

R
M
H

Revista Médica Herediana

**Resúmenes del XXII Congreso de la Asociación
Panamericana de Infectología y el XIX Congreso
de la Sociedad Peruana de Enfermedades
Infecciosas y Tropicales**

Lima, Perú, 3-5 de julio de 2025



UNIVERSIDAD PERUANA
CAYETANO HEREDIA

E-ISSN: 1729-214X

Volumen 36, suplemento 1
2025



UNIVERSIDAD PERUANA
CAYETANO HEREDIA

REVISTA MÉDICA HEREDIANA

Volumen 36, suplemento 1
2025

EQUIPO

EDITOR EN JEFE (EDITOR IN CHIEF)

Juan Miyahira Arakaki |  0000-0002-8626-7325

Facultad de Medicina Alberto Hurtado, Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

EDITORES ASOCIADOS (ASSOCIATE EDITORS)

Armando Calvo Quiroz |  0009-0004-5625-8809

Servicio de Reumatología, Dpto. de Medicina, Hospital Nacional Cayetano Heredia.

Facultad de Medicina Alberto Hurtado, Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

Juan Echevarria Zárate |  0000-0002-2403-5414

Facultad de Medicina Alberto Hurtado, Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

Franco León Jimenez |  0000-0002-9418-3236

Médico Internista Hospital de la amistad Perú-Corea Santa Rosa II-2 de Piura. Piura, Perú.

Universidad César Vallejo - Filial Trujillo.

Theresa Ochoa Woodell |  0000-0002-3227-3906

Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt. Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

Larissa Otero Vegas |  0000-0002-8348-4340

Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt. Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

Carlos Seas Ramos |  0000-0001-7067-9141

Dpto. de Enfermedades Infecciosas, Tropicales y Dermatológicas Hospital Nacional Cayetano Heredia. Facultad de Medicina, Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

Luis Manuel Valdez Fernandez-Baca |  0000-0002-4396-5676

Clínica Angloamericana. Lima, Perú.

EDITOR DE SECCIÓN CONVERSATORIO CLÍNICO (CLINICAL CONVERSATION EDITOR)

Sergio Vásquez Kunze |  0000-0002-8482-0393

Dpto. de Medicina, Hospital Nacional Cayetano Heredia. Facultad de Medicina, Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

EDITORES ASISTENTES (ASSISTANT EDITORS)

Renzo José Calderón Anyosa |  0000-0003-4840-2191

University of Toronto-Post Doctoral Fellow.

Carlos Orellano Tuesta |  0000-0002-3666-8753

Servicio de Psiquiatría. Hospital Nacional Cayetano Heredia. Lima, Perú.

Andrea Rivas Nieto |  0000-0002-7190-2111

Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

COMITÉ EDITORIAL (EDITORIAL BOARD)

Graciela S. Alarcón

Emeritus Professor of Epidemiology, The University of Alabama at Birmingham. Birmingham, Alabama, USA.

Renato D. Alarcón

Distinguished Emeritus Professor, former Chief Mood Disorders Unit, Mayo Clinic College of Medicine, Rochester, Minnesota, USA.
Cátedra Honorio Delgado, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú.

Eduardo Barboza

Profesor Emérito. Cátedra Víctor Baracco Gandolfo, Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

Eduardo Gotuzzo

Profesor Emérito. Facultad de Medicina Alberto Hurtado, Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

Elmer Alejandro Llanos-Cuentas

Emeritus professor. Unit of Leishmaniasis and Malaria. Instituto de Medicina Tropical “Alexander von Humboldt”. Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

Jack Ludmir

Temple University Health System: Philadelphia, Pennsylvania, USA.
Thomas Jefferson University: Philadelphia, PA, USA.

Jaime Miranda

Head of School. Sydney School of Public Health. Faculty of Medicine and Health. The University of Sydney. Sydney. Australia

Eduardo Saponara

Voluntary Faculty. Assistant Professor, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York. USA.

COMITÉ CONSULTIVO (ADVISORY COMMITTEE)

José F. Bernardo MD, MPH, FASN

University of Pittsburgh School of Medicine

Italo Biaggioni, MD

Vanderbilt University Medical Center.

Francisco Bravo Puccio MD

Facultad de Medicina Alberto Hurtado. Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

Ezra Burstein MD, PhD

UT Southwestern Medical Center. Dallas, Texas. USA.

Ricardo Carhuapoma, MD, FAHA, FANA

Johns Hopkins University School of Medicine. Baltimore, Maryland. USA.

Martin Casapia MD

Universidad Nacional de la Amazonia Peruana. Hospital Regional de Loreto. Loreto, Perú.

Jose A. Castro-Rodriguez, MD. PhD. ATSF

Escuela de Medicina. Pontificia Universidad Católica de Chile. Santiago, Chile.

Franco R. D'Alessio, MD

Johns Hopkins University School of Medicine. Baltimore, Maryland. USA.

Jorge Diaz Herrera MD

Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú

Americo E. Esquibies, MD, MBA, MPH

Warren Alpert School of Medicine of Brown University. Providence, Rhode Island.

Elizabeth Estrada, MD

Children's National Hospital. Clinical Professor of Pediatrics. George Washington University. Washington DC. USA.

Santiago Felipe Gallo Merino MD FACC

Servicio de Cirugía Endovascular y Cardiovascular del Hospital Italiano de Asunción-Paraguay. Asunción, Paraguay.

Hugo García MD

Facultad de Ciencias y Filosofía. Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

Alejandro García-Revilla MD, FACC, FSCAI

Heart and Vascular Institute. Santa Barbara Cottage Hospital. Santa Barbara, California. USA.

César Arturo Gutiérrez Villafuerte MD

Facultad de Medicina Humana, Universidad de Piura. Piura, Perú.

Erasmus Huertas Tachino MD

Instituto Nacional Materno Perinatal. Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Medicina de San Fernando. Lima, Perú.

Luis Javier Jara Quezada MD

División de Reumatología. Instituto Nacional de Rehabilitación “Luis Guillermo Ibarra Ibarra”. Ciudad de México, México.

Mauricio La Rosa de los Ríos MD

University of Texas Medical Branch

Ciro Maguiña Vargas MD

Facultad de Medicina Alberto Hurtado. Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt. Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

Luis S. Marsano MD, FAASLD, FAGA, FACC, FASGE

University of Louisville.

Federico Martínez MD

San Ignacio University, Miami, Florida. USA.

Luz María Moyano MD, PhD

Universidad Nacional de Tumbes. Perú.

Juan L. Peschiera MD, FACC

Cincinnati Ohio. USA.

Luis E. Raez, MD, FACP

Florida International University (FIU). Florida. USA.
Martin Rodriguez, MD, FACP, FIDSA
University of Alabama at Birmingham. USA.

Raul Rudoy MD MPH

Profesor Emérito Departamento de Pediatría. Escuela de Medicina. University of Hawaii. USA.

Herbert Stegemann MD

Universidad Central de Venezuela. Caracas, Venezuela.

Claudia Maria Teresa Ugarte Taboada MD

Universidad Continental. Huancayo, Perú.

Luis Varela Pinedo MD

Facultad de Medicina Alberto Hurtado. Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

Juan Carlos Q. Velez MD

Department of Nephrology, Ochsner Health. New Orleans, Louisiana, USA.

Walter Ricardo Ventura Laveriano MD

Medicina y Cirugía Fetal. Clínica Angloamericana. Medicina Fetal Perú. Instituto de Diagnóstico Prenatal y Cirugía Fetal. Lima, Perú.

Eugenio Villar-Montesinos, MD, MSc CHDC

Counsellor, National Health Council, Peru. Former Coordinator, Social Determinants of Health team, WHO/Geneva. Former National Director, Office of International Cooperation Ministry of health Perú.

Jorge Ybaseta Medina MD

Facultad de Medicina. Universidad Nacional San Luis Gonzaga. Ica, Perú.

ADMINISTRACIÓN, EDICIÓN Y REDACCIÓN

Martha Iriarte Coronado

Coordinación editorial

Oficina de Publicaciones Científicas**Roxana Bada Céspedes**

Jefa

Jorge Luis Valer

Diagramación

La Revista Médica Herediana (RMH) de la Facultad de Medicina de la Universidad Peruana Cayetano Heredia es una publicación científica de periodicidad trimestral, arbitrada por pares y de acceso abierto, cuyo objetivo es la difusión de trabajos originales e inéditos que contribuyan al conocimiento de las ciencias biomédicas, en especial de la Medicina clínica, de la Salud Pública y de la educación médica, realizados a nivel nacional e internacional.

Ninguna publicación, nacional o extranjera, podrá reproducir ni traducir los artículos o los resúmenes publicados en la RMH sin previa autorización escrita del editor.

Ni la revista, ni la Facultad de Medicina ni la Universidad asumen responsabilidad alguna por los puntos de vista expresados por los autores. La revista no publicará propaganda comercial. Los nombres de equipos, materiales o productos médicos o farmacéuticos que eventualmente se puedan mencionar, no implican recomendación para su uso. Los medicamentos sólo se mencionan con su nombre genérico.

La revista está indizada en: Scopus, EMBASE, DOAJ, SciELO, LILACS, REDALYC, LATINDEX, REDIB, Sherpa Romeo y otras.

Las instrucciones para los autores se encuentran en: <https://revistas.upch.edu.pe/index.php/RMH/about/submissions>

ISSN versión electrónica: 1729-214X

La RMH se distribuye bajo una Licencia Creative Commons Atribución 4.0 Internacional.

Revista Médica Herediana**Universidad Peruana Cayetano Heredia**

Av. Honorio Delgado 430. Urb. Ingeniería. San Martín de Porres. Lima, Perú.

Código Postal: 15101

URL: <https://revistas.upch.edu.pe/index.php/RMH/>

famed.revista.medica@oficinas-upch.pe



Presentación del congreso

El Congreso API Perú 2025, que integró el XXII Congreso de la Asociación Panamericana de Infectología y el XIX Congreso de la Sociedad Peruana de Enfermedades Infecciosas y Tropicales, se llevó a cabo del 3 al 5 de julio de 2025 en la ciudad de Lima, Perú. Después de 34 años, el Congreso API retornó al país, reuniendo a más de 900 profesionales de la salud provenientes de 22 países.

API Perú 2025 contó con la participación de 99 ponentes, entre ellos 68 conferencistas internacionales y representantes de la Sociedad Latinoamericana de Infectología Pediátrica, Sociedad Latinoamericana de Vacunología, Sociedad Latinoamericana de Medicina del Viajero, Alianza Latinoamericana de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica, Viral Infections Latin America, Sociedad Brasileira de Infectología, St. Jude Global, y la Organización Panamericana de la Salud. La calidad y diversidad de las presentaciones reflejaron la sólida trayectoria y los valiosos aportes de grupos de investigación y expertos clínicos de la región. Además, el congreso fue una oportunidad para compartir conocimientos y experiencias en el manejo de diversas enfermedades infecciosas, fortaleciendo así la colaboración regional frente a desafíos comunes en salud pública.

En esta edición se recibieron 160 resúmenes, de los cuales 127 (79.4%) correspondieron a trabajos de investigación y 33 (20.6%) a series de casos clínicos. Los trabajos fueron organizados en 15 áreas temáticas, destacando un mayor número de contribuciones en las áreas de Resistencia antimicrobiana/Programa de optimización de uso de antimicrobianos y VIH, Hepatitis virales e Infecciones de transmisión sexual.

Todos los resúmenes fueron sometidos a un proceso de evaluación por pares, en el que al menos dos revisores independientes, miembros del Comité Evaluador, analizaron cada propuesta. El comité estuvo conformado por 21 médicos especialistas en enfermedades infecciosas y tropicales con amplia experiencia en investigación y especialistas en las distintas áreas temáticas. La evaluación de los trabajos de investigación se realizó en base a una rúbrica que consideró criterios como originalidad, solidez metodológica y relevancia de los hallazgos. En el caso de las series de casos clínicos, se emplearon criterios adaptados que incluyeron la relevancia clínica, el valor educativo y la claridad en la presentación del caso. Para asegurar una revisión objetiva, los resúmenes fueron anonimizados antes de su asignación, eliminando los nombres de los autores y sus afiliaciones institucionales. Además, se solicitó a los revisores declarar cualquier posible conflicto de interés con los trabajos asignados.

En total, se aceptaron 129 resúmenes (80.6% de aceptación). Los diez resúmenes con mayor puntaje fueron seleccionados para ser presentados durante el congreso en la modalidad de Presentación Oral. El resto de resúmenes aceptados fueron asignados a la modalidad de Presentación en Póster.

Expresamos nuestro profundo agradecimiento a los miembros del Comité Evaluador, por su rigurosidad y dedicación en la revisión de los resúmenes presentados. Agradecemos también a todos los autores que enviaron sus trabajos, cuya calidad y diversidad temática enriquecieron el programa científico de API Perú 2025.

Asociación Panamericana de Infectología, Perú 2025 | API Perú 2025

Comité Organizador

Presidente Congreso API Perú 2025: Dr. Luis Cuéllar Ponce de León

Presidente de la SPEIT: Dr. Alexis Holguín Ruiz

Past-President de la SPEIT: Dra. Sofía del Carmen González Collantes

Past-President de la SPEIT: Dr. Eduardo Sánchez Vergaray

API Junta Directiva

Presidente: Dr. Gustavo Lopardo (Argentina)

Vicepresidente: Dr. Luis Cuellar Ponce de León (Perú)

Secretario: Dr. Gabriel Levy Hara (Argentina)

Tesorero: Dr. Tomás Orduna (Argentina)

Vocal: Dra. Isabel Cassetti (Argentina)

Vocal: Dra. María Eugenia Gutiérrez Pimentel (Panamá)

Vocal: Dr. Fernando Riera (Argentina)

Vocal: Dr. Alejandro Afani Saud (Chile)

SPEIT Junta Directiva

Presidente: Dr. Alexis Holguín Ruiz

Vicepresidente: Dra. Diana Portillo Alvarez

Secretaria: Dra. Fadia Uribe Hidalgo

Secretario de Acción Científica: Dr. Edgar Ramírez García

Secretaria de Finanzas: Dra. Tatiana Avalos Cruz

Secretario de Filiales: Dra. Sofía Cavalcanti Ramirez

Vocalía de Ética: Dra. Esmelda Montalbán Sandoval

Vocalía de Investigación: Dra. Fiorella Krapp López

API Perú 2025 Comité Científico Nacional

Presidente: Dr. Eddie Angles Yanqui

Miembros: Dr. Giancarlo Pérez Lazo, Dr. Luis Hercilla Vasquez, Dr. Alexis Holguín Ruiz, Dra. Yuriko Vicente Lozano, Dra. Rosa Infante Castro, Dr. Alberto La Rosa Rodríguez, Dra. Fadia Uribe Hidalgo, Dra. Theresa Ochoa Woodell, Dra. Diana Portillo Alvarez, Dra. Blanca Salazar Mesones, Dra. Fiorella Álvarez Romero, Dra. Milagros Matta Aguirre, Dr. Alberto Mendoza Ticona, Dr. Carlos Seas Ramos, Dr. Luis Marcos Raymundo

