes de co-citación, de colaboración entre países, instituciones, y la co-ocurrencia de palabras clave. **Resultados.** Un total de 280 artículos fueron encontrados hasta el 23 de marzo del 2020, de los cuales fueron incluidos en este estudio 235. Se tuvo un total de 1.623 autores y 724 palabras clave. El mapa histórico mostró una tendencia creciente de las investigaciones para los años 2019 y 2020. El autor más productivo es Giovanni Benelli, perteneciente a la Universidad de Pisa, Italia. El país donde más se investiga es Brasil. En la red de co-citación se formaron dos nodos, siendo los artículos de la revista Natural products research de Reino Unido los más citados. Las redes de colaboración principales las forman Estados Unidos, India y Brasil, Colombia pertenece a todas estas. **Conclusiones.** Se pudo cuantificar la producción científica que denota la necesidad encontrar sustancias de origen natural con actividad antiviral o insecticida. Brasil es el país que más investiga en el área.

P-098. Evaluación *in silico* de compuestos fenólicos dihalogenados y sus derivados metil-eter contra proteínas virales de SARS-CoV-2.

Loaiza-Cano V, Restrepo-Méndez L, Galeano E, Martínez-Gutiérrez M, Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín.
marlen.martinezg@campusucc.edu.co

Introducción. Tras la reciente pandemia por la emergencia de SARS-CoV-2 a nivel mundial, la búsqueda de nuevos antivirales que puedan inhibir la infección por diferentes estrategias se hace necesaria. Por esto, el objetivo fue evaluar la actividad *in silico* de compuestos fenólicos dihalogenados y sus derivados metil-eter contra proteínas virales de SARS-CoV-2. **Materiales y métodos.** Se evaluó la interacción entre 26 compuestos de tipo pequeña molécula (15 fenólicos dihalogenados y 11 derivados metil-eter) y proteínas virales de SARS-CoV-2 cristalizadas obtenidas de PDB. La energía de unión se realizó por triplicado por Autodock VINA con exhaustividad de 10 y cajas de 30Å/lado, el análisis de las interacciones se realizó por PMV® y ligPlot®. Se obtuvo un mapa de calor de las energías de unión con un límite definido por resultados de acoplamiento, *in vitro* y dinámica molecular. **Resultados.** Todas las energías de unión obtenidas fueron negativas y se consideraron fisicoquímicamente favorables. Las mejores energías de unión fueron obtenidas con la proteína NSP15 dominio endoribonucleasa (entre -4,87±0,06 y -6,0±0,00Kcal/mol), y las menos favorables NSP5 con dominio 3CLpro (proteasa) (entre -3,73±0,06 y -4,37±0,06Kcal/mol). Los compuestos con las mejores energías de unión fueron fenólicos que pueden formar un puente de hidrógeno adicional, pero al comparar los resultados de compuestos fenólicos con las de sus derivados metil-eter, no hubo diferencias significativas, por lo cual este cambio estructural no afecta significativamente las energías de unión obtenidas. **Conclusiones.** Los compuestos fenólicos dihalogenados y sus derivados metil-eter tienen energías de unión favorables con proteínas virales de SARS-CoV-2, estudios *in vitro* permitirán confirmar esta actividad.

P-099. El efecto antiviral de cuatro isoprenoides es dependiente de línea celular y modelo de arbovirus.

Zapata-Cardona M, Monsalve-Escudero L, Loaiza-Cano V, Díaz-Castillo F, Martínez-Gutiérrez M, Laboratorio de Investigaciones Fitoquímicas y Farmacológicas de la Universidad de Cartagena. Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín. (LIFFUC).
marlen.martinezg@campusucc.edu.co

Introducción. El objetivo fue evaluar la actividad antiviral *in vitro* e interacciones *in silico* de compuestos isoprenoides aislados de plantas de la Región Caribe colombiana contra los virus Chikungunya (CHIKV) y Zika (ZIKV). **Materiales y métodos.** Se evaluaron cuatro isoprenoides en células VERO, A549 y U937. La citotoxicidad por MTT y el efecto antiviral contra CHIKV/ACol y ZIKV/Col (MOI 1) mediante estrategia antiviral combinada (pre, trans y post-tratamiento) y estrategias individuales. Se calculó el porcentaje de inhibición de UFP/ml por ensayo de plaqueo, genoma viral por RT-qPCR y proteína viral por CELL-ELISA. Se evaluó la interacción *in silico* de los isoprenoides con proteínas virales mediante acoplamiento molecular. **Resultados.** Citotoxicidad de los isoprenoides a la concentración de uso (7,3 – 7,6µM) fue inferior al 20%. Alfa-espinasterol inhibió ZIKV/Col en pre-tratamiento en células VERO y U937 (55,2% y 57,1%, respectivamente) y CHIKV/ACol en células VERO en pre, trans y post-tratamiento (49,3%, 74,0% y 61,6%, respectivamente). Lupeol inhibió ZIKV/Col en pre-tratamiento (69,3%) y CHIKV/ACol pre, trans y post-tratamiento (73,9%, 85,3% y 99,0%). El pre-tratamiento de células VERO y U937 con estigmasterol inhibió la infección por CHIKV/ACol (87,2% y 55,8%, respectivamente) y ZIKV/col (60,7% y 49,1%, respectivamente). Friedelina demostró un posible efecto virucida contra CHIKV (84,3%). Las proteínas virales interactuaron con los isoprenoides con una energía de unión entre -5,3 y -9,6 Kcal/mol. **Conclusiones.** Los cuatro isoprenoides evaluados demostraron potencial antiviral *in vitro* contra ZIKV y/o CHIKV, en un efecto dependiente de línea celular y modelo viral. Permiso MINAMBIENTE contrato 130 de 2016-RGE0176. Financiado MINCIENCIAS No: 123171249665.