API Perú 2025 Comité Evaluador de Resúmenes

Coordinador del Comité Evaluador: Dra. Fiorella Krapp López

Asistente de coordinación: Dra. Gillian Mayorga Hualpa

Miembros: Dr. Jorge Alave Rosas (Universidad Peruana Unión), Dra. Fiorela Álvarez Romero (Universidad Peruana Cayetano Heredia), Dr. Alex Castañeda Sabogal (Universidad César Vallejo), Dr. Juan Echevarría Zárate (Universidad Peruana Cayetano Heredia), Dr. Jorge Gallardo Cartagena (Universidad Nacional Mayor de San Marcos), Dr. Luis Hercilla Vasquez (Hospital Nacional Alberto Sabogal Sologuren), Dr. Alexis Holguín Ruiz (Instituto Nacional de Enfermedades Neoplásicas), Dr. Moises Huaman Joo (Universidad de Cincinnati, EEUU), Dra. Rosa Infante Castro (Policlínico Socios en Salud), Dr. Leonid Lecca Garcia (Socios En Salud Sucursal Perú), Dr. Jose Antonio Lucar Lloveras (Hospital Universitario George Washington, EEUU), Dr. Carlos Medina Collado (Universidad Peruana Cayetano Heredia), Dra. Esmelda Montalvan Sandoval (Instituto Nacional de Enfermedades Neoplásicas), Dr. Juan José Montenegro Idrogo (Hospital Nacional Dos de Mayo), Dra. Laura Melissa Mori Llontop (Universidad Peruana Cayetano Heredia), Dra. Theresa Ochoa Woodell (Universidad Peruana Cayetano Heredia), Dr. Giancarlo Perez Lazo (Hospital Nacional Guillermo Almenara Irigoyen, EsSalud), Dr. Christian Resurrección Delgado (Hospital Nacional Dos de Mayo), Dr. Ruben Vasquez Becerra (AHF Perú), Dra. Yuriko Vicente Lozano (Instituto Nacional de Enfermedades Neoplásicas)

Tabla de contenidos

I. Trabajos de investigación	1
<i>Presentaciones orales</i>	3
<i>Presentaciones en póster</i>	15
A. Enfermedades tropicales y medicina del viajero	15
B. Infecciones en huéspedes inmunocomprometidos, no VIH	39
C. VIH, hepatitis virales e infecciones de transmisión sexual	49
D. Enfermedades fúngicas	91
E. Enfermedades parasitarias	93
F. Tuberculosis y otras micobacterias	104
G. COVID-19 y enfermedades respiratorias	108
H. Resistencia antimicrobiana y PROA	110
I. Infecciones asociadas a la atención de la salud	159
J. Vacunas e inmunización	162
K. Infectología pediátrica y neonatal	180
L. Salud Pública y Una Salud (One Health)	188
M. Diagnóstico microbiológico	199
N. Ciencias básicas en enfermedades infecciosas	211
O. Misceláneas	226
 II. Series de casos clínicos	 233
<i>Presentaciones orales</i>	235
<i>Presentaciones en póster</i>	251
A. Enfermedades tropicales y medicina del viajero	251
B. Infecciones en huéspedes inmunocomprometidos, no VIH	255
C. VIH, hepatitis virales e infecciones de transmisión sexual	257
D. Enfermedades fúngicas	261
E. Enfermedades parasitarias	270
F. Tuberculosis y otras micobacterias	272
I. Infecciones asociadas a la atención de la salud	274
O. Misceláneas	278

I. Trabajos de investigación

XXII Congreso de la Asociación Panamericana de Infectología y
XIX Congreso de la Sociedad Peruana de Enfermedades Infecciosas
y Tropicales

H005 - Resistoma de *Nocardia brasiliensis*, el agente causal más común de actinomicetoma en América Latina

Resistome of *Nocardia brasiliensis*, the most common causative agent of actinomycetoma in Latin America

Michele Guadalupe Cruz-Medrano¹, Gaudy Lizeth Manzanares-Leal², Ayixon Sánchez-Reyes³,
Ninfa Ramírez-Durán⁴

¹ Laboratorio de Investigación en Microbiología Médica y Ambiental, Facultad de Medicina, Universidad Autónoma del Estado de México, Toluca, México, mcruzml178@alumno.uaemex.mx

² Laboratorio de Investigación en Microbiología Médica y Ambiental, Facultad de Medicina, Universidad Autónoma del Estado de México, Toluca, México, glmanzanaresl001@profesor.uaemex.mx

³ Investigador por México, Conahcyt Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Av. Universidad 2001, Col. Chamilpa, Cuernavaca, 62210, México, ayixon.sanchez@ibt.unam.mx

⁴ Laboratorio de Investigación en Microbiología Médica y Ambiental, Facultad de Medicina, Universidad Autónoma del Estado de México, Toluca, México, nramirezdz@uaemex.mx

Palabras clave: *Nocardia brasiliensis*, actinomicetoma, RAM, resistoma

Introducción:

Nocardia brasiliensis es una actinobacteria ambiental que causa actinomicetoma, una enfermedad tropical desatendida (ETD), con alto impacto en poblaciones rurales. Se define como una infección crónica nodular subcutánea. El tratamiento de primera línea incluye trimetoprim-sulfametoxazol y amikacina, que han mostrado eficacia. Sin embargo, la identificación de genes de resistencia a antimicrobianos (RAM) es fundamental para comprender la evolución del resistoma y su posible impacto en la resistencia emergente y la eficacia terapéutica.

Objetivo(s):

Caracterizar el resistoma de *N. brasiliensis* a partir del análisis de genes asociados con resistencia antimicrobiana en cepas clínicas aisladas en México y genomas disponibles en bases de datos públicas.

Métodos:

Se estudió un universo de 65 cepas de *N. brasiliensis*, provenientes de casos clínicos de actinomicetoma en México, aisladas por el Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (InDRE) e identificadas previamente por análisis multilocus de los genes 16SrRNA y *hsp65*. Se eligieron 4 cepas para secuenciación genómica híbrida (Illumina/Nanopore). Las lecturas fueron ensambladas (Flye) y las secuencias fueron anotadas (Bakta) e identificadas (RaPDTool). Además, se obtuvieron 22 genomas de la especie de acceso público (NCBI), provenientes de Australia, China, Israel, Japón, UK y USA. Mediante el programa bioinformático CARD se detectaron los genes RAM de todos los genomas.

Resultados:

La identificación taxonómica mostró que de los 26 genomas analizados, 21 fueron *N. brasiliensis*, tres *Nocardia vulneris*, una *Nocardia nova* y una *Nocardia* sp.. El análisis del resistoma permitió la detección de genes RAM en todos los genomas. Se identificaron los genes *vanW* (96.2%), *vanY* (88.5%) y *rox* (76.9%), asociados con resistencia a vancomicina y rifampicina. Estos genes aparecen en un alto porcentaje de cepas sin patrón geográfico específico, lo que sugiere que no se trata de una mutación espontánea local, sino de una adquisición más generalizada. La mayoría de las cepas presentan al menos un gen de resistencia, lo que muestra una distribución amplia de estos mecanismos en la especie.

Conclusiones:

Aunque los genes de resistencia identificados no afectan directamente la eficacia del tratamiento de primera línea, su presencia es relevante en el contexto de la resistencia emergente. La identificación de estos genes aporta información sobre la evolución genética de la especie y sugiere la necesidad de un monitoreo continuo para detectar posibles cambios en la susceptibilidad antibiótica. Este estudio resalta la importancia de caracterizar el resistoma de *N. brasiliensis* como un primer paso para prevenir futuros problemas de resistencia en el tratamiento del actinomicetoma.

Tabla 1. Genes de resistencia a los antimicrobianos detectados en genomas de *N. brasiliensis*

Cepa	Genes de resistencia a los antimicrobianos (RAM)		
	<i>vanW</i>	<i>vanY</i>	<i>rox</i>
	(clúster vanI)	(clúster vanB)	(<i>S. venezuelae</i>)
	% similitud	% similitud	% similitud
4004	36.1	35.8	65.7
4207	36.1	35.8	
N100	36.1	35.8	
4254			74.2
HUJEG-1	32.0	35.8	65.5
FDAARGOS_352	36.1	35.8	65.3
AUSMDU00024985	33.0	33.3	
NBRC 14402	36.1	35.8	65.3
IFM 10847	36.1	35.8	
HUJEG-1 (P-200)	32.0	35.8	65.5
NCTC11294	36.1	35.8	65.3
N-45	36.1		
BJ06-0105	36.1		64.7
740800435	36.1	36.6	65.7
4323611	36.1	36.6	65.7
760185027	36.1	35.8	65.7
760185026	36.1	35.8	65.5
760185025	36.1	36.6	
760185023	36.1	35.8	65.7
760185024	36.1	36.6	65.5
740990171	36.1	36.6	65.5
740802916	36.1	35.8	66.0
740802900	36.1	36.6	65.7
740801790	36.1	36.6	65.7
ena-yuan- GCF 001689765.1	32.0	35.8	65.5
NPDC005960	36.1	35.8	66.0

Características de los genes			
Familia de genes	Clúster de resistencia a glicopéptidos	Clúster de resistencia a glicopéptidos	Rifampicina monooxigenasa
Antibiótico diana	Vancomicina	Vancomicina	Rifampicina, rifaximina, rifanentina
Mecanismo de resistencia	Modificación de la diana del antibiótico	Modificación de la diana del antibiótico	Inactivación del antibiótico

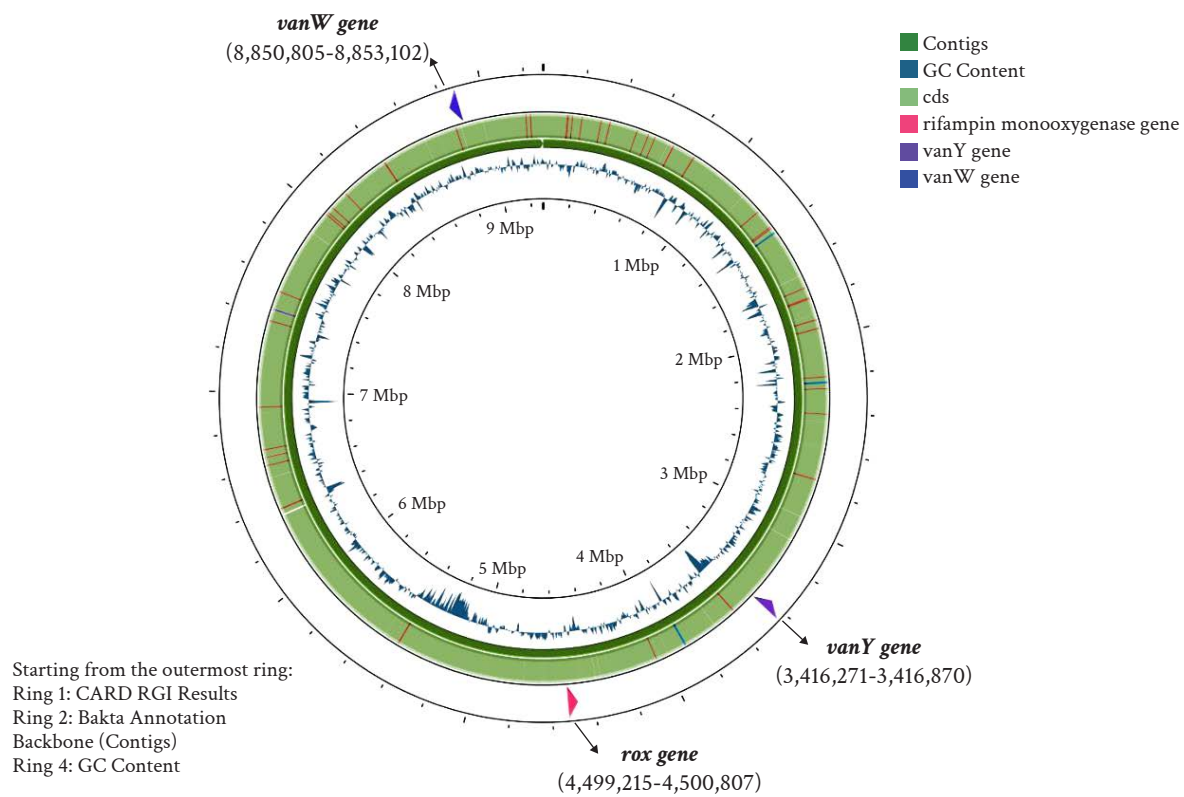


Figura 1. Localización de los genes de resistencia a los antimicrobianos en el mapa circular del genoma de la cepa 4004 de *N. brasiliensis*

H018 - Carbapenem resistance and susceptibility to new beta-lactam/ beta-lactamase inhibitor combinations in *Pseudomonas aeruginosa* and Enterobacterales in Lima, Peru

Resistencia a carbapenémicos y susceptibilidad a nuevas combinaciones de beta-lactámico/ inhibidor de beta-lactamasa en *Pseudomonas aeruginosa* y Enterobacterales en Lima, Perú

Juan Carlos Gómez de la Torre Pretel¹, Miguel Hueda Zavaleta², Luis Alvarado³, German Valenzuela⁴, Alberto La Rosa⁵, Thales Polis⁶

¹ Laboratorios Roe, jgomez@labroe.com

² Universidad Privada de Tacna, Perú, mighueda@virtual.upt.pe

³ Laboratorios Roe, lalvarado@labroe.com

⁴ MSD Peru, german.valenzuela@merck.com

⁵ MSD Peru, alberto.martin.la.rosa@merck.com

⁶ RDMA MSD, thales.jose.polis@merck.com

Keywords: Antimicrobial resistance; *Pseudomonas aeruginosa*; Enterobacteriaceae; Bloodstream infections; Respiratory tract infections.

Introduction:

Antimicrobial resistance is a global threat, especially in infections caused by gram-negative bacteria such as *Pseudomonas aeruginosa* (PsA) and enterobacterales (ENT). Intrinsic and acquired resistance mechanisms result in the need for new therapeutic options. In Peru, there is pressing need for comprehensive data about the prevalence of carbapenem resistance among PsA and ENT, as well as an understanding of the susceptibility of new antibiotics against carbapenem-resistant isolates.

Objectives:

To determine carbapenem resistance and susceptibility to ceftolozane/tazobactam and ceftazidime/avibactam in PsA and ENT at a reference laboratory in Lima, Peru. This study aims to generate local data that contributes to optimizing treatment strategies and rational use of new antibiotics.

Methods:

A cross-sectional, retrospective study was conducted using data from microbiological samples from the respiratory tract and bloodstream processed between 2017 and 2024 at Roe Laboratory, that receives samples from 34 locations distributed throughout the city. The isolates were identified using VITEK MS MALDI-TOF, and antimicrobial susceptibility was evaluated with VITEK 2 Compact. For all the isolates, the detection of carbapenemases was made using colorimetric, immune-chromatographic and molecular methods (GeneXpert®). Bacteraemia samples were also analyzed via BIOFIRE® FilmArray Blood Culture Identification 2 Panel®.

Results:

A total of 4,571 isolates were analyzed, of which 78.7% were from respiratory samples and 21.3% from the bloodstream. PsA was the most prevalent pathogen (51.39%), followed by *Klebsiella pneumoniae* (KP) (17.52%) and *Escherichia coli* (EC) (15.34%). PsA predominated in respiratory samples and EC in bloodstream. Non-susceptibility to meropenem was 57.7% in PsA, 19.8% in KP, and 2.8% in EC. See table 1 for details and figure 1 for the activity of ceftolozane/tazobactam and ceftazidime/avibactam among PsA with different resistance profiles. Among meropenem non-

susceptible PsA strains, 26.57% were carbapenemase producers, while among meropenem non-susceptible KP strains, 94.90% were carbapenemase producers. The most common carbapenemases were metallo-beta-lactamases (MBL) (95%), primarily bla-IMP and bla-VIM, with notable prevalences of bla-NDM in KP and bla-IMP in PsA.