P-100. El efecto virucida de la voacangina derivada de *Tabernaemontana cymosa* frente a virus Dengue es dependiente del serotipo viral.

Hernández-Mira E, Monsalve-Escudero L, Martínez-Gutiérrez M, Grupo de Díaz F, Laboratorio de Investigaciones Fitoquímicas y Farmacológicas de la Universidad de Cartagena (LIFFUC). Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín.
marlen.martinezg@campusucc.edu.co

Introducción. No existe un antiviral específico para el virus Dengue (DENV), por tanto, se evaluó el efecto virucida de la voacangina *in vitro* e interacciones *in silico* frente a Envoltura (E) de cuatro serotipos de DENV. **Materiales y métodos.** Se evaluó citotoxicidad por MTT en células VERO. Se realizó la estrategia antiviral TRANS-tratamiento frente a DENV-1/WestPac, DENV-2/S16803, DENV-3/16562 y DENV-4/Indonesia-1976. Se usó DENV-2/NG como cepa control. Se cuantificaron partículas virales infecciosas (UFP/mL) por técnica de plaqueo y copias genómicas por RT-qPCR. Herramientas bio-computacionales evaluaron diferencias aminoácidas e interacciones por acoplamiento y dinámica molecular. **Resultados.** Voacangina fue poco tóxica a 17,4 µM en células VERO. Hubo inhibición de UFP/mL para DENV-1 (51,54%) y DENV-2 (67,61%); no hubo inhibición significativa para DENV-3 y DENV-4. Ningún serotipo arrojó inhibición significativa en copias genómicas. La cepa control DENV-2/NG fue inhibida en un 81,5% y 52,4% en UFP/mL y copias genómicas, respectivamente. Los resultados *in silico* arrojaron energías libres de unión favorables que oscilaron entre -5,6 y -6,4 Kcal/mol. Se identificaron múltiples cambios de naturaleza aminoácida para la secuencia codificante de la proteína E de cada Serotipo de DENV. La interacción entre E y Voacangina fue estable durante 10 ns de simulación. **Conclusiones.** Se demuestra el efecto virucida de la voacangina dependiente de serotipo, lo que puede ser explicado por los cambios aminoácidos de la proteína E pertenecientes al dominio III de los serotipos de DENV. Este trabajo cuenta con permiso de MINAMBIENTE contrato 130 de 2016 RGE0176. Financiado MINCIENCIAS No:123171249665.

P-101. Análisis filoevolutivo de los virus Dengue 1 y Dengue 2 que circulan en la frontera colombo-venezolana durante 2015-2019.

Carrillo M, Ruiz-Saénz J, Robledo S, Jaimes L, Martínez-Gutiérrez M, Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET. Universidad de Antioquia. ESE Hospital Jorge Cristo Sahium. Norte de Santander. Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín.
marlen.martinezg@campusucc.edu.co

Introducción. Las mayores tasas de incidencia de dengue en Colombia se presentan principalmente en seis regiones, siendo Norte de Santander una de ellas. Por lo tanto, el objetivo que se planteó fue analizar filogenéticamente el origen y diversidad genética de las cepas de DENV que han circulado en los úl-

timos 5 años en Villa del Rosario, Norte de Santander **Materiales y métodos.** Este estudio es de tipo transversal, en el que se procesaron 40 muestras de sueros positivas para DENV, recolectadas en agosto de 2015 a abril de 2016, noviembre de 2018 a agosto de 2019 en Villa del Rosario, Norte de Santander. Posteriormente, se realizó una PCR para el gen completo de la proteína de envoltura. Las muestras que amplificaron se enviaron a secuenciar y con las secuencias obtenidas se realizaron análisis filogenéticos y filogeográficos. **Resultados.** El análisis filogenético realizado con el método de máxima verosimilitud para DENV-1 y DENV-2 demostró que las secuencias pertenecen a los genotipos V y asiático-americano, respectivamente. Sin embargo, se observó que las secuencias formaron agrupaciones parafiléticas, con secuencias de países limítrofes con Colombia como Venezuela, Ecuador y Panamá. El análisis filogeográfico reveló múltiples exportaciones e importaciones de *denv* entre Venezuela y Colombia. **Conclusiones.** Se evidenció que en esta región ocurren múltiples eventos epidemiológicos, que indica que la proximidad geográfica favorece a la exportación e importación de diferentes cepas entre Colombia y Venezuela. Por lo tanto, esto demuestra que las regiones fronterizas deben ser zonas fundamentales para la vigilancia de las arbovirosis. DINA1 1882-2016.

P-102. Demostración de astrocitosis reactiva en un modelo murino de infección con el virus Zika.

Rivera J, Rengifo A, Sarmiento L, Santamaría G, Álvarez D, Naizaque J, Corchuelo S, Torres O, Instituto Nacional de Salud. Bogotá.
jriviera@ins.gov.co

Introducción. La astrocitosis reactiva (AR) es una respuesta morfológica y funcional de los astrocitos en muchos desórdenes neurológicos. En la AR se generan cambios en la expresión de varios genes, entre ellos el que codifica para la proteína ácida fibrilar de la glía (GFAP), el principal constituyente de los filamentos intermedios de los astrocitos. Esta proteína es usada comúnmente como un marcador de AR. Este trabajo tuvo como objetivo estudiar la expresión de GFAP en el cerebro de ratones infectados con virus Zika, para evaluar la AR asociada a la infección viral. **Materiales y métodos.** Ratones BALB/c lactantes de un día fueron inoculados intraperitonealmente con 3×10^4 -PFU de virus Zika; 10 días después se sacrificaron mediante perfusión intracardiaca con paraformaldehído tamponado o CO₂. La infección del tejido cerebral fue confirmada por PCR convencional. Posteriormente se realizaron ensayos de expresión diferencial para GFAP mediante RT-PCR en tiempo real e inmunohistoquímica (IHQ) en ARN total de corteza cerebral y en cerebros completos respectivamente. **Resultados.** Mediante PCR en tiempo real se observó sobreexpresión de GFAP en la corteza cerebral (4,97). La IHQ demostró aumento de la expresión de GFAP en corteza cerebral, tálamo y estriado, así como en la capa molecular y polimórfica del hipocampo, sin embargo, en la capa piramidal del hipocampo y en el globo pálido no se observaron cambios en la expresión de GFAP. **Conclusiones.** La sobreexpresión de GFAP en este modelo animal inoculado periféricamente demuestra la astrocitosis reactiva en el tejido nervioso asociada a la infección por virus Zika.

P-103. Identificación *in silico* y evaluación *in vitro* de compuestos con propiedades similares a fármacos, como potenciales inhibidores de la proteína ns5 del virus Dengue.

García L, Rocha C, Padilla L, Castaño J, Universidad Del Quindío. Armenia.
llgarciaa@uqvirtual.edu.co

Introducción. Dengue es una enfermedad prevalente sin tratamiento. La proteína NS5 del virus Dengue (DENV) es considerada un blanco de interés para la búsqueda de antivirales; los evaluados hasta ahora han presentado baja eficiencia, respuesta y/o problemas de toxicidad. El objetivo es identificar y evaluar compuestos con propiedades similares a fármacos, como potenciales inhibidores de la proteína NS5 de DENV. **Materiales y métodos.** se modeló *in silico* la proteína NS5 por homología con PDB 5JJR y se evaluó la calidad por ProSa-web server. El acoplamiento molecular se realizó en 7 regiones, usando Autodock y ZINC Lrg en TACC. Los compuestos fueron seleccionados usando SwissADME y ProtolxII. Se evaluó *in vitro* la citotoxicidad de 10 compuestos desde 0,7- 50 μ M mediante MTT y el efecto antiviral en células Huh-7 infectadas con DENV2 por PFU. Se evaluó el efecto sobre expresión de proteínas de los mejores compuestos, por western blot. Los datos fueron analizados mediante ANOVA, con $p < 0,05$. **Resultados.** Los modelos tridimensionales de NS5 presentaron valores de RMSD inferiores a 0,2 Å. Se obtuvieron 28.000 compuestos del acoplamiento con interacción de 521 en los 4 serotipos de

DENV. Se seleccionaron 10, los cuales presentaron citotoxicidad por encima de 50 μ M, y se encontró disminución de las PFU/mL en 3 log por parte de los compuestos 6SD y 3MD, afectando este último la expresión de la proteína NS5 tras 48 horas de infección a 25 μ M. **Conclusiones.** Las interacciones encontradas sobre NS5 ocurrieron principalmente en los sitios catalíticos y los compuestos 6SD y 3MD presentaron efecto frente a DENV2.

P-104. Estudio computacional de inhibidores potenciales dirigidos a la proteína spike y la ARN polimerasa dependiente de ARN del SARS-CoV-2.

Rivera R, Puerta D, Rocha C, Cardona N, Universidad Antonio Nariño. Universidad del Quindío. Armenia.
dspuerta@uqvirtual.edu.co

Introducción. En la presente investigación se realizó una búsqueda virtual basada en acoplamiento molecular usando como receptores el dominio RBD (en su conformación pre-fusión y fusión) de la proteína S y el dominio RdRp de la proteína nsp12 presentes en el SARS-CoV-2, con el fin de identificar inhibidores potenciales del virus. **Materiales y métodos.** Para los acoplamientos moleculares se usaron aproximadamente 497.848 compuestos, de los cuales se seleccionaron los mejores basados en su energía de interacción, características de toxicidad y propiedades físico-químicas predichas. **Resultados.** Se obtuvieron 96 compuestos como inhibidores potenciales con alta afinidad por ambos receptores, entre los cuales se encuentra un grupo de fármacos aprobados como Dihidroergotamina, Dihidroergocornina y Rimegepant, los cuales según nuestros resultados podrían intervenir en la invasión y replicación del virus dentro de la célula hospedera. **Conclusiones.** Se realizó un estudio *in silico* basado en enfoques de cribado virtual y acoplamiento molecular utilizando como receptores el RBD de la proteína S y el dominio RdRp presente en la proteína nsp12 en el SARS-CoV-2. Encontrando compuestos promisorios, algunos de ellos con aprobación de uso clínico para su uso en otros campos, estas moléculas podrían ser tomadas en cuenta como alternativas farmacológicas para tratar la enfermedad COVID-19.