Conclusions:

The observed high resistance to carbapenems precludes the empiric use of those antibiotics against PsA. As most carbapenem resistant PsA isolates were not carbapenemase producers, C/T represents a suitable treatment option. In contrast, most carbapenem resistant KP isolates were carbapenemase producers. MBL predominated among the carbapenemase-producing PsA and ENT strains. These findings underscore the urgent need to enhance the rational use of antibiotics to contain the rising resistance due to MBL, for which we currently have very few treatment options.

Table 1: Antimicrobial susceptibility of *Pseudomonas aeruginosa* and Enterobacterales according to sample type

Microorganism	Amikacin (%)	Ciprofloxacin (%)	Piperacillin/Tazobactam (%)	Imipenem (%)	Meropenem (%)	Colistin (%)	Ceftazidime/Avibactam (%)	Ceftolozane/Tazobactam (%)
All isolates (n = 4,571)								
<i>P. aeruginosa</i> (%)	1558/2076 (75)	1125/2290 (49.1)	1232/2288 (53.8)	935/2289 (40.8)	970/2291 (42.3)	123/126 (97.6)	939/1190 (78.9)	1563/1989 (78.6)
<i>E. coli</i> (%)	665/685 (97.1)	134/685 (19.6)	592/678 (87.3)	664/682 (97.4)	663/682 (97.2)	2/2 (100)	25/25 (100)	
<i>K. pneumoniae</i> (%)	713/795 (89.7)	295/795 (37.1)	486/767 (63.4)	633/791 (80)	634/791 (80.2)	26/30 (86.7)	17/49 (34.7)	
<i>P. mirabilis</i> (%)	98/103 (95.1)	26/103 (25.2)	84/103 (81.6)	93/94 (98.9)	102/103 (99)		1/1 (100)	
Lower respiratory tract isolates (n = 3,598)								
<i>P. aeruginosa</i> (%)	1447/1936 (74.7)	1021/2125 (48)	1124/2123 (52.9)	835/2125 (39.3)	867/2126 (40.8)	110/112 (98.2)	851/1083 (78.6)	1442/1842 (78.3)
<i>E. coli</i> (%)	255/261 (97.7)	29/261 (11.1)	215/260 (82.7)	251/261 (96.2)	250/261 (95.8)	1/1 (100)	8/8 (100)	
<i>K. pneumoniae</i> (%)	496/552 (89.9)	205/552 (37.1)	342/537 (63.7)	443/551 (80.4)	444/551 (80.6)	16/17 (94.1)	9/27 (33.3)	
<i>P. mirabilis</i> (%)	85/90 (94.4)	23/90 (25.6)	71/90 (78.9)	82/83 (98.8)	89/90 (98.9)			
Bloodstream isolates (n = 973)								
<i>P. aeruginosa</i> (%)	111/140 (79.3)	104/165 (63)	108/165 (65.5)	100/164 (61)	103/165 (62.4)	13/14 (92.9)	88/107 (82.2)	121/147 (82.3)
<i>E. coli</i> (%)	410/424 (96.7)	105/424 (24.8)	377/418 (90.2)	413/421 (98.1)	413/421 (98.1)	1/1 (100)	17/17 (100)	
<i>K. pneumoniae</i> (%)	217/243 (89.3)	90/243 (37)	144/230 (62.6)	190/240 (79.2)	190/240 (79.2)	10/13 (76.9)	8/22 (36.4)	
<i>P. mirabilis</i> (%)	13/13 (100)	3/13 (23.1)	13/13 (100)	11/11 (100)	13/13 (100)		1/1 (100)	

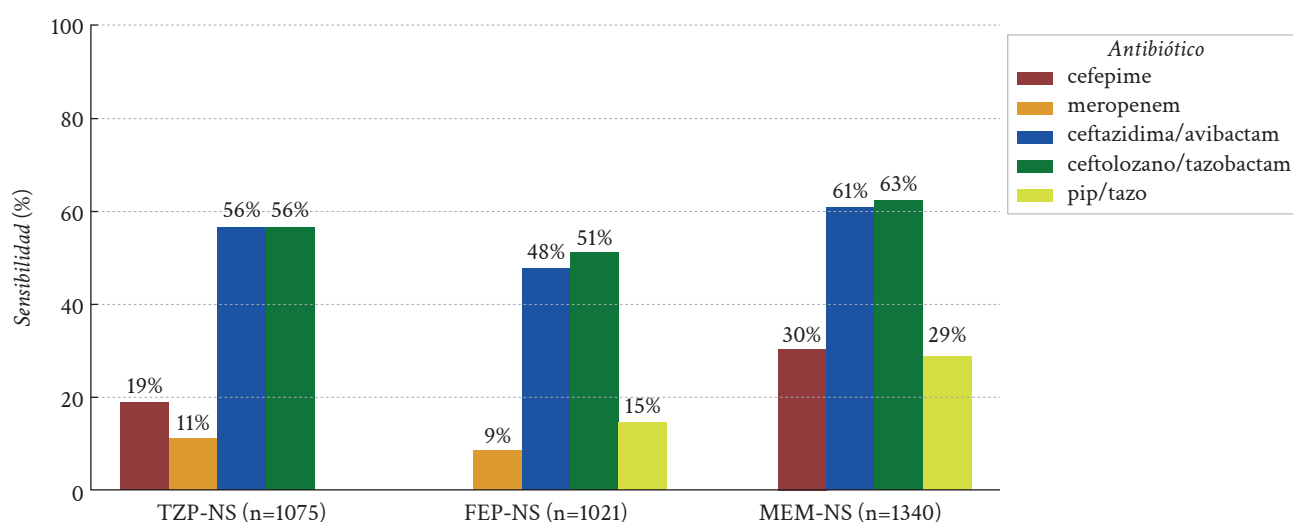


Figure 1. Susceptibility profile to major beta-lactams among isolates of *Pseudomonas aeruginosa* with non-susceptibility (NS) to piperacillin/tazobactam (TZP), ceftazidime/avibactam (FEP), and meropenem (MEM) in respiratory and bloodstream samples.

Jo06 - Impacto de la cobertura de vacunación y grupos de edad en la relación costo-efectividad y los resultados en salud pública de la vacuna contra el VPH 9-valente en Colombia

Impact of vaccination coverage and age groups on the cost-effectiveness and public health outcomes of the 9-Valent HPV vaccine in Colombia

Paula Cristina Pungartnik¹, Oscar Eduardo², Hernan Jaramillo³, Andrew Pavelyev⁴, Cody Palmer⁵, Cintia Irene Parellada⁷

¹ MSD Brazil, São Paulo, Brazil, paula.cristina.pungartnik@merck.com

² MSD Colombia, oscar.eduardo.realpe@merck.com

³ MSD Colombia, hernan.jaramillo@merck.com

⁴ HCL America Inc., Sunnyvale, CA, andrew.pavelyev@merck.com

⁵ Merck & Co., Inc., Rahway, NJ, USA, cody.palmer@merck.com

⁶ MSD (IA) LLC, Puerto Rico, juan_orengo@merck.com

⁷ MSD Brazil, São Paulo, Brazil, cintia.parellada@merck.com

Palabras clave: costo-efectividad; virus del papiloma humano; vacunación contra el VPH; Colombia; cáncer cervical

Introducción:

Colombia introdujo la vacuna VPH cuadrivalente (4vHPV) para niñas de 9-14 años en el 2012, ampliándose posteriormente a 9-17 años. En el 2023, el programa cambió a una estrategia de vacunación neutra en cuanto al género (GNV), incluyendo niños de 9 años. La VPH nonavalente (9vHPV), incluye 5 genotipos adicionales de alto riesgo, pudiendo ayudar alcanzar la meta de eliminar el cáncer de cérvix (<4 casos/100,000 mujeres).

Objetivo:

Evaluar el impacto de cambiar de 4vHPV-GNV (VPH 6/11/16/18) a 9vHPV-GNV (VPH 6/11/16/18/31/33/45/52/58) con diferentes tasas de cobertura de vacunación (VCR) y cohortes de edad en Colombia.

Métodos:

Se adaptó un modelo dinámico de transmisión de la enfermedad por VPH (Elbasha et al., 2007) para Colombia, asumiendo un esquema de dos dosis, inmunidad de por vida, cribado continuo, inmunidad de grupo, horizonte temporal de 100 años y una tasa de descuento anual del 3%. Se compararon cinco escenarios, comparando 9vHPV-GNV con la estrategia actual (4vHPV-GNV, 50% VCR para mujeres [M] y 30% para hombres [H] con 9 años): Escenario 1: 9vHPV-GNV con VCR 50M/15H, 9-17 años; Escenario 2: 9vHPV-GNV VCR 50M/15H, 9-26 años; Escenario 3: 9vHPV-GNV con VCR 80M/60H, 9-17 años; Escenario 4: 9vHPV-GNV con VCR 80M/80H, 9-17 años; Escenario 5: 9vHPV-GNV con VCR 80M/80H, 9-26 años. La costo-efectividad se evaluó calculando la razón costo-efectividad incremental (ICER) por año de vida ajustado por calidad (QALY). Un umbral menor de 1 PIB per cápita (30,740,855.52 COP [6,847.40 USD]) definió una estrategia altamente costo-efectiva.

Resultados:

Los escenarios 1 y 2 fueron ahorradores de costos y los escenarios 3, 4 y 5 altamente costo-efectivos (Tabla 1). El escenario 5 mostró los mayores beneficios para la salud y la mayor ganancia de QALY (408.77 por 100,000), pero un ICER más alto en comparación con otros escenarios. Este escenario evitó: 87,499 casos adicionales de cáncer de

cuello uterino (disminuyendo la incidencia en 85.2%), 1,4 millones de casos adicionales de CIN 2/3, 961,762 casos adicionales de verrugas genitales y 47,063 muertes adicionales. La meta de eliminación del cáncer de cuello uterino se logró en los escenarios 3, 4 y 5 (Figura 1).

Conclusiones:

El cambio a 9vHPV-GNV, con un incremento de la VCR y la expansión de las cohortes de edad, son estrategias altamente costo-efectivas, resultando en un impacto más rápido y mayor en la reducción de casos y muertes por enfermedades relacionadas con el VPH, alcanzando el objetivo de eliminación del cáncer de cuello uterino.

Tabla 1. Casos y muertes adicionales evitados de enfermedades y cánceres atribuibles al VPH con la vacunación 9vHPV (escenarios 1, 2, 3, 4 y 5) en comparación con la estrategia actual (vacunación 4vHPV) durante 100 años en Colombia.

Enfermedades atribuibles al VPH	Escenario 1 4vHPV VCR 50M/15H edad: M9-17 H9 años versus 9vHPV		Escenario 2 4vHPV VCR 50M/15H edad: M9-17 H9 años versus 9vHPV		Escenario 3 4vHPV VCR 50M/15H edad: M9-17 H9 años versus 9vHPV		Escenario 4 4vHPV VCR 50M/15H edad: M9-17 H9 años versus 9vHPV		Escenario 5 4vHPV VCR 50M/15H edad: M9-17 H9 años versus 9vHPV	
	VCR 50M/15H edad: MH 9-17 años		VCR 50M/15H edad: MH 9-26 años		VCR 80M/60H edad: MH 9-17 años		VCR 80M/80H edad: MH 9-17 años		VCR 80M/80H edad: MH 9-26 años	
	Casos evitados incrementales	Muertes evitadas incrementales	Casos evitados incrementales	Muertes evitadas incrementales	Casos evitados incrementales	Muertes evitadas incrementales	Casos evitados incrementales	Muertes evitadas incrementales	Casos evitados incrementales	Muertes evitadas incrementales
Cáncer cervical	29,547	12,117	31,175	12,921	83,762	35,245	84,628	35,573	87,499	37,011
CIN 1	84,6711	0	879,815	0	1,645,356	0	1,655,270	0	1,708,922	0
CIN 2/3	579,945	0	604,914	0	1,368,053	0	1,376,053	0	1,418,688	0
Cáncer vaginal	439	113	525	139	921	239	946	246	1,070	283
Cáncer vulvar	489	123	589	152	1,396	356	1,443	368	1,638	423
Verrugas genitales (mujeres)	2,305	0	5,331	0	334,052	0	369,734	0	392,792	0
Verrugas genitales (hombres)	7,149	0	166,56	0	394,242	0	516,899	0	568,970	0
CIN 1 relacionado con VPH 6/11	517	0	1,217	0	70,594	0	79,334	0	84,904	0
Cáncer anal (mujeres)	1,143	236	1,382	286	4,712	970	5,032	1035	5,571	1151
Cáncer anal (hombres)	532	113	738	159	3,405	725	4,080	870	4,776	1023
Cáncer de cabeza/cuello (mujeres)	71	29	156	65	2,233	860	2,425	936	2,766	1081
Cáncer de cabeza/cuello (hombres)	280	130	612	285	5,700	2,484	6,795	2974	8,051	3567
Cáncer de pene	187	55	409	122	4,937	1,333	6,101	1652	7,001	1922
RRP (mujeres)	50	2	115	5	5,382	240	6,304	280	6,798	304
RRP (hombres)	63	3	144	7	5,002	222	6,148	272	6,698	298
QALY/ 100.000	122.35		140.65		352.48		366.97		408.77	
ICER COP/QALY (USD/QALY)	Cost-saving		Cost-saving		1,523,197 (344.24)		3,145,289 (710.83)		6,397,757 (1,445.89)	

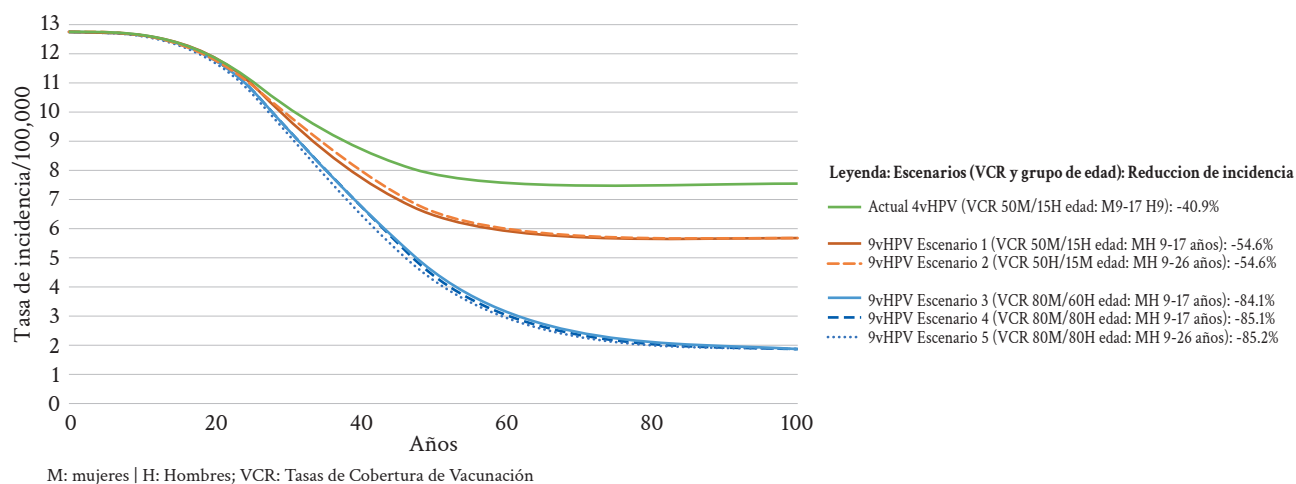


Figura 1. Reducción proyectada de la incidencia del cáncer cervical utilizando diferentes escenarios con la vacunación 9vHPV en comparación con la estrategia actual (vacunación 4vHPV) durante 100 años en Colombia.