P-105. Construcción de una librería de péptidos con potencial inmunogénico derivados del virus del distemper canino (CDV): aproximación *in silico*.

Rendon-Marín S, Ruiz J, Grupo de Investigación en Ciencias Animales - GRICA; Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín.
julian.ruiz@campusucc.edu.co

Introducción. el CDV es el agente etiológico de una enfermedad altamente contagiosa que afecta animales domésticos y silvestres. CDV tiene alta tasa de sustitución genómica, donde variantes circulantes difieren en un 10% con cepas vacunales. Esto implica consecuencias en el desarrollo de inmunidad y aparición de enfermedad en animales vacunados, además la emergencia de infección en fauna silvestre, pues las vacunas comerciales no pueden ser utilizadas. El uso de vacunas recombinantes puede ser útil en inmunización de animales con presencia de inmunidad pasiva. Objetivo: evaluar *in silico* el potencial inmunogénico de librería de péptidos obtenidos mediante diferentes herramientas computacionales derivados de la información genética de CDV. **Materiales y métodos.** se obtuvieron secuencias consenso para proteínas de CDV mediante EMBOSS-CONS. Se predijeron epítopes inmunogénicos con herramientas bioinformáticas. Se modelaron por homología moléculas del complejo mayor de histocompatibilidad clase I (MHC-I) y MHC-II de canino. MDockPEP, HPEPDOCK y GALAXY fueron empleados para acoplamiento molecular entre moléculas del MCH y epítopes de CDV **Resultados.** se generaron 168 péptidos para proteínas H y F. Los modelos de MHC caninos obtuvieron un porcentaje de aminoácidos mayor al 90% en regiones energéticamente favorables. Se obtuvieron energías de unión favorables mediante acoplamiento molecular de péptidos de H y F con las MHC de canino, mediante tres herramientas diferentes. **Conclusiones.** se predijo *in silico* una librería de péptidos del CDV con potencial inmunogénico. Estudios *in vitro* e *in vivo* deben ser desarrollados, para establecer si éstos pueden ser utilizados como una alternativa vacunal en animales domésticos y silvestres.

P-106. Detección de agentes infecciosos en tejido cerebral de pacientes diagnosticados con enfermedad de Alzheimer.

Gómez J, Villegas C, Mesa A, Grupo De Investigación Dermatológica- Universidad De Antioquia. Medellín.
johana.gomezr@udea.edu.co

Introducción. La detección directa o indirecta de agentes infecciosos en muestras de pacientes con enfermedad de Alzheimer (EA), ha llevado a proponer una hipótesis infecciosa de la etiología de esta demencia. El objetivo de este estudio fue identificar agentes infecciosos en tejido cerebral de personas con diagnóstico de EA. **Materiales y métodos.** Se trata de un estudio analítico de casos y controles, de corte transversal. Se seleccionaron 33 casos con diagnóstico neuropatológico de EA (n=23) y un grupo control sin EA (n=10). Se revisó en la historia clínica, las características clínicas más relevantes de la EA y síntomas sugestivos de infecciones agudas o crónicas. A partir de los tejidos cerebrales, se obtuvo ADN para la búsqueda de diferentes agentes infecciosos por microarreglos, PCR multiplex para la detección de virus y por PCR panfúngica en tiempo real. Adicionalmente, se cultivaron muestras de tejido para la identificación de bacterias y hongos por espectrometría de masas MALDI-TOF. **Resultados.** se detectó VHS-1,2 o Varicela Zoster en 3 muestras de individuos con EA. Con las demás técnicas moleculares no se detectaron agentes infecciosos. A partir de los cultivos de las muestras de cerebro se identificaron bacterias y levaduras. **Conclusiones.** A diferencia de lo observado por otros autores, en la mayoría de las muestras de los casos incluidos en este estudio, no fue posible demostrar la presencia de agentes infecciosos.

P-107. El efecto antiviral del Lupeol derivado de *Chenopodium ambrosioides* es dependiente de la cepa y serotipo de virus Dengue.

Restrepo-Méndez L, Zapata-Cardona M, Díaz F, Martínez-Gutiérrez M, Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia. Laboratorio de Investigaciones Fitoquímicas y Farmacológicas de la Universidad de Cartagena (LIFFUC). Medellín. marlen.martinezg@campusucc.edu.co

Introducción. No hay antiviral específico contra el virus del Dengue (DENV). Se evaluó *in vitro* el efecto virucida e interacciones *in silico* del Lupeol, aislado de la planta *Chenopodium ambrosioides*, contra los cuatro serotipos del DENV. **Materiales y métodos.** Se evaluó la viabilidad en células VERO de Lupeol por MTT (7,3-233,6 μ M). Se evaluó el efecto virucida contra DENV-1 a DENV-4 (ensayo TRANS-tratamiento). Se cuantificó por ensayo de plaqueo y RT-qPCR. Se hizo secuenciación y alineamiento de las secuencias del gen de la proteína E. Se evaluó la interacción del Lupeol con la proteína E de DENV 1-4 mediante acoplamiento molecular. **Resultados.** La viabilidad celular en VERO fue dependiente de concentración. El porcentaje de infección del número de partículas infecciosas para DENV-1, DENV-2/16.803, DENV-2/16.681, DENV-2/NG, DENV-3, DENV-4 fue del 91,3%, 16,2%, 64,85%, 57,0%, 64,8% y 35,0%, respectivamente. Por otra parte, el porcentaje de infección en número de copias genómicas para DENV-1, DENV-2/16.803, DENV-2/16.681, DENV-3, DENV-4 fue del 139,6%, 188,2%, 15,6%, 142,7% y 126,5%, respectivamente. Se identificaron sustituciones en la naturaleza de los aminoácidos que podrían afectar la actividad antiviral del Lupeol. En los resultados de Docking molecular se obtuvieron energías de unión favorables (-6,8 kcal/mol y 6,9 Kcal/mol) entre el Lupeol y la proteína E de los cuatro serotipos de DENV. **Conclusiones.** El efecto antiviral del Lupeol fue dependiente de la cepa y serotipo viral. Lupeol inhibió el número de partículas virales infecciosas de DENV-2/16803, DENV-3 y DENV-4. Permiso MINAMBIENTE contrato 130 de 2016 RGE0176. Financiado MINCIENCIAS No: 123171249665

P-108. Concentración viral elevada del SARS-CoV-2 detectada en muestras de secreción respiratoria de pacientes ambulatorios que padecen COVID-19 podría ser responsable de la alta diseminación del virus en Bogotá Colombia.

Velandia-Rodríguez D, Borda-Osuna P, Gómez S, Triana L, Secretaria Distrital de Salud de Bogotá - Laboratorio de Salud Pública. Bogotá. daniel.velandia@gmail.com.

Introducción. La diseminación del Virus SARS-CoV-2 ha demostrado una dinámica dependiente de su capacidad de transmisión mediada por portadores asintomáticos o sintomáticos leves. Se caracterizó una población de pacientes de la ciudad de Bogotá con resultado positivo para SARS-CoV-2 entre mayo y julio de 2020 en términos de la contracción viral relativa (CVR) presente en muestras de secreción respiratoria para detectar pacientes diseminadores. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo de cohorte trasversal de pacientes con resultado positivo para SARS-CoV-2. Se incluyeron dos grupos de pacientes, el primero (n=17.301) que cuentan con un solo resultado positivo y el segundo (n=5.011) con dos resultados, al menos uno positivo. La CVR en secreción respiratoria se estimó a partir de los valores de Cq para SARS-CoV-2 y el gen RNaseP humano obtenidos por RT-PCR (Método Charité-Berlin estanda-

rizado en multiplex para la detección de RNaseP humano). **Resultados.** El histograma de frecuencias para valores de CVR, denotan dos poblaciones con distribución normal en el rango de -5 a +4 de CVR y máximos detectados en -2,3 y +0,5 de CVR y. El diferencial (+2,8) corresponde a una diferencia de 3 órdenes de magnitud en la concentración Viral relativa presente en la secreción respiratoria. Las curvas de frecuencias para segundas muestras positivas presentan una distribución única con media en -2,3 asociada con baja concentración viral. El 20% de pacientes con el primer resultado positivo estuvieron asociados a una CVR alta (Mayor a +0,5). **Conclusiones.** Aparentemente existe una importante proporción de pacientes positivos que son altos diseminadores.

P-109. Diseño computacional de inhibidores peptídicos de la invasión viral del SARS-CoV-2.

Rodríguez-Salazar C, Recalde-Reyes D, Castaño-Osorio J. Corporación Universitaria Empresarial Alexander von Humboldt - Universidad del Quindío. Armenia. carodriguez@uniquindio.edu.co

Introducción. Recientemente el brote causado por el SARS-CoV-2, conocido como COVID-19, se ha catalogado como una enfermedad infectocontagiosa de catástrofe mundial debido al creciente número de infectados y decesos desde noviembre de 2019; actualmente no hay una vacuna disponible ni tratamiento específico, por lo que el número de casos continua en aumento. El SARS-CoV-2, infecta al humano mediante la interacción entre el dominio de unión al receptor de la proteína viral Spike y el receptor celular de la enzima convertidora de angiotensina-2, ubicado predominantemente en células alveolares. Esta interacción es el primer paso para la invasión e infección viral, por ello, se pretende identificar péptidos que bloqueen esta interacción virus-célula. **Materiales y métodos.** Mediante la base de datos RCSB, fueron seleccionados cristales y realizados modelos de interacción entre la proteína viral S1 y el receptor celular ACE2, posteriormente se buscaron péptidos inhibidores de interacción mediante el servidor web Rosetta, se validó su interacción mediante Cluspro y finalmente se determinaron las propiedades fisicoquímicas y citotóxicas teóricas de estos péptidos. **Resultados.** Se generó un complejo proteico modelado mediante ClusPro; con la energía de unión más baja. A partir de las interacciones proteicas de los cristales y del modelo, se obtuvieron ocho péptidos de 20 residuos. La evaluación teórica mostró péptidos no tóxicos, ocho solubles, dos insolubles en agua. **Conclusiones.** Se encontró *in silico* que ocho péptidos interactuaron con el dominio de unión al receptor de la proteína S1 de SARS-CoV-2, lo que podría evitar el contacto con el receptor celular y generar interferencia en el proceso de invasión.

P-110. Diseño y evaluación pequeños RNAs de interferencia en la replicación del virus Dengue.