Jo07 - Salud pública y costo-efectividad de cambiar a la vacuna 9-valente contra el VPH en Perú: impacto de la cobertura y edad ampliadas

Public health and cost-effectiveness of switching to the 9-Valent HPV vaccine in Peru: Impact of expanded coverage and age range

Paula Cristina Pungartnik¹, German Victor Velenzuela², Andrew Pavelyev³, Cody Palmer⁴, Juan Carlos Orengo⁵, Cintia Irene Parellada⁶

¹ MSD Brazil, São Paulo, Brazil, paula.cristina.pungartnik@merck.com

² MSD Peru, Lima, german.valenzuela@merck.com

³ HCL America Inc., Sunnyvale, CA, andrew.pavelyev@merck.com

⁴ Merck & Co., Inc., Rahway, NJ, USA, cody.palmer@merck.com

⁵ MSD (IA) LLC, Puerto Rico, juan_orengo@merck.com

⁶ MSD Brazil, São Paulo, Brazil, cintia.parellada@merck.com

Palabras clave: Costo-efectividad; economía de la salud; virus del papiloma humano; vacunación contra el VPH; Perú; cáncer cervical.

Introducción:

Perú introdujo la vacuna cuadrivalente contra el VPH (4vHPV) para niñas de quinto grado (10- 13 años) en el 2015; en el 2023 adoptó una estrategia de vacunación neutra en cuanto al género (GNV). El objetivo es reducir las enfermedades asociadas al VPH, principalmente el cáncer cervical a una incidencia < 4 casos/100,000 mujeres.

Objetivo:

Evaluar el impacto en la salud y el costo-efectividad de cambiar de 4vHPV-GNV (6/11/16/18) a VPH nonavalente (9vHPV-GNV; 6/11/16/18/31/33/45/52/58) en Perú, considerando mayores tasas de cobertura vacunal (VCR) y expandiendo cohortes de edad.

Métodos:

Se adaptó un modelo dinámico de transmisión de enfermedades por VPH (Elbasha et al., 2007) para Perú, utilizando datos del país, asumiendo un esquema de dos dosis, inmunidad de por vida, cribado continuo, inmunidad de grupo y horizonte temporal de 100 años. Se compararon cuatro escenarios usando 9vHPV-GNV con la estrategia actual (4vHPV-GNV 70% VCR para mujeres [M] y 30% para hombres [H] de 9-18 años): Escenario 1: 9vHPV

GNV, VCR 70M/30H, 9-18 años; Escenario 2: 9vHPV-GNV, VCR 70M/30H, 9-26 años; Escenario 3: 9vHPV-GNV, VCR 80M/60H, 9-18 años; Escenario 4: 9vHPV-GNV, VCR 80M/60H, 9-26 años. La costo-efectividad se evaluó calculando la razón de costo-efectividad incremental (ICER) por año de vida ajustado por calidad (QALY), con una tasa de descuento del 3% para costos y resultados. Un umbral < 1 PIB per cápita (29,948.97 PEN [7,906.60 USD]; 3.788 PEN = 1 USD) definió una estrategia altamente costo-efectiva.

Resultados:

Los escenarios de 9vHPV-GNV 1, 2, 3 y 4 fueron altamente costo-efectivos, demostrando un impacto en la salud pública en comparación con 4vHPV. Los escenarios 3 y 4 presentaron los mayores beneficios para la salud. Escenario 3: Evitó 55,126 casos de cáncer cervical, 1.4 millones de casos de CIN 2/3 y 22,178 muertes por cáncer asociado al VPH, ganando 200.49 QALYs/100,000. Escenario 4: Evitó 62,246 casos de cáncer cervical, 1.7 millones de casos de CIN 2/3 y 32,578 muertes por cáncer asociado al VPH, ganando 335.82 QALYs/100,000 (Tabla 1). La

eliminación del cáncer cervical se alcanzaría en aproximadamente 74-77 años después de la implementación de 9vHPV-GNV (escenarios 3 y 4) (Figura 1).

Conclusiones:

Cambiar a 9vHPV-GNV, incrementando la VCR y expandiendo las cohortes de edad, reduciría más rápida y mayormente las enfermedades asociadas al VPH, principalmente el cáncer cervical, en comparación con la estrategia actual de 4vHPV en Perú pudiendo acelerar la eliminación del cáncer cervical.

Tabla 1. Casos y muertes adicionales evitados de enfermedades y cánceres atribuibles al VPH con la vacunación 9vHPV (escenario 1, 2, 3 y 4) en comparación con la estrategia actual (vacunación 4vHPV) durante 100 años en Perú.

HPV-attributable disease	Escenario 1		Escenario 2		Escenario 3		Escenario 4	
	4vHPV: VCR 70F/30M para 9-18 años versus 9vHPV: VCR 70F/30M para 9-18 años		4vHPV: VCR 70F/30M para 9-18 años versus 9vHPV: VCR 70F/30M para 9-26 años		4vHPV: VCR 70F/30M para 9-18 años versus 9vHPV: VCR 80F/60M para 9-18		4vHPV: VCR 70F/30M para 9-18 años versus 9-18 9vHPV: VCR 80F/60M para 9-26 años	
	Casos evitados	Muertes evitadas	Casos evitados	Muertes evitadas	Casos evitados	Muertes evitadas	Casos evitados	Muertes evitadas
	incrementales	incrementales	incrementales	incrementales	incrementales	incrementales	incrementales	incrementales
Cáncer cervical	37,995	17,272	43,845	20740	55,126	19,951	62,246	29,608
CIN 1	834,420	-	893,764		1,025,747	-	1,094,711	
CIN 2/3	376,763	-	410,218		497,001	-	537,009	
Cáncer vaginal	589	134	752	175	718	164	898	210
Cáncer vulvar	383	89	532	127	530	124	703	169
Verrugas genitales (mujeres)	0	-	118,204		599,769	-	762,909	
Verrugas genitales (hombres)	0	-	112,351		834,243	-	1,010,128	
CIN 1 relacionado con VPH 6/11	0	-	5,201		23,519	-	30,671	
Cáncer anal (mujeres)	428	121	680	195	873	247	1,187	340
Cáncer anal (hombres)	431	67	431	112	747	192	982	255
Cáncer de cabeza/cuello (mujeres)	428	57	248	91	237	86	339	126
Cáncer de cabeza/cuello (hombres)	249	99	423	17	515	210	737	305
Cáncer de pene	298	87	475	142	544	161	740	223
RRP (mujeres)	0	0	2,376	113	11,925	534	15,261	692
RRP (hombres)	0	0	2,061	98	11,394	509	14,365	650
QALY (Per 100,000)	67.5		164.07		200.49		335.82	
ICER PEN/QALY (USD/QALY)	3,544 (935.54)		8,725 (2,303.22)		8,444 (2,229.04)		8,980 (2,370.54)	

3.788 PEN= 1 USD; M: mujeres | H: Hombres; CIN: Neoplasia Intraepitelial Cervical | RRP: Papilomatosis Respiratoria Recurrente

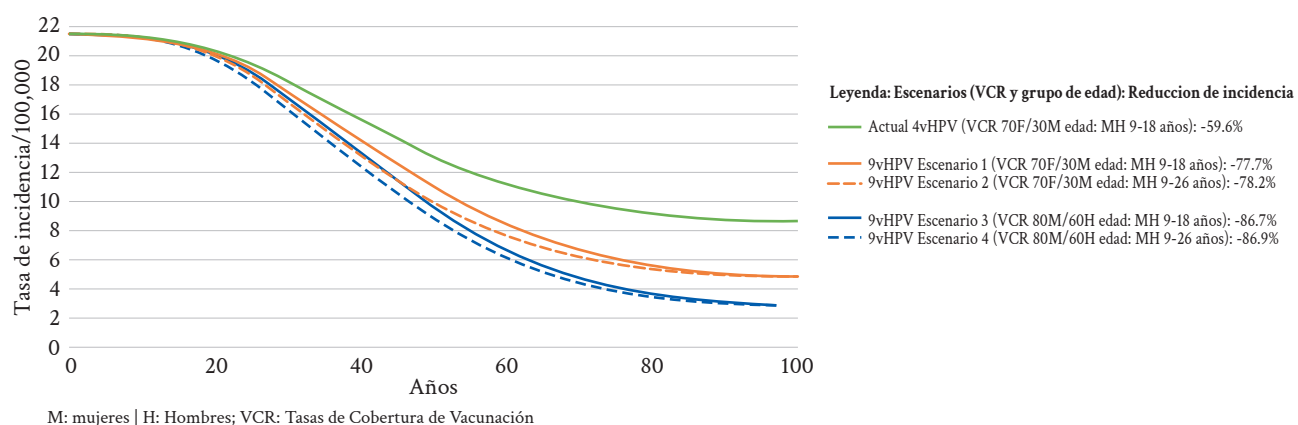


Figura 1. Reducción proyectada de la incidencia del cáncer cervical relacionado con los tipos de VPH 16/18/31/33/45/52/58 durante 100 años por escenario de 9vHPV.

A001 - Prevalencia de parasitosis intestinales en migrantes refugiados en una ciudad fronteriza de México

Prevalence of Intestinal Parasitic Infections in Refugee Migrants in a Mexican Border City

Ramsés Orlando Lara Medina¹, Gustavo Ángel Marcos Valdés², Guadalupe Rodríguez Castillejos³,
María Cristina Hernández Jiménez⁴, Ignacio Hernández Rodríguez⁵

¹ Unidad Académica Multidisciplinaria Reynosa-Aztlán, Universidad Autónoma de Tamaulipas, México, ramses.lara@uat.edu.mx

² Unidad Académica Multidisciplinaria Reynosa-Aztlán, Universidad Autónoma de Tamaulipas, México, a2153710283@uat.edu.mx

³ Unidad Académica Multidisciplinaria Reynosa-Aztlán, Universidad Autónoma de Tamaulipas, México, gcastillejos@docentes.uat.edu.mx

⁴ Unidad Académica Multidisciplinaria Reynosa-Aztlán, Universidad Autónoma de Tamaulipas, México, mhjimenez@docentes.uat.edu.mx

⁵ Unidad Académica Multidisciplinaria Reynosa-Aztlán, Universidad Autónoma de Tamaulipas, México, ihrodriguez@uat.edu.mx

Palabras clave: Emigración e inmigración, Refugiados, Parasitosis Intestinales, Medicina Tropical, Parásitos

Introducción:

Aproximadamente la mitad de la población no tiene acceso a una cobertura de salud adecuada y amplia, esta situación es aún más preocupante en la población migrante, la cual generalmente no recibe atención médica en los países de acogida. Aproximadamente el 3.5 % de la población migra a otro país de forma intencional. En los últimos años el fenómeno de migración se ha multiplicado, derivado de diversas razones sociales y económicas; este fenómeno es imposible de detener y constituye un riesgo del aumento de enfermedades en zonas donde la prevalencia era baja. Diversos estudios han mostrado la relación entre la migración y el aumento de enfermedades infecciosas en los países de acogida. Dentro de las enfermedades que se ha relacionado su aumento con la migración se encuentran la hepatitis B, enfermedad de Chagas, malaria y tuberculosis. Sin embargo, también se ha presentado un aumento de parasitosis intestinales. Dado que en la frontera norte de México hay un flujo importante de migrantes, es importante evaluar la prevalencia de parasitosis en dicha población.

Objetivo(s):

Evaluar la presencia de parasitosis intestinales en refugiados de una casa de acogida en Reynosa, Tamaulipas.

Métodos:

Se recolectaron 67 muestras de heces de individuos refugiados de una casa de acogida en la ciudad fronteriza de Reynosa en México, se analizaron por medio del método de concentración con formol-éter, adicionalmente se les solicitó el llenado de una encuesta para conocer detalles de su proceso de migración previo consentimiento informado. El presente proyecto fue aprobado por el comité de ética de la Universidad.

Resultados:

67 % de las muestras dieron positivas a algún parásito, siendo *Blastocystis* sp el parásito más prevalente seguido de *Giardia intestinalis* y *Entamoeba histolytica*; siendo más prevalentes en mujeres que en hombres. El 38 % de los participantes provenía de Guatemala y el 26% de Honduras, en menor porcentaje provenían de Nicaragua, El Salvador y Haití, no se encontró diferencia ($p < 0.05$) por el tiempo de estancia en México.

Conclusiones:

Los resultados sugieren que la población migrante que llega al norte de México tiene una alta prevalencia de parasitosis intestinales.

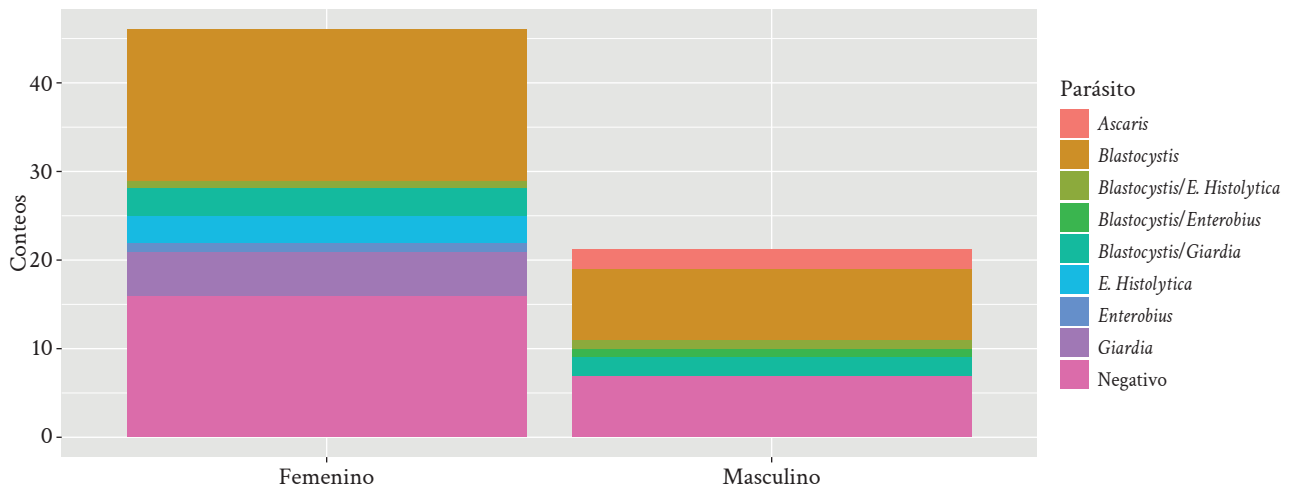


Figura 1.

A003 - A critical analysis of the dengue epidemic in Venezuela, 2024

Un análisis crítico de la epidemia de dengue en Venezuela, 2024

Alfonso J. Rodríguez-Morales^{1,2}, D. Katterine Bonilla-Aldana³, Jaime A. Cardona-Ospina^{1,4}, Rima Moghnieh⁵, Rola Husni⁵.

¹ Grupo de Investigación Biomedicina, Faculty of Medicine, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas-Institución Universitaria Visión de las Américas, Pereira, Risaralda 660003, Colombia, alfonso.rodriguez@uam.edu.co

² Faculty of Health Sciences, Universidad Científica del Sur, Lima, 4861, Peru.

³ College of Medicine, Korea University, Seoul, Republic of Korea, dbonilla@korea.ac.kr

⁴ Division of Infectious Diseases and Vaccinology, School of Public Health, University of California, Berkeley, Berkeley, CA, USA, jaime.cardona@uam.edu.co

⁵ Division of Infectious Diseases, Department of Internal Medicine, Gilbert and Rose-Marie Chagoury School of Medicine, Lebanese American University, Beirut, 1102, Lebanon, rola.husni@lau.edu.lb, rima.moghnieh@lau.edu.lb

Keywords: Dengue, surveillance, epidemiology, crisis, Venezuela.

Introduction:

Dengue epidemics in Latin America have increased significantly in recent years. Despite that, the Pan-American Health Organization (PAHO) has data up to 2024 of all countries in the Americas region, except for Venezuela (<https://bit.ly/3Yu8TFs>). The last dengue data from Venezuela was available to PAHO in 2023. Given the 2024 continental epidemic (>12 million cases), regional public health must know the epidemiology in all countries, especially Venezuela, given its socioeconomic crisis and high regional migration.

Objectives:

To assess the trends and epidemiological indicators of dengue epidemics in Venezuela.

Methods:

An analysis of dengue in Venezuela during 2024 (first 12 epidemiological weeks [EW]), with an ecological approach, was done using data from the Direction of Vector Control, Reservoirs and Harmful Fauna of the Ministry of Health (MoH) of Venezuela.

Results:

According to PAHO, between 2018 and 2022, Venezuela reported 59,118 cases. However, the MoH reported 59,217 cases in the country. In 2023, PAHO received information about 4,809 cases up to the 21st EW. That year, the MoH reported a total of 23,965 cases. In 2024, up to 12th EW, 7,377 cases have been reported (situation epidemic according to endemic channels), corresponding 63.9% of cases to dengue without warning signs, 35.4% with warning signs, and 0.65% to severe dengue. However, some states of Venezuela reported higher proportions: Apure (4.55%, 1/22), Miranda (3.58%, 30/837), Capital District (1.43%, 9/629), Yaracuy (1.35%, 3/222). 13 of 24 states are in an epidemic situation. So far, 30 deaths have been reported. All the serotypes have been detected: Miranda (DENV-1, -2, -3, -4), Merida (DENV-2, -3, -4), Tachira (DENV-2, -3, -4), and Capital District (DENV-3, -4).

Conclusions:

The Venezuelan socioeconomic crisis has strained healthcare resources, affecting multiple infectious and tropical diseases and limiting access to mosquito control, clean water, and even primary medical care. This worsens dengue epidemics as inadequate sanitation increases mosquito breeding, while shortages of medical supplies and staffing hinder effective treatment, leading to higher infection rates, severe cases, and mortality. Current analyses allow us to understand part of the ongoing dengue epidemics in Venezuela.

A004 - Dengue epidemiology in the elderly population of a Municipality in Bolívar, Colombia, 2018-2024

Epidemiología del dengue en la población adulta mayor de un municipio de Bolívar, Colombia, 2018-2024

Wilmer E. Villamil-Gómez^{1,2}, Emilso Abraham Ojeda-Martínez³, Zaida Rubiela Alfonso Tellez³, Yisel Santos-Pinillo⁴, Jose Luis Dias-Gomez⁴, Juan Pablo Hernández-Ovalle⁵, Camila Luna⁶, Alfonso J. Rodríguez-Morales^{5,6}

¹ Universidad Simón Bolívar, Centro de Investigación en Ciencias de la Vida, Barranquilla, Colombia, wilmer.villamil@unisimon.edu.co

² Grupo de Investigación Enfermedades Infecciosas y Tropicales, Universidad Simón Bolívar, Barranquilla Colombia.

³ Secretaria de Salud de Santa Rosa del Sur, Santa Rosa del Sur, Bolívar, Colombia, emilsoojeda77@yahoo.es, Bolivarzarualte@gmail.com

⁴ Maestría en Salud Pública, Universidad Simón Bolívar, Barranquilla, Colombia, yisel.pinillos@unisimon.edu.co, jdiaz@unisimon.edu.co

⁵ Program of Family Medicine Specialization, Faculty of Medicine, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas-Institución Universitaria Visión de las Américas, Pereira, Risaralda 660003, Colombia, juan.hernandez@uam.edu.co, alfonso.rodriguez@uam.edu.co

⁶ Faculty of Health Sciences, Universidad Científica del Sur, Lima, 4861, Perú, luna.camila070@gmail.com

Keywords: Dengue, Elderly population, Epidemiology, Colombia

Introduction:

Over the last few years, there has been interest in studying the impact on the elderly population, given their comorbidities and risk factors for severe dengue and negative outcomes.

Objectives:

To characterise dengue in the elder population of the municipality of Santa Rosa del Sur, department Bolívar, Colombia.

Methods:

We conducted an observational and descriptive study between 2018 and 2024 on elderly patients with serological dengue diagnosis in the municipality of Santa Rosa del Sur, department Bolívar, Colombia.

Results:

One hundred thirty-five patients older than 60 in Santa Rosa del Sur were diagnosed during the study period; however, 77.8% occurred in 2023 and 2024. The median age of the patients was 67 years old (IQR 62-74), corresponding to 59.3% of males and 40.7% of females. Male patients were slightly older (median 69 years old, IQR 64-76) than female patients (median 67, IQR 62-72) ($p=0.2228$). The time between the symptoms' starting and the consultation was a median of 4 days (IQR 3-5). All were hospitalized. In the study period, only one death occurred in this group of patients, in a female 95 years old, who died 2 days after hospitalisation.

Conclusions:

Dengue in elderly populations poses challenges due to weakened immunity and chronic conditions like diabetes and hypertension, increasing the risks of severe outcomes. Age related changes can delay diagnosis and complicate treatment. Co-morbidities heighten mortality risk, while non-specific symptoms may lead to misdiagnosis. Limited mobility and healthcare access further hinder timely care.

A005 - Relationships between morbidity from Oropouche infection and the human development index (HDI) in Brazil during the 2024 epidemic

Relación entre la morbilidad por infección por Oropouche y el índice de desarrollo humano (IDH) en Brasil durante la epidemia de 2024

Alfonso J. Rodriguez-Morales^{1,2}, D. Katterine Bonilla-Aldana³, Jaime A. Cardona-Ospina^{1,4}, Tania do Socorro Souza Chaves⁵, Pasesa Quispe⁶, Rodrigo Nogueira Angerami⁷, Jan Felix Drexler⁸

¹ Grupo de Investigación Biomedicina, Faculty of Medicine, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas-Institución Universitaria Visión de las Américas, Pereira, Risaralda 660003, Colombia, alfonso.rodriguez@uam.edu.co

² Faculty of Health Sciences, Universidad Científica del Sur, Lima, 4861, Peru.

³ College of Medicine, Korea University, Seoul, Republic of Korea, dbonilla@korea.ac.kr

⁴ Division of Infectious Diseases and Vaccinology, School of Public Health, University of California, Berkeley, Berkeley, CA, USA, jaime.cardona@uam.edu.co

⁵ Universidade Federal do Pará, Belém, Brazil, tania.chaves@uol.com.br

⁶ Departamento de Doenças Infecciosas e Parasitárias, Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP, Brazil, pasesa2@hotmail.com

⁷ Programa de Pós-Graduação em Saúde Coletiva, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP, Brazil, rodrigo.angerami@gmail.com

⁸ Charité-Universitätsmedizin Berlin, Corporate Member of Freie Universität Berlin, Humboldt-Universität zu Berlin, Institute of Virology, Berlin, Germany. German Centre for Infection Research (DZIF), Associate partner Charité-Universitätsmedizin Berlin, Berlin, Germany, felix.drexler@charite.de

Keywords: Oropouche, surveillance, epidemiology, HDI, Brazil.

Introduction:

Multiple aspects of the Oropouche epidemics during the 2024 epidemics are being explored, including clinical features and diagnostic aspects. However, socioeconomic aspects have been poorly assessed regarding epidemiologically associated factors. No studies have been published on the relationships between the human development index (HDI) and the morbidity from Oropouche.

Objectives:

To assess the relationship between Oropouche infection morbidity and Brazil's human development index (HDI) during the 2024 epidemic.

Methods:

An ecological study in Brazil and its 27 states was done using HDI data, according to the method of the United Nations Development Program (UNDP), obtained from the Brazilian Institute of Geography and Statistics (IBGE), and the cases, officially reported by the Ministry of Health of Brazil, calculating the incidence rates (cases per 100,000 pop.), Jan-Sep 2024. The variation of the incidence rate and HDI by states was assessed, and non-linear regression models (exponential) were run at Stata/MP® v.14.0.

Results:

The non-linear regression models revealed significant findings. The relationship between Oropouche incidence and HDI was found to be significant. During this epidemic, 8,174 cases of Oropouche have been reported in Brazil (4.01 cases/100,000 pop.), particularly in those states with HDI <0.750 (88%). The total number of cases was higher in states with lower HDI but was not significantly associated ($r^2=0.2122$; $p=0.0507$). Indeed, a significantly

higher incidence rate was observed in Brazilian states with lower HDI ($r^2=0.2353$; $p=0.0350$), corresponding to the country's northern region (69.9% of the cases were concentrated in this region).

Conclusions:

These findings underscore the significant influence of socioeconomic indicators such as the HDI on the Oropouche incidence in Brazil and probably in other endemic countries in Latin America, where more than 10,000 cases have been reported. Oropouche can be considered a neglected Latin American arbovirus; however, during this 2024 epidemic, for the first time, imported cases to North America and Europe have been reported, as well as with the concerns of recent fatal cases and vertical transmission possibly associated with this arboviral infection. Therefore, the need for further studies on multiple epidemiological factors of Oropouche is paramount.

A006 - Dengue Epidemiology in Children Attended in the Main Hospital of Pereira, Risaralda, Colombia, 2022-2024

Epidemiología del dengue en niños atendidos en el hospital principal de Pereira, Risaralda, Colombia, 2022-2024

Alejandro Gaviria¹, Luis F. Echeverri-Cataño^{2,3}, Jennifer Grajales-Aguirre³, Javier A. Gaviria^{3,4}, Alfonso J. Rodríguez-Morales^{2,5}

¹ Faculty of Medicine, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas-Institución Universitaria Visión de las Américas, Pereira, Risaralda 660003, Colombia, alejandro.gaviria@uam.edu.co

² Grupo de Investigación Biomedicina, Faculty of Medicine, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas-Institución Universitaria Visión de las Américas, Pereira, Risaralda 660003, Colombia, alfonso.rodriguez@uam.edu.co, luis.echeverri@uam.edu.co

³ Hospital Universitario San Jorge, Pereira, Risaralda, Colombia, Jennifer.grajales@uam.edu.co

⁴ Fundación Universitaria Autónoma de las Américas-Institución Universitaria Visión de las Américas, Pereira, Risaralda 660003, Colombia, jalejo16@gmail.com

⁵ Faculty of Health Sciences, Universidad Científica del Sur, Lima, 4861, Peru, arodriguezmo@cientifica.edu.pe

Keywords: Dengue, Children, Epidemiology, Surveillance, Colombia

Introduction:

Dengue in Latin America significantly affects children; however, in some countries, including some regions of Colombia, there is still a lack of studies, as occurs with Pereira, the capital city of the department of Risaralda.

Objectives:

To assess the dengue epidemiology in children attended in the main hospital of Pereira, Risaralda, Colombia, 2022-2024.

Methods:

We conducted an observational and descriptive study between 2022 and 2024 on children below <10 years old with a dengue diagnosis who attended the main hospital of Pereira, Risaralda, Colombia – Hospital Universitario San Jorge (HUSJ).

Results:

Three hundred eighty-eight patients with dengue were attended to in the HUSJ in the study period. From that total, 82 (21.1%) were children <10 years old. 93% of the cases in children were recorded in 2024, 5% in 2023 and 2% in 2022. The median age of the patients was 7 years old (IQR 4-8), and 32% were less than 5 years old, corresponding to 60% of males and 40% of females. Male patients were slightly older (median 7 years old, IQR 4-8) than female patients (median 6, IQR 4-8) ($p=0.3922$). Nine per cent of the children were Amerindians (Emberá Katío). Three children were migrants: one internally displaced, one in prison, and one a victim of armed violence. The time elapsed between the symptoms' starting and the consultation was a median of 4 days (IQR 2-5). 89% were hospitalized. In the study period, no deaths occurred in this group of patients.

Conclusions:

Dengue poses significant challenges for children under 10, including higher susceptibility to severe dengue. Symptoms such as high fever, dehydration, and abdominal pain are more complex to manage in young children, increasing hospitalisation risks. Misdiagnosis with common illnesses often delays treatment. Severe cases can lead to life-threatening complications, including shock syndrome. Limited pediatric care in some regions exacerbates the difficulty in providing timely and appropriate interventions.

A007 - A critical analysis of the malaria epidemic in Venezuela, 2024

Un análisis crítico de la epidemia de malaria en Venezuela, 2024

Alfonso J. Rodriguez-Morales^{1,2}, D. Katterine Bonilla-Aldana³, Jaime A. Cardona-Ospina^{1,4}, Rima Moghnieh⁵, Rola Husni⁵.

¹ Grupo de Investigación Biomedicina, Faculty of Medicine, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas-Institución Universitaria Visión de las Américas, Pereira, Risaralda 660003, Colombia, alfonso.rodriguez@uam.edu.co

² Faculty of Health Sciences, Universidad Científica del Sur, Lima, 4861, Peru.

³ College of Medicine, Korea University, Seoul, Republic of Korea, dbonilla@korea.ac.kr

⁴ Division of Infectious Diseases and Vaccinology, School of Public Health, University of California, Berkeley, Berkeley, CA, USA, jaime.cardona@uam.edu.co

⁵ Division of Infectious Diseases, Department of Internal Medicine, Gilbert and Rose-Marie Chagoury School of Medicine, Lebanese American University, Beirut, 1102, Lebanon, rola.husni@lau.edu.lb, rima.moghnieh@lau.edu.lb

Keywords: Malaria, surveillance, epidemiology, crisis, Venezuela.

Introduction:

Malaria epidemics in the Americas have been significantly reduced in the last decades. However, Venezuela's cases have been high for many years. In Venezuela, there is a lack of public information about malaria and other vector-borne diseases. Given the disease's importance and the country's situation, regional public health must know the epidemiology in all countries, especially Venezuela, given its socioeconomic crisis and migration.

Objectives:

To assess the trends and epidemiological indicators of malaria epidemics in Venezuela.

Methods:

An ecological analysis of malaria in Venezuela during 2024 (51 epidemiological weeks [EW]) was done using data from the General Direction of Environmental Health, Viceministry of Network of Collective Health, and Ministry of Health (MoH) of Venezuela.