Rodríguez-Salazar C, Recalde-Reyes D, Castaño-Osorio J. Universidad del Quindío. Armenia. carodriguez@uniquindio.edu.co

Introducción. El virus del Dengue es un flavivirus con genoma ssRNA polaridad positiva, traduce una poliproteína indispensable para la generación de progenie viral. A la fecha no existe un tratamiento específico, por lo que se continua en la búsqueda de vacunas y moléculas para su tratamiento. Dentro de este esfuerzo las moléculas de siRNA que regulan la expresión genética, se han utilizado de forma para silenciar diferentes tipos de RNA como genomas virales. El objetivo del presente trabajo fue diseñar y evaluar pequeños RNAs de interferencia en la replicación del virus Dengue. **Materiales y métodos.** Fueron seleccionados genomas completos no redundantes para DENV y mediante alineamientos múltiples seleccionadas regiones conservadas. Se diseñaron siRNA de 21mer para DENV1-4 a través de siDirect2.0. Se determinaron análisis estructurales y termodinámicos para asumir eficacia de silenciamiento en modelos celulares. Previo a la evaluación *in vitro* se realizó un análisis de citotoxicidad, se analizó la capacidad de silenciamiento por transfección inversa en células HepG2, evidenciado mediante plaqueo en células BHK-21. **Resultados.** De las regiones conservadas fueron reconocidas como candidatas a siRNA aquellas que cumplían las normas URA. Fueron sintetizados 3-siRNA específicos para cada uno de los serotipos DENV. Se encontró que a 50nM la viabilidad celular para todos los siRNA estuvo entre el 90-100%, a partir de esta concentración se realizaron los ensayos de transfección donde se evidenció que al menos 2 siRNA por serotipo disminuyen los títulos virales en comparación al control de infección. **Conclusiones.** Fueron obtenidos siRNA con capacidad de disminuir la replicación del virus en un modelo celular.

P-111. Evaluación *in vitro* e *in silico* del potencial salto en la barrera de especie del *Morbillivirus canino* (CDV) en humanos.

Rendon-marín S, Quintero-gil C, Ruiz J, Grupo de Investigación en Ciencias Animales - GRICA; Universidad Cooperativa de Colombia. julian.ruiz@campusucc.edu.co

Introducción. El *Morbillivirus canino* (CDV) es el agente etiológico de una enfermedad altamente contagiosa que afecta perros domésticos y especies silvestres. La Hemaglutinina (H) es esencial para la adhesión viral a receptores celulares, como SLAM y Nectina-4. La similitud estructural entre los receptores humanos y caninos podría favorecer el potencial salto en barrera de especie del CDV. **Objetivo:** Evaluar, *in silico*, la interacción con los receptores celulares de canino y humano y determinar, *in vitro*, el potencial salto en barrera de especie del CDV a humanos. **Materiales y métodos.** La modelación de H se realizó mediante Modeller©. Se determinó interacción de receptores celulares caninos y humanos y la proteína H mediante AutodockVina, HADDOCK y Clus-Pro y se validaron mediante Dinámica Molecular (DM). Además, se determinó la permisividad a la infección de CDV en células humanas (A549, MCF-7, U937). La detección se realizó mediante qPCR y ensayo de plaqueo. **Resultados.** Las proteínas H modeladas se unieron de manera favorable con receptores SLAM y nectina-4 tanto canino como humano ($-5,9 < E < -4,3$ Kcal/mol). La interfase de interacción entre H de CDV y receptores celulares, se conservó comparado con estructuras co-cristalizadas. DM sugirió estabilidad del complejo en 15 ns con RMSD menor a 2Å. Las células A549, MCF-7 y U937 fueron permisivas para CDV, confirmado por plaqueo y qPCR. **Conclusiones.** Mediante uso de herramientas computacionales y modelo *in vitro* de infección, se evidenció la posible interacción de la proteína H de CDV con receptores humanos, sugiriendo el potencial de CDV para el salto en barrera de especie.

P-112. Análisis inmunoinformático de la proteína Spike de SARS-CoV-2 y sus implicaciones para el desarrollo de una vacuna.

Gómez A, Torres-Viñuela V, Barreneche S, Beltrán P, Carvajal A, Hernández S, Lozano D, Ramon S, Rodríguez A, Cardona N, Arenas N, Universidad Antonio Nariño. Bogotá. narenas69@uan.edu.co

Introducción. El actual brote causado por el SARS-CoV-2 ha tenido consecuencias dramáticas a nivel mundial. El ingreso del virus a la célula hospedera y su respectiva internalización es mediado por la glicoproteína de superficie Spike. Nuestro objetivo fue caracterizar las regiones inmunogénicas de la proteína Spike del SARS-CoV-2 y sus implicaciones a nivel estructural. **Materiales y métodos.** Se obtuvo la secuencia de aminoácidos de la proteína Spike en UNIPROT (P0DTC2) de SARS-CoV-2. Se identificaron las regiones antigénicas con 3 programas computacionales para la predicción de secuencias con alta afinidad de unión a Alelos de MHC I y MHC II. Se realizó un análisis filogeográfico de secuencias de genomas de diferentes países y se mapearon en la estructura tridimensional completa del homotrímero obtenido en el servidor SWISS-MODEL. **Resultados.** La diversidad entre las secuencias fue muy baja (0,000165) y sólo se presentaron 7 sitios de segregación en 22 secuencias seleccionadas. Se identificaron 5 sustituciones en las secuencias comparadas que incluyen S221W del aislamiento de Corea del Sur, S247R de Australia, D614G de España, Barcelona, F797C de Suecia y A930V de India. Se obtuvieron 64 epítopos para 12 diferentes alelos de MHC I y 21 epítopos para 7 diferentes alelos de MHC II con dos algoritmos con una puntuación de alta probabilidad. Se seleccionaron 10 secuencias consenso para 7 diferentes alelos de MHC I y 6 secuencias consenso para 4 diferentes alelos de MHC II. **Conclusiones.** Algunos de los epítopos de la glicoproteína Spike del SARS-CoV-2 podrían representar regiones candidatas para el desarrollo de una vacuna.