Results:

According to PAHO, between 2015 and 2023, Venezuela reported 1,159,416 cases. In epidemiological week 51 of 2024, Venezuela reported 410 malaria cases, of which 401 were autochthonous (97.8%), and nine were imported from Colombia (1), Guyana (6), and Brazil (2). Most cases were caused by *Plasmodium vivax* (70.8%), followed by *Plasmodium falciparum* (23.2%), and 6% were mixed infections. The country has recorded a cumulative total of 89,540 cases in 2024, representing a 19.9% decrease compared to the previous year (111,739 cases in 2023). Bolívar state remains the most affected, accounting for 75.6% of the cases (303 that week). Municipalities with the highest annual parasite incidence (API) include Sifontes (637.8), Sucre (271.5), and Alto Orinoco (257). The case fatality rate is low at 0.0123%, with 11 deaths reported in the year, compared to 12 in 2023. Malaria predominantly affects men (63.4%) and the 10–39 age group (63.51%). Around 11.68% of cases have been detected in children under 10 years old, suggesting indoor transmission. A total of 10,205 relapse cases have been identified, representing a 32.9% reduction compared to 2023. There was a 34% decrease in cases among pregnant women, reaching 659. Although the total number of cases has declined, some states have reported increases, such as Lara (+18000%), Apure (+58%), and Falcón (+12.3%).

Conclusions:

The Venezuelan socioeconomic crisis has strained healthcare resources, affecting multiple infectious and tropical diseases and limiting access to mosquito control, clean water, and even primary medical care. This worsens malaria epidemics as inadequate sanitation increases mosquito breeding, while shortages of medical supplies and staffing hinder effective treatment, leading to higher infection rates, severe cases, and mortality. Current analyses allow us to understand part of the ongoing malaria epidemics in Venezuela.

A008 - Mefloquina en malaria pediátrica: efectos adversos del uso *off-label*

Mefloquine in Pediatric Malaria: Adverse Effects of Off-Label Use

Alarcón Cesar Danna Ixchel¹, Arenas Alonso Azul², Carolina Sánchez Sánchez³

¹ Universidad de la Salud del Estado de Puebla, alarcondanna99@gmail.com

² Universidad de la Salud del Estado de Puebla, arenas.azulita@gmail.com

³ Universidad de la Salud del Estado de Puebla, carolina.sanchez9117@gmail.com

Palabras clave: Malaria pediátrica, Mefloquina, Tratamiento off-label, Efectos adversos

Introducción

La malaria es una enfermedad transmitida por mosquitos del género *Anopheles*, siendo *Plasmodium falciparum* el principal causante de casos graves en niños menores de 5 años, debido a su sistema inmunológico inmaduro y sigue siendo una de las principales causas de muerte infantil. En 2021, se registraron 247 millones de casos, con un 77% de las muertes en África. A pesar de los avances médicos, la mortalidad sigue influenciada por factores ambientales y socioeconómicos.

El tratamiento de la malaria depende de la especie de *Plasmodium* y la resistencia del parásito. Los fármacos más utilizados incluyen artemisininas y cloroquina en zonas sin resistencia y, a causa de su elevada mortalidad, se han buscado alternativas para su tratamiento principalmente en poblaciones pediátricas.

Objetivo

Recabar información sobre el uso off-label de la mefloquina en niños menores de cinco años como tratamiento para la malaria y sus efectos adversos.

Métodos

Se realizó una revisión bibliográfica en PubMed, Scopus y ScienceDirect, usando los términos clave “Malaria pediátrica”, “Mefloquina”, “Tratamiento off-label” y “Efectos adversos”. Se identificaron 48 artículos a los cuales se les aplicaron criterios de inclusión y de exclusión, para finalmente seleccionar 10 artículos relevantes para el análisis.

Resultados

Los tratamientos para la malaria varían según la resistencia del parásito; en algunos casos, se ha utilizado mefloquina de manera off-label. Aunque efectiva contra la malaria, su uso puede causar efectos adversos graves como psicosis, alucinaciones, mareos y convulsiones, que pueden persistir semanas tras la suspensión del tratamiento. A nivel hepático, se observó elevación de enzimas hepáticas y riesgo de insuficiencia en tratamientos prolongados. También puede provocar alteraciones cardíacas, como bradicardia y arritmias, aumentando el riesgo de eventos cardiovasculares.

Al considerarse off-label, carece de estudios suficientes que respalden su seguridad y eficacia en niños, aunque se desaconseja en menores de 5 años. Su uso en adultos no representa el mismo riesgo. Debido a estos efectos, la mefloquina solo podría considerarse en situaciones específicas.

Conclusiones

El uso de medicamentos off-label en pediatría tiene un impacto principalmente negativo, ya que, aunque efectivos contra la malaria, pueden causar graves efectos secundarios en distintos sistemas del cuerpo. Es crucial realizar más investigaciones para evaluar su seguridad y minimizar riesgos, priorizando la protección de la población infantil, la más vulnerable ante la enfermedad y sus tratamientos.

A009 - Análisis bibliométrico de la producción científica sobre arbovirosis de notificación obligatoria en el Perú

Bibliometric Analysis of Scientific Production on Notifiable Arboviral Diseases in Peru

Kelly Beatriz Broncano Rivera¹, Carlos Heber Contreras Pizarro², Andrea Astete Salazar³,
Claudia Lorena Berrú Chavarria⁴

¹ Facultad de Medicina, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú, kelly.broncano@unmsm.edu.pe

² Facultad de Medicina, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú, carlos.contreras2@unmsm.edu.pe

³ Facultad de Medicina, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú, andrea.astete@unmsm.edu.pe

⁴ Facultad de Medicina, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú, claudia.berru1@unmsm.edu.pe

Palabras clave: Bibliometría; Infecciones por Arbovirus; Perú; Salud Pública

Introducción:

Las arbovirosis son un problema de salud pública en las Américas y se han establecido como una prioridad nacional de investigación en el Perú. Sin embargo, no se han encontrado estudios que caractericen el estado actual de su investigación en el país. Mediante el análisis bibliométrico se pueden identificar tendencias y puntos críticos, lo que permitirá conocer la dinámica de investigación en el área.

Objetivo:

Caracterizar la producción científica sobre arbovirosis de notificación obligatoria en el Perú, mediante indicadores bibliométricos de producción, colaboración e impacto.

Métodos:

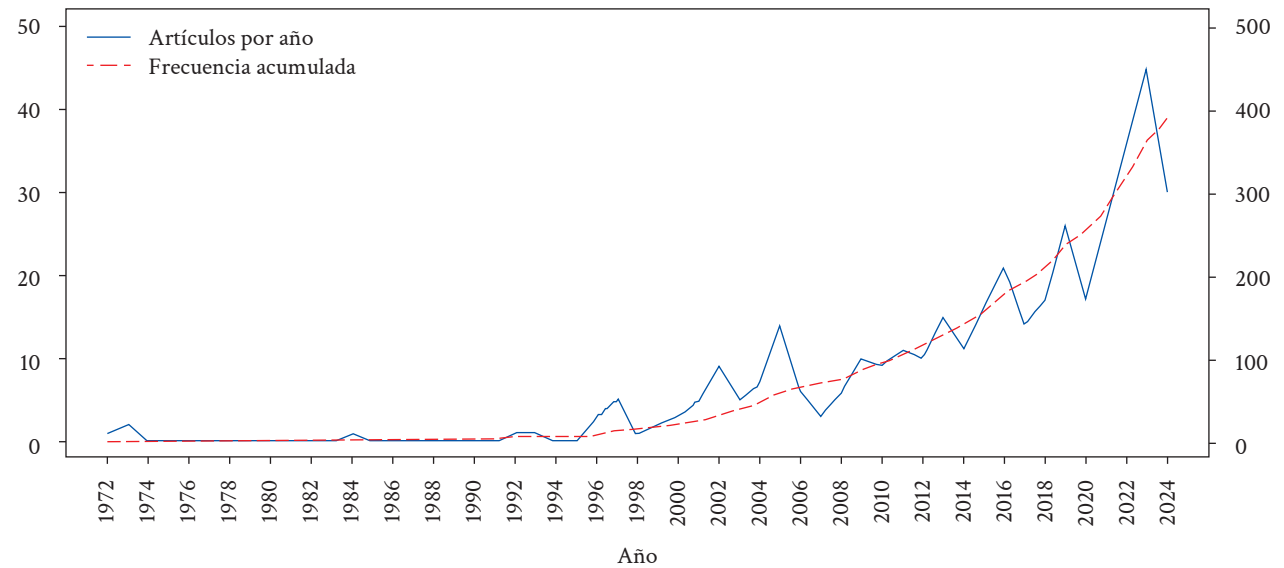
Se realizó un estudio bibliométrico en las bases de datos Scopus y LILACS. Se incluyeron los artículos publicados hasta el 30 de octubre del 2024, que contenían por lo menos un autor con filiación institucional peruana, y en la que se abordaron una o más arbovirosis de notificación obligatoria en el Perú (dengue, zika, chikungunya, fiebre amarilla, enfermedad de Mayaro y enfermedad por el virus Oropuche), así como sus vectores. El análisis estadístico se realizó con los programas Microsoft Excel 2016 y RStudio.

Resultados:

Se incluyeron un total de 390 artículos, publicados en el periodo 1972-2024, siendo 2023 el año con mayor producción científica (n=45, 11.5%). La arbovirosis más abordada fue el dengue (n=234, 60%), seguido del vector *Aedes aegypti* (n=74, 18.9%). En 245 artículos (62.8%), la investigación fue liderada por un autor con filiación institucional peruana. La institución peruana con la mayor cantidad de artículos fue el Instituto Nacional de Salud del Perú (n=69, 17.6%). Asimismo, las instituciones extranjeras con mayor presencia en los artículos fueron la Unidad de Investigación Médica Naval de los Estados Unidos (n=140, 35.8%) y la Universidad de California (n=72, 18.4%). El artículo más citado fue *The Role of Human Movement in the Transmission of Vector-Borne Pathogens*, con un total de 402 citas. Las revistas con mayor número de publicaciones fueron la *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública* (n=59, 15.1%) y *PLoS Neglected Tropical Diseases* (n=40, 10.2%).

Conclusiones:

La producción científica peruana sobre arbovirosis de notificación obligatoria sigue una tendencia creciente en el periodo estudiado, con un predominio de las publicaciones sobre el dengue y su principal vector, *Aedes aegypti*. En más de la mitad de los artículos, el primer autor tuvo una filiación institucional peruana; asimismo, se evidencia una considerable colaboración con instituciones extranjeras.



Fuente: Scopus y LILACS

Figura 1. Producción científica sobre arbovirosis de notificación obligatoria en el Perú, de 1972 al 30 de octubre del 2024.

Tabla 1. Las 10 instituciones con la mayor producción científica sobre arbovirosis de notificación obligatoria en el Perú, periodo 1972- 30 de octubre del 2024

Institución	n° de artículos (%) N=390
Unidad de Investigación Médica Naval, Estados Unidos	140 (35.9%)
Universidad de California, California, Estados Unidos	72 (18.5%)
Instituto Nacional de Salud, Perú	69 (17.7%)
Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú	47 (12.1%)
Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú	39 (10%)
Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas, Perú	31 (7.9%)
Universidad Tulane, Nueva Orleans, Estados Unidos	30 (7.7%)
Universidad Estatal de San Diego, California, Estados Unidos	24 (6.2%)
Universidad Emory, Georgia, Estados Unidos	23 (5.9%)
Universidad Científica del Sur, Perú	23 (5.9%)

Fuente: Scopus y LILACS

A010 - Tendencia de casos de Loxoscelismo en el Hospital Santa Rosa 2016 al 2024

Trend of Loxoscelism Cases at Santa Rosa Hospital from 2016 to 2024

Maria Isabel Dedios Alegria¹, Clariza Edith Biminchumo Sagastegui², Evelyn Betsabe Cosser Huertas³, Diana Elizabeth Calle Jacinto de Guillen⁴, Martha Elena Saenz Farfan⁵, Sandra Marivel Pampa Miramira⁶, Max Nicolas Molina Dedios⁷

¹ Hospital Santa Rosa, Perú, maisdeal@yahoo.com

² Hospital Santa Rosa, Perú, clarizabs2014@hotmail.com

³ Hospital Santa Rosa, Perú, ecosser@hsr.gob.pe

⁴ Hospital Santa Rosa, Perú, diana.calle.j@upch.pe

⁵ Hospital Santa Rosa, Perú, marthaelenasaenzfarfan@gmail.com

⁶ Hospital Santa Rosa, Perú, spm_ariana@hotmail.com

⁷ Universidad de Piura, Perú, max.molina.d@alum.udep.edu.pe

Palabras clave: Loxoscelismo, Mordedura araña, suero antiloxoscélico

Introducción:

El accidente de mordedura de araña por *Loxosceles* es una emergencia que requiere una atención inmediata, no hay pruebas de laboratorio para su confirmación, tiene una amplia distribución geográfica, el presente estudio buscó determinar la tendencia de los casos de accidente por mordedura de araña *Loxosceles* y las características del grupo poblacional más afectado.

Objetivo(s):

El objetivo del trabajo fue determinar la frecuencia y tendencia de los casos de mordedura de araña *Loxosceles* y las características demográficas en pacientes atendidos en el Hospital Santa Rosa.

Métodos:

Se realizó un estudio descriptivo, transversal longitudinal retrospectivo, en pacientes atendidos por mordedura de araña *Loxosceles* en el Hospital Santa Rosa, en la ciudad de Lima, Perú, entre los años 2016 al 2024, las variables de estudio fueron sexo, edad, distrito de procedencia. Se realizaron medidas de tendencia central, tablas de frecuencia.

Resultados:

Los casos de mordeduras de arañas *Loxosceles* presentó una tendencia a la disminución. En los últimos 9 años con el mayor número de casos el 2017 (6 casos) y ningún caso el 2024, no hubo ningún caso el 2021 y el 2022 (Durante la pandemia de COVID-19), el 100% requirió suero antiloxoscélico, la proporción de hombres / mujeres fue de 15/9, el 87.5% fueron adultos y el 12.5% fueron niños, el rango de edad fue de 3 a 75 años, la edad media fue de 43 años, la edad media de los adultos fue de 48 años y en los niños de 4.3 años, el distrito de mayor procedencia de casos fue Jesús María 4 y Pueblo Libre 3, la mayor parte de accidentes de mordedura de araña ocurrió en los meses de mayor temperatura, febrero 7 casos, enero 3 casos y octubre 3 casos.

Conclusiones:

La mordedura de araña es un problema de salud latente, con una tendencia a la disminución del número de casos en los últimos 9 años en el Hospital Santa Rosa, afectando principalmente a la población adulta, varones y con mayor número de casos en los meses de enero y febrero durante el verano y al inicio de la primavera en octubre.

A014 - Estandarización de una RT-PCR en tiempo real para la detección del virus Marituba (MTBV)

Standardization of a Real-Time RT-PCR for the Detection of Marituba Virus (MTBV)

Alexander Roberto Ramirez Montes¹, Xiomara Merino Merino², Jaide Sierra Aroni³, Michael Talledo Albujar⁴, Francesca Falconi Agapito⁵

¹ Unidad de Epidemiología Molecular, Grupo de Investigación en Virología, Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, alexander.ramirez@upch.pe

² Unidad de Epidemiología Molecular, Grupo de Investigación en Virología, Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, xiomara.merino@upch.pe

³ Unidad de Epidemiología Molecular, Grupo de Investigación en Virología, Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, jaide.sierra@upch.pe

⁴ Unidad de Epidemiología Molecular, Grupo de Investigación en Virología, Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, michael.talledo.a@upch.pe

⁵ Unidad de Epidemiología Molecular, Grupo de Investigación en Virología, Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, francesca.falconi@upch.pe

Palabras clave: virus Marituba, diagnóstico molecular, *Orthobunyavirus* grupo C, arbovirus, virus emergentes, síndrome febril indiferenciado

Introducción:

El virus Marituba (MTBV) es un arbovirus del género *Orthobunyavirus*, con genoma de ARN de sentido negativo segmentado (S, M y L). Los *Orthobunyavirus* están asociados con brotes de enfermedad febril en humanos, como el virus Oropouche, responsable de múltiples brotes en América Central y del Sur, incluyendo el del 2024 con más de 12,000 casos. Esto subraya el potencial epidémico de MTBV, detectado en pacientes febriles en Perú y Brasil. Actualmente no existen métodos de detección molecular para MTBV, lo que limita su vigilancia y estudio epidemiológico. El frecuente reordenamiento genético en *Orthobunyavirus* puede incrementar su virulencia. El segmento M es el más variable, pues es el que se reordena; mientras que los segmentos S y L son más conservados. Un PCR múltiplex dirigido a los segmentos M y S o L de MTBV permitiría identificar tanto al virus clásico como a sus variantes reordenadas, clave en brotes.

Objetivo(s):

Estandarizar una RT-PCR en tiempo real para la detección del MTBV dirigida a los segmentos M y L.

Métodos:

Se diseñaron y validaron primers dirigidos al segmento M y L de MTBV empleando secuencias del NCBI. Su especificidad *in silico* se evaluó mediante BLAST. Para la estandarización se usó como muestra de referencia un plásmido con los amplicones de los segmentos M y L. Las PCRs se realizaron en el Roche LightCycler 480 II utilizando el kit iTaq™ Sybr Green One- Step (Bio-Rad). La optimización de la PCR incluyó la evaluación de temperaturas de hibridación/extensión y concentraciones de primers. Se determinó la eficiencia (E) y el coeficiente de determinación (R^2) mediante curvas estándar. Mediante una regresión probit se estimó la sensibilidad y el límite de detección de la prueba. Posteriormente, se analizarán 100 muestras de ARN extraído de suero de pacientes febriles de Yurimaguas e Iquitos, Loreto, Perú; seleccionados por conveniencia. Se utilizarán herramientas estadísticas como regresión lineal, desviación estándar y la prueba T-student. Las muestras cuentan con aprobación del Comité de Ética de la Universidad Peruana Cayetano Heredia (N° 101480) para su uso futuro.

Resultados:

Se optimizó la PCR para el segmento M. La optimización para el segmento L y la determinación del desempeño de la prueba están en proceso.

Conclusiones:

La estandarización de una RT-qPCR para detectar MTBV y sus variantes reordenadas fortalecerá la capacidad de vigilancia molecular de patógenos responsables del Síndrome febril indiferenciado, permitiendo una detección rápida, precisa y oportuna ante posibles brotes.

A015 - Comparación de tres sistemas de aplicación de PCR en tiempo real para la detección del virus Mayaro

Comparison of Three Real-Time PCR Systems for Mayaro Virus Detection

Jaide C. Sierra Aroni¹, Xiomara Merino Merino², Michael Talledo Albújar³, Francesca Falconi Agapito⁴

¹ Unidad de Virología, Unidad de Epidemiología Molecular, Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú. Universidad Nacional Federico Villarreal, Perú, jaide.sierra@upch.pe

² Unidad de Virología, Unidad de Epidemiología Molecular, Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, xiomara.merino@upch.pe

³ Unidad de Virología, Unidad de Epidemiología Molecular, Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, michael.talledo.a@upch.pe

⁴ Unidad de Virología, Unidad de Epidemiología Molecular, Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, francesca.falconi@upch.pe

Palabras clave: Mayaro, Detección Molecular, RT-PCR en tiempo real, síndrome febril indiferenciado

Introducción:

El virus de Mayaro (MAYV) causa la enfermedad llamada fiebre de Mayaro, con signos y síntomas similares al dengue, Zika, chikungunya y fiebre amarilla. En el Perú, se han reportado brotes esporádicos en zonas rurales y selváticas, convirtiéndose en potencial riesgo para salud pública, por lo que su vigilancia en individuos febriles es justificada. MAYV y el virus de chikungunya están dentro del complejo Semliki Forest, complicando su detección serológica debido a la reactividad cruzada. En este contexto, la detección molecular representa una alternativa más sensible y específica. Existen diferentes sistemas de detección molecular dirigidos a las regiones nsP1 y E1, como el de Mourão et al. (2012) (PCR- MOURAO), recomendado por la Organización Panamericana de la Salud (OPS) de Naveca et al. (2017) (PCR-OPS) y el sistema combinado de Naveca y Silveira-Lacerda et al. (2021) (PCR-SILVEIRA&NAVECA), sin embargo; la comparación del desempeño de estos tres sistemas aún no ha sido evaluada.

Objetivo(s):

Evaluar el desempeño de estos tres sistemas de PCR en tiempo real para la detección de MAYV en términos de especificidad, eficiencia y sensibilidad.

Métodos:

Se realizó un análisis *in silico* de los cebadores utilizando BLAST para determinar la especificidad. Los PCRs fueron realizados en el Roche LightCycler 480-II empleando el kit iTaq™ Sybr green One-Step (Biorad). Se optimizaron las condiciones del RT-PCR utilizando como control un cultivo celular de MAYV, variando concentraciones de primers y temperatura de annealing. Se determinó la eficiencia y rendimiento (R^2). Para calcular el límite de detección y establecer la sensibilidad se realizó una regresión probit. Para evaluar la especificidad se analizaron muestras de los virus chikungunya, oropouche, Marituba, los serotipos 1-4 de dengue, Zika y fiebre amarilla. En base a estos parámetros, se seleccionaron dos sistemas con mejor desempeño para compararlo con el PCR-OPS. Se emplearán 100 muestras de RNA extraído de suero de pacientes febriles negativas a dengue, Zika, chikungunya y fiebre amarilla por RT-PCR. Las muestras tienen la aprobación del Comité de Ética Institucional de la Universidad Peruana Cayetano Heredia (N° 101480) para el uso secundario.

Resultados:

Los sistemas descritos mostraron 100% de especificidad en el análisis *in silico* y con los RT- PCRs. El sistema PCR-OPS y PCR-SILVEIRA&NAVECA mostraron el mejor rendimiento, con una eficiencia de 93.4% y un R^2 superior a 0.99. El análisis de las muestras de pacientes febriles con los sistemas PCR-OPS y PCR-SILVEIRA&NAVECA, está en proceso.

Conclusiones:

Los sistemas PCR-SILVEIRA&NAVECA y PCR-OPS mostraron tener una buena eficiencia y rendimiento.

Tabla 1. Evaluación *IN-SILICO* de los primers de los sistemas

Secuencias	Región objetivo	Tamaño de amplicón	Valor E		Porcentaje de similitud		Cobertura	
			Min	Máx	Min	Máx	Min	Máx
PCR-OPS (5'→3')								
MAYV_FNF: CACGGACMTT TTTGCCTTCA	nsP1	59 pb	1.1	1.1	100%	100%	100%	100%
MAYV_FNR: AGACTGCCAC CTCTGCTKGA G			4.00 E-03	1.00 E-05	100%	100%	90.48 %	95.24 %
PCR-Mourão (5'→3')								
MAYV_FNS: CCTTTATGTG GGGAGGTGC	E1	202 pb	1.00 E-04	8.00 E-06	100%	100%	95%	100%
MAYV_FNAS: CATGGTCACC GTTACATAC G			2.00 E-06	2.00 E-06	100%	100%	100%	100%
PCR- SILVEIRA& NAVECA (5'→3')								
F: GACGACCTGC AGTCAGTGAT	nsP1	96 pb	8.00 E-06	8.00 E-06	100%	100%	100%	100%
MAYV_FNR: AGACTGCCAC CTCTGCTKGA G			4.00 E-03	1.00 E-05	100%	100%	90.48 %	95.24 %

Tabla 2. Determinación de la eficiencia y rendimiento de los tres sistemas de primers para el virus Mayaro

	PCR-OPS	PCR-MOURAO	PCR- SILVEIRA& NAVECA	Rango aceptable
Pendiente	3.4901	2.725	3.4906	-3.58 a -3.10
Eficiencia (E)	93.4%	133%	93.4%	90-110%
Rendimiento (R ²)	0.9992	0.9619	0.9997	>0.99

A017 - Factores poblacionales y del sistema de salud asociados a la mortalidad y letalidad por dengue: un estudio ecológico en Perú

Population and Health System Factors Associated with Dengue Mortality and Case Fatality: An Ecological Study in Peru

Gustavo Tapia-Sequeiros¹, Milagros Garcia-Cordova², Marisella Chumán-Sánchez³, Ruth Valera-Palli⁴, Victor Roman-Lazarte⁵

¹ Universidad Privada de Tacna, Tacna, Perú, gtapseq@gmail.com

² Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, Amazonas, Perú, milagroslizbethg@gmail.com

³ Universidad de San Martín de Porres - Filial Norte, Chiclayo, Perú, marisellachuman@gmail.com

⁴ Universidad Nacional del Altiplano Puno, Puno, Perú, meryvalp@gmail.com

⁵ Instituto Nacional de Salud del Niño San Borja, Lima, Perú, victor.md.1998@gmail.com

Palabras clave: Dengue; Infecciones por Arbovirus, *Aedes aegypti*, Mortalidad (DeCS)

Introducción:

El dengue es causado por un virus ARN que se transmite principalmente mediante la picadura del mosquito *Aedes aegypti*. Afecta principalmente a países con áreas tropicales y subtropicales, siendo Perú uno de los países de la región de las Américas con mayor prevalencia. Las estrategias del gobierno peruano para contrarlar el dengue están enfocadas principalmente en evitar la propagación del vector, sin embargo, también es necesario identificar las condiciones de vida de la población y las deficiencias en el sistema sanitario asociadas a dicha enfermedad.

Objetivo(s):

Explorar los factores sociodemográficos poblacionales y del sistema de salud asociados a la mortalidad y letalidad por dengue.

Métodos:

Se realizó un estudio transversal ecológico, tomando como unidad de análisis los distritos con al menos un caso de dengue entre el 1 de enero del 2023 y el 31 de diciembre del 2024. Las variables sociodemográficas y del sistema de salud fueron recolectadas de plataformas del gobierno peruano con acceso abierto. Se calculó razones de tasas de mortalidad y letalidad por 100 mil habitantes. Se utilizó el índice de Moran para evaluar la autocorrelación espacial de la mortalidad y letalidad según la ubicación de los distritos. Por último, se utilizó modelos mixtos multinivel para variables con respuestas de conteo para evaluar la asociación.

Resultados:

Durante el periodo de estudio, 634 distritos notificaron al menos un caso de dengue. Se registró una tasa total de mortalidad de 2.83 por 100 mil habitantes y de letalidad de 132.28 por 100 mil casos. La tasa de mortalidad se asoció a la proporción de casos graves (RTMa: 1.14; IC 95%: 1.07 - 1.16), tasa de urbanismo (RTMa: 1.02; IC 95%: 1.01 - 1.03) y número de establecimientos de primer nivel de atención (RTMa: 0.13; IC 95%: 0.06 - 0.25). La tasa de letalidad se asoció a la tasa de dependencia (RTL: 0.85; IC 95%: 0.84 - 0.86) y al número de establecimientos de primer nivel de atención (RTL: 0.56; IC 95%: 0.49 - 0.65).

Conclusiones:

La tasa de mortalidad y letalidad por dengue se asociaron a variables poblacionales y del sistema de salud. Es necesario implementar medidas que mejoren la calidad de vida de la población y faciliten el acceso a la atención sanitaria.

Tabla 1. Razón de las tasas de mortalidad de los distritos del Perú con casos de dengue.

Variables	Tasa de mortalidad			
	RTMc	IC 95%	RTMa	IC 95%
Proporción de casos de dengue grave	1.11	1.11 - 1.16	1.14	1.07 - 1.16
Proporción de hombres	1.00	1.00 - 1.00	-	-
Tasa de urbanismo	1.03	1.02 - 1.04	1.02	1.01 - 1.03
Tasa de dependencia	0.97	0.95 - 1.00	1.02	0.99 - 1.05
Tasa de analfabetismo	0.85	0.82 - 0.89	0.95	0.88 - 1.02
Incidencia de pobreza monetaria	0.96	0.95 - 0.97	1.02	0.99 - 1.05
Índice de desarrollo humano	1.02	1.01 - 1.04	0.98	0.96 - 1.01
Número de establecimientos de primer nivel de atención por 1000 habitantes	0.15	0.09 - 0.24	0.13	0.06 - 0.25
Número de médicos por 1000 habitantes	1.21	1.05 - 1.40	2.39	1.86 - 3.07
Tiempo promedio de viaje para acceder a la atención en salud	1.02	0.98 - 1.07	-	-
Tiempo promedio desde el horario de una cita médica hasta la visita médica	0.97	0.94 - 1.00	-	-

RTMc: Razón de tasas de mortalidad crudo; RTMa: Razón de tasas de mortalidad ajustado por la proporción de casos de dengue grave, tasa de urbanismo, tasa de dependencia, tasa de analfabetismo, incidencia de pobreza monetaria, índice de desarrollo humano, número de establecimientos de primer nivel de atención y número de médicos por 1000 habitantes.

Tabla 2. Razón de las tasas de letalidad de los distritos del Perú con casos de dengue.

Variables	Tasa de letalidad			
	RTLc	IC 95%	RTL a	IC 95%
Proporción de casos de dengue grave	1.00	1.00 - 1.00	1.01	1.00 - 1.02
Proporción de hombres	1.00	1.00 - 1.00	-	-
Tasa de urbanismo	1.01	1.01 - 1.02	1.02	1.01 - 1.02
Tasa de dependencia	0.82	0.82 - 0.83	0.85	0.84 - 0.86
Tasa de analfabetismo	1.01	1.01 - 1.02	1.15	1.14 - 1.18
Incidencia de pobreza monetaria	1.05	1.05 - 1.06	0.95	0.90 - 1.00
Índice de desarrollo humano	1.03	1.02 - 1.03	1.03	1.02 - 1.04
Número de establecimientos de primer nivel de atención por 1000 habitantes	0.88	0.79 - 0.97	0.56	0.49 - 0.65
Número de médicos por 1000 habitantes	0.99	0.96 - 1.02	-	-
Tiempo promedio de viaje para acceder a la atención en salud	0.97	0.96 - 0.97	0.93	0.84 - 1.02
Tiempo promedio desde el horario de una cita médica hasta la visita médica	0.99	0.99 - 1.00	-	-

RTLc: Razón de tasas de letalidad crudo; RTL a: Razón de tasas de letalidad ajustado por la proporción de casos de dengue grave, tasa de urbanismo, tasa de dependencia, tasa de analfabetismo, incidencia de pobreza monetaria, índice de desarrollo humano, número de establecimientos de primer nivel de atención por 1000 habitantes y tiempo promedio de viaje para acceder a un establecimiento de salud.