P-113. Optimización de un método para la recuperación del virus de la hepatitis E en afluente de abastecimiento y en agua residual.

Pinto Y, Díaz L, Barrera V, Lora F, Universidad del Quindío. Mikrogen Diagnostik. Armenia. yimmivalencia03@gmail.com

Introducción. Los diferentes métodos empleados para la recuperación del virus en matrices acuosas se basan principalmente en técnicas que resultan costosas y poco asequibles para pruebas de rutina. Por esta razón se hace necesario optimizar un método factible y eficiente para la recuperación del virus de la hepatitis E en diferentes tipos de matrices acuosas. **Materiales y métodos.**

Para la optimización se tomaron diferentes estudios de los que se tuvieron en cuenta condiciones como fuerzas g, tiempo, temperatura y reactivos de precipitado como metanol y PEG. Para la aplicación del método, las muestras se recolectaron en el municipio de Salento, Quindío en mayo y octubre del 2019, se establecieron tres puntos a lo largo de la quebrada que abastece plantas de tratamiento, paralelamente al punto donde se manejan las aguas residuales de la porcícola. **Resultados.** Se logró evidenciar que el metanol absoluto junto con las condiciones de tiempo y las fuerzas g (RCF) entre 1700 g y 12500 g permitieron la precipitación viral, de modo que también se logró estandarizar la curva de límite de detección del método. En cuanto a su aplicabilidad en campo, se obtuvieron resultados positivos para el virus en las matrices acuosas evaluadas. **Conclusiones.** Las condiciones empleadas para la optimización del método fueron eficientes para poder recuperar el virus en matrices acuosas, asimismo se determinó su viabilidad con muestras directamente de campo. Este proyecto fue financiado por la empresa Mikrogen Diagnostik.

P-114. Identificación y evaluación de la actividad antiviral frente al virus Dengue de compuestos de origen natural, con interacción sobre la proteína NS5.

González N, Díaz C, García L, Padilla L, Castaño J, Universidad del Quindío. Armenia. ngonzalezr@uqvirtual.edu.co

Introducción. El dengue es una enfermedad infecciosa sin tratamiento específico para disminuir la carga viral del virus Dengue (DENV). La proteína NS5 del DENV es considerada un blanco terapéutico por ser la más conservada. Diversos estudios han demostrado el potencial antiviral de muchos compuestos de origen natural. El objetivo es identificar, mediante herramientas computacionales, compuestos de origen natural con posible actividad frente a DENV y evaluar su actividad *in vitro*. **Materiales y métodos.** Se realizó tamizaje virtual de compuestos de origen natural disponibles en ZINC database usando DrugDiscovery@TACC, sobre los dominios metiltransferasa y polimerasa de cada serotipo del DENV. Se evaluaron las energías de unión de los compuestos resultantes, las propiedades fisicoquímicas y farmacológicas y se seleccionaron 15 compuestos tipo alcaloide. Hasta el momento se ha evaluado la citotoxicidad sobre células Huh-7, tras 24 y 48 horas de exposición, de siete de los compuestos, mediante el ensayo de viabilidad celular con resazurin, evaluando las concentraciones de 12,5, 25, 50 y 100 µM. El efecto antiviral frente a DENV será determinado a través del recuento de unidades formadoras de placa (PFU), efecto sobre la síntesis de ARN y proteínas virales, a través de RT-qPCR e inmunofluorescencia. **Resultados.** Se observó que 5 de los compuestos identificados no presentan efecto citotóxico en las concentraciones evaluadas, sin diferencia estadísticamente significativa entre los tratamientos y el control celular. **Conclusiones.** Se pretende determinar la CC50 de todos los compuestos, proceder con la evaluación de la actividad antiviral sobre DENV e identificar el efecto sobre la infección viral. Financiación: MinCiencias, Código: 1113-808-63020

INVESTIGACIÓN CLÍNICA Y SALUD PÚBLICA

INVESTIGACIÓN BÁSICA

TC-005. Infecciones oportunistas según el conteo de linfocitos CD4+ en pacientes con VIH en una institución de tercer nivel en Cali, Colombia.

Barona D, Gartner E, Escobar M, Matta L, Vallejo R, Aguilar O, Universidad del Valle. Hospital Universitario del Valle. Universidad Libre. Cali. enriqueaguilarmd@gmail.com

Introducción. Las infecciones oportunistas (IO) han marcado el pronóstico en la evolución natural de los pacientes con infección por VIH. Conocer las IO más frecuentes y establecer su relación con el conteo de linfocitos CD4+ (LTCD4+) puede mejorar nuestra práctica y favorecer un diagnóstico temprano, uso de terapias empíricas y tratamiento dirigido oportuno. Nuestro objetivo es describir las características y variaciones de las IO diagnosticadas por clínica, métodos directos o indirectos en los pacientes con VIH y que ingresan a una institución de III nivel en Cali. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo, registro de datos de manera retrospectiva. Se incluyeron pacientes adultos hospitalizados con diagnóstico de VIH/SIDA e IO durante enero 2018 a enero 2019; se excluyeron menores de 18 años y gestantes. **Resultados.** Se obtuvo una muestra de 190 pacientes con al menos una IO, del cual 65,3% eran hombres con una edad mediana de 37 años (29,0 – 46,0), para las mujeres de 35,5

años (31,2 – 43,0). 83% con clasificación C3 al ingreso, el 86% con recuento de CD4 $\leq$ 200 céls/mm³. De las IO las más frecuentes fueron, tuberculosis con 28,4%, neumocistosis con 27,9% y toxoplasmosis con 27,4%. En un 14,7 % se diagnosticaron neoplasias. **Conclusiones.** En nuestra población, pese al avance y mayor disponibilidad de terapia antiretroviral de alta efectividad, la mayoría de los pacientes se hospitalizan en estadios avanzados con múltiples IO y con evidencia de compromiso virológico e inmunológico severo.

INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA

TC-008. Seguimiento del programa de control de antibióticos en una unidad de cuidado intensivo neonatal de IV nivel.

Rojas L, Alvarez-Olmos M, Fundación Cardioinfantil. Bogotá.
arojasfl@yahoo.com

Introducción. Definir la relación existente entre terapia empírica antibiótica inicial prolongada (>5 días) en el recién nacido (RN) que ingresa a la unidad de cuidado intensivo neonatal (UCIN) de una institución de IV nivel en Bogotá, con hemocultivos negativos y riesgo de enterocolitis necrotizante (ECN), sepsis neonatal tardía y muerte. **Materiales y métodos.** Estudio de cohorte prospectivo observacional. Se analizaron 70 historias clínicas de recién nacidos con diagnóstico sospechoso de infección al ingreso a UCIN de la Fundación Cardioinfantil de la ciudad de Bogotá, del 19 de diciembre del 2018 al 19 de junio del 2019. Se empleó un formato propio de recolección de datos que poseía variables descritas en la literatura. Todos los análisis se realizaron con el software STATA 15.1. **Resultados.** Se incluyeron 70 pacientes hospitalizados entre 1 y 93 días. Los RN de 1 a 2 días de vida, sexo masculino y a término fueron la población más frecuente. Todos los pacientes recibieron tratamiento antibiótico (AB) durante la hospitalización con una mediana de 7 días. El protocolo de hipotermia (PH) o la combinación de PH y sospecha de infección fueron los diagnósticos más comunes. Los hemocultivos fueron negativos en el 94% de la población. **Conclusiones.** No se encontraron diferencias significativas entre la frecuencia de los desenlaces y la duración del tratamiento AB empírico inicial >5 días en la población estudiada posiblemente asociado al tamaño de la muestra y la población de RN en su mayoría a término.

INVESTIGACIÓN CLÍNICA Y SALUD PÚBLICA

TC-009. Caracterización de infecciones tempranas e intermedias en pacientes sometidos a trasplante cardiaco en la Fundación Cardioinfantil 2005-2018.

Marquez A, Arango A, Rodríguez M. Fundación Cardioinfantil. Bogotá.
adrisamani@gmail.com

Introducción. El perfeccionamiento de las indicaciones, la técnica quirúrgica y la terapia inmunosupresora han permitido una mejoría en la sobrevida de los pacientes con trasplante cardiaco, pero los eventos infecciosos han surgido como una complicación del procedimiento y del estado de inmunosupresión. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo y retrospectivo con el objetivo de determinar las características epidemiológicas y microbiológicas de las infecciones tempranas e intermedias en pacientes adultos con trasplante de cardiaco en la Fundación Cardioinfantil años 2005 a 2018. **Resultados.** De 87 pacientes trasplantados, con mediana de edad de 48 años, el 78,2% fueron hombres, la principal etiología de falla cardiaca fue la cardiopatía isquémica seguida por la idiopática y la chagásica. A los 6 meses del trasplante el 54% presentó complicación infecciosa, las infecciones bacterianas fueron habituales en el periodo temprano y en primer lugar se ubicó la neumonía bacteriana con el 34,7%, en el periodo intermedio la principal infección fue la aspergilosis invasiva con el 19%. Las infecciones se presentaron más en los pacientes con disfunción renal y en los tuvieron un mayor requerimiento transfusional de plaquetas y crioprecipitados en cirugía. A los 180 días del trasplante cardiaco el 12,6% de pacientes habían fallecido, no se encontró diferencia en la mortalidad entre el grupo de infectados y los no infectados. **Conclusiones.** Las complicaciones infecciosas fueron frecuentes y se presentaron en el 54% de los pacientes trasplantados en el seguimiento a 6 meses, predominaron las infecciones bacterianas seguidas por las fúngicas, las infecciones virales fueron poco habituales.

XII

ENCUENTRO NACIONAL DE INVESTIGACIÓN EN ENFERMEDADES INFECCIOSAS

II ENCUENTRO LATINOAMERICANO
DE INVESTIGACIÓN EN ENFERMEDADES INFECCIOSAS



PATROCINADORES



WORKING ON BEHALF OF
ViiV HEALTHCARE IN HIV



HETERO



MSD

INVENTING FOR LIFE