A018 - Análisis bibliométrico de la producción científica latinoamericana en revistas de enfermedades infecciosas indizadas en Scopus (2013-2024)

Bibliometric Analysis of Latin American Scientific Production in Infectious Disease Journals Indexed in Scopus (2013–2024)

Jose D. Andrade-Saavedra¹, Milene Fernanda Villarreal Jara², Renzo Fernando Alva Figueroa³, Mario E. Díaz-Barrera⁴, Josmel Pacheco-Mendoza⁵

¹ Universidad Privada Antenor Orrego, Trujillo, Perú, jandrades1@upao.edu.pe

² Universidad Privada Antenor Orrego, Trujillo, Perú, mvillarrealj2@upao.edu.pe

³ Universidad Privada Antenor Orrego, Trujillo, Perú, ralvaf1@upao.edu.pe

⁴ NOVA Evidence Research Group, Trujillo, Perú, m3diazbarrera@gmail.com

⁵ Universidad Científica del Sur, Lima, Perú, jpachecom@cientifica.edu.pe

Palabras clave: Bibliometría, Infectología, Medicina Tropical, América Latina

Introducción

Las enfermedades infecciosas (EI) afectan principalmente a las poblaciones vulnerables de Latinoamérica y el Caribe, donde factores socioeconómicos y ambientales agravan su impacto. Aun con la existencia de registros mundiales como el *Global Burden of Disease 2021* (GBD), la aplicación de los estudios bibliométricos permite identificar patrones de investigación y de esa forma podría fortalecer las políticas en salud pública. En Colombia (2000-2009), el 43% de las publicaciones sobre EI se enfocaron en enfermedades tropicales; sin embargo, la pandemia de COVID-19 destacó la relación crítica entre la inversión en salud (2.4% del PIB promedio regional) y la necesidad de información epidemiológica para optimizar recursos y mejorar la respuesta sanitaria.

Objetivo:

Analizar bibliométricamente la producción científica Latinoamericana sobre enfermedades infecciosas publicadas en Scopus.

Metodología:

Se seleccionaron las 436 revistas del área temática de “Enfermedades Infecciosas” en Scopus. Se obtuvieron los ISSN y se restringió la búsqueda a los países latinoamericanos. Se aplicó el filtro de años para el período 2013–2024. Se usó Scival y Vos Viewer para procesar los resultados. Se emplearon indicadores bibliométricos de producción científica y colaboración para los principales países.

Resultados:

Se encontraron 1,118,358 documentos, publicados desde 1904 hasta la actualidad. Únicamente 78,071 documentos (6.98%) fueron publicados por autores latinoamericanos. No se encontraron resultados para El Salvador, Granada, Guyana y Surinam. Los documentos correspondientes al período 2013-2024 son 45,541; de estos, solo 37,550 corresponden a artículos, 3,879 a revisiones y 2,166 a cartas al editor, mientras que 1,947 corresponden a otros tipos documentales. El porcentaje de documentos con colaboración internacional fue de 44.7%, colaboración nacional 37.2%, colaboración institucional 16.3% y autoría única 1.9%. Además, la Tabla 1 muestra los países con mayor producción científica, su principal filiación, principal entidad financiadora y principal revista. Por último, la Figura 1 muestra las principales redes de colaboración entre los países participantes.

Conclusión:

Perú se ubica entre los 10 principales países con producción científica en infectología en Latinoamérica, pero depende de financiamiento externo. Sin embargo, esta observación podría verse influida por los datos no normalizados de SCOPUS. En contraste, Brasil destaca por su liderazgo en colaboración internacional, respaldado por su fuerte inversión interna, lo que subraya la necesidad de que Perú fortalezca su financiamiento local para impulsar la investigación en este campo.

Tabla 1. Top 10 de países con mayor producción científica Latinoamericana en revistas de enfermedades infecciosas indizadas en Scopus (2013-2024)

N°	Países	N° de documentos	Institución	Financiador	Revista (Cuartil*)
1	Brasil	23932	Fundação Oswaldo Cruz	Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico	Plos Neglected Tropical Diseases (Q1)
2	México	5728	Universidad Nacional Autónoma de México	Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología	Pathogens (Q2)
3	Colombia	4409	Universidad de Antioquia	National Institutes of Health	Infectio (Q3)
4	Argentina	4271	Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas	Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica	Plos Neglected Tropical Diseases (Q1)
5	Perú	2838	Universidad Peruana Cayetano Heredia	National Institutes of Health	American Journal Of Tropical Medicine And Hygiene (Q1)
6	Chile	2659	Universidad de Chile	Fondo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico	Revista Chilena De Infectología (Q4)
7	Ecuador	1464	Universidad de las Américas - Ecuador	National Institutes of Health	Bionatura (Q4)
8	Venezuela	888	Universidad Central de Venezuela	Fondo Nacional de Ciencia Tecnología e Innovación	Boletin De Malariologia Y Salud Ambiental (Q4)
9	Cuba	841	Instituto de Medicina Tropical Pedro Kouri	European Commission	Revista Cubana De Medicina Tropical (Q4)
10	Uruguay	654	Universidad de la República	Agencia Nacional de Investigación e Innovación	Plos Neglected Tropical Diseases (Q1)

*Cuartil especificado según el último año registrado en Scival.

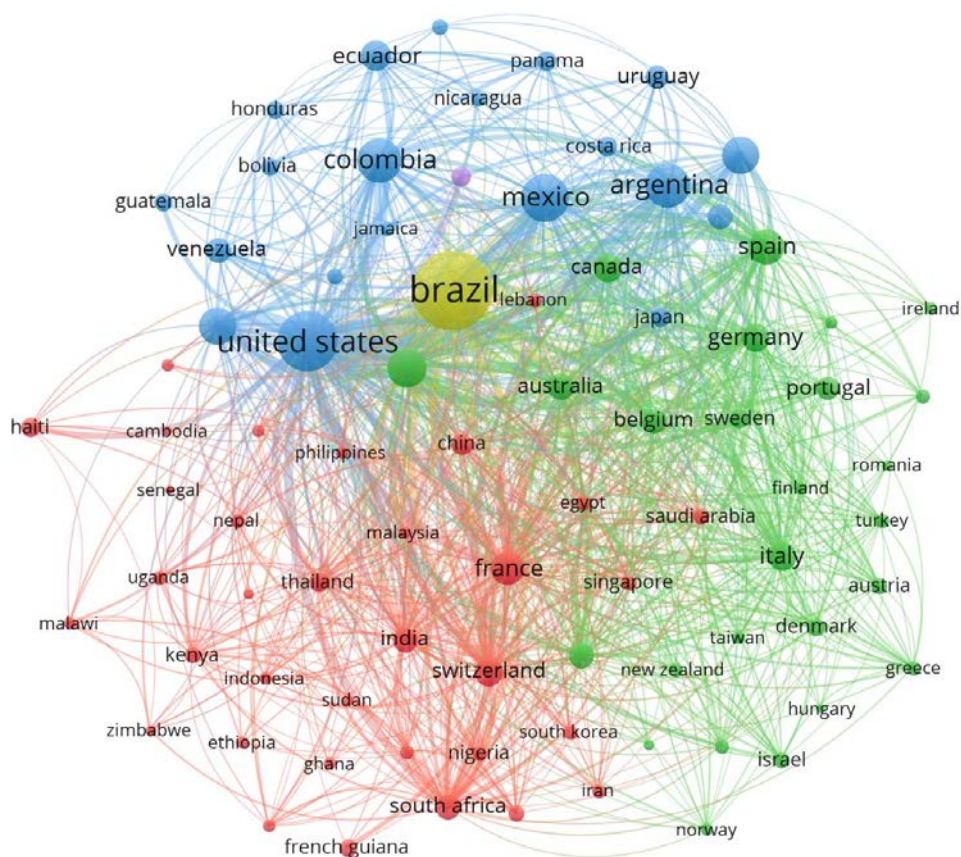


Figura 1. Redes de Colaboración Internacional en la Producción Científica Latinoamericana sobre Enfermedades Infecciosas (2013-2024)

A021 - Transmisión inusual de leptospirosis en distritos de estrato socioeconómico alto en Lima Metropolitana

Unusual Transmission of Leptospirosis in High Socioeconomic Stratum Districts of Metropolitan Lima

Salomón Durand¹, Yolanda Sánchez¹, Raquel Delgado², Estefanía Briceño¹, Maria Huamani¹

¹ Hospital Santa Rosa.

² Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

Introducción:

La leptospirosis es endémica en países tropicales ocasionando brotes de enfermedad febril, casos graves y muertes. En el Perú se han hallado prevalencias altas de leptospirosis en regiones que combinan altas temperaturas y lluvias intensas como en la amazonía y costa norte peruana, sin embargo, se reportaron en los tres últimos años 11 casos de leptospirosis en el Hospital Santa Rosa, ubicado en el distrito de Pueblo Libre, Lima. Con el objetivo de conocer los factores de riesgo relacionado a esta inusual presencia de leptospirosis en este distrito se realizó el presente estudio.

Metodología:

Se revisaron las fichas epidemiológicas e historias clínicas de los pacientes con diagnóstico probable de leptospirosis entre los años 2021 - 2024, se consideró como caso confirmado la reactividad al Elisa IgM o MAT o PCR positivo.

Resultados:

Se identificaron 28 pacientes probables de leptospirosis entre los años 2021 al 2024, 11 de ellos pudieron ser confirmados con por lo menos IgM o MAT. Cinco casos no tenían antecedente de viaje a una Región endémica de leptospirosis por lo que se podría considerar que la transmisión ocurrió en el área. Ninguno tenía alguna ocupación de riesgo, todos eran empleados o hacían labor de oficina, y vivían en zonas residenciales como Pueblo Libre o Jesús María, se encontraron tres casos en cuyas mascotas (canes) se identificó leptospirosis al mismo tiempo, constituyéndose éste en una posible fuente de contaminación dada la costumbre de sacar a los perros a pasear a los parques de la zona que son regadas con agua de regadío.

Conclusiones:

Se identificaron casos de leptospirosis con transmisión autóctona en áreas residenciales de Lima metropolitana, la exposición a los perros y de los mismos a los parques regados con agua de regadío pudiera ser la fuente de contaminación, lo que ameritaría un estudio para confirmar la hipótesis.

A022 - Inusual frecuencia elevada de casos de dengue con señales de alarma en pacientes sin antecedente de infección previa por dengue en el Hospital Santa Rosa de la ciudad de Lima

Unusually High Frequency of Dengue Cases with Warning Signs in Patients without Prior Dengue Infection at Santa Rosa Hospital in the City of Lima

Salomón Durand¹, Nadia Wong¹, Estefanía Briceño¹, Raquel Delgado², Yolanda Sánchez¹, María Huamani¹, Judith Fabian¹, Jean Flores¹, Pedro Contreras¹

¹ Hospital Santa Rosa.

² Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

Introducción:

El 2024, una epidemia de dengue afectó por primera vez la ciudad de Lima, una ciudad de más de 10 millones de habitantes. El hospital Santa Rosa atendió más de 5000 pacientes febriles entre enero a julio del 2024 identificando 1788 pacientes con dengue el 18.6% de ellos con signos de alarma o graves a pesar de ser para estos la primera infección. Con el objetivo de conocer los factores relacionados a esta inusual alta frecuencia de casos con signos de alarma y gravedad en un grupo de pacientes por primera vez infectados se desarrolló este estudio.

Metodología:

Se revisaron las fichas epidemiológicas y se contrastó con la información de las fichas de atención de emergencia del hospital. Los resultados de laboratorio fueron obtenidos de los laboratorios del hospital y referencial de Lima.

Resultados:

Entre enero y julio del 2024 se presentaron 5,862 febriles a la emergencia del hospital, 1788 fueron considerados casos de dengue. Nueve casos (0.5%) fueron clasificados como dengue grave y 324 (18.1%) como dengue con signos de alarma. 4 fallecieron. El 9.3% de los mayores de 65 años presentó algún signo de alarma o de gravedad mientras que el 6.4% de los pacientes menores de 65 años presentaron signos de alarma, ($p < 0.05$), Solo el 2.5% (45/1788) respondió que había tenido dengue anteriormente pero no hubo diferencia entre los que presentaron signos de alarma o gravedad.

Conclusiones:

En conclusión, la epidemia de dengue en Lima alcanzó una severidad mayor a lo esperado a pesar de ser la primera infección para la población afectada, un nuevo brote masivo y el ingreso de un nuevo serotipo podría incrementar aún más la severidad de los casos.

Bo02 - Microorganismos aislados en hemocultivos de neutropenia febril de alto riesgo de hospital público en la región de La Araucanía, Chile entre 2023-2024.

Microorganisms Isolated from Blood Cultures in High-Risk Febrile Neutropenia at a Public Hospital in the Araucanía Region, Chile, between 2023 and 2024

Carla Concha Fuentes¹, Mario Oñat Godoy², Claudia Cifuentes Cifuentes³, Mabel Torres Urrea⁴, Johanna Cabrera Quemener⁵

¹ Hospital Dr. Hernán Henríquez Aravena, Temuco, Chile. Universidad de La Frontera, Departamento de Medicina Interna, Temuco, Chile, concha.carla@gmail.com

² Hospital Dr. Hernán Henríquez Aravena, Temuco, Chile. Universidad de La Frontera, Departamento de Medicina Interna, Temuco, Chile, mario.onat.g@gmail.com

³ Hospital Dr. Hernán Henríquez Aravena, Temuco, Chile, claudia.cifuentes@redsalud.gob.cl

⁴ Hospital Dr. Hernán Henríquez Aravena, Temuco, Chile, mabeltorres.tm@gmail.com

⁵ Hospital Dr. Hernán Henríquez Aravena, Temuco, Chile. Universidad de La Frontera, Departamento de Medicina Interna, Temuco, Chile, johannacq2@gmail.com

Palabras clave: Neutropenia febril, Bacteremia, Inmunosuprimidos no VIH

Introducción:

Los episodios de neutropenia febril son causa de morbilidad y mortalidad en pacientes hematooncológicos siendo relevante conocer la epidemiología local para el manejo empírico más efectivo.

Objetivo(s):

Describir la frecuencia de microorganismos aislados en episodios de neutropenia febril de adultos en un hospital de alta complejidad y de derivación a nivel regional en Chile.

Métodos:

Estudio de corte transversal de resultados de hemocultivos en episodios de neutropenia febril de pacientes con neoplasias hematológicas de mayor o igual a 15 años en el Hospital Dr. Hernán Henríquez Aravena de Temuco, Chile durante periodo de 2023 y 2024.

Se realizó búsqueda de hemocultivos con diagnóstico de neutropenia febril de alto riesgo en base de datos de laboratorio. Se analizó mediante herramientas de excel la prevalencia de cada diagnóstico hematológico, uso de antibioterapia y requerimiento de Unidad de Paciente Crítico previo al evento, así como la prevalencia de cada agente infeccioso y su mecanismo de resistencia.

Resultados:

De 66 hemocultivos estudiados se obtuvo una positividad de 52% (34 de 66). La distribución de hemocultivos fue principalmente en Leucemia Linfoblástica Aguda (tabla 1).

Agentes más prevalentes encontrados (tabla 2): *Klebsiella pneumoniae* (12 casos, 35%), *Escherichia coli* (9 casos, 26.5%) y dos casos (5.9%) por *Enterobacter cloacae complex*. En cocáceas Gram positivas fueron estafilococos coagulasa negativos (5 casos, 14.7%) y *Staphylococcus aureus* meticilino sensible (2 casos, 5.9%). Se aislaron 3 casos de enterococos, dos de ellos (5.9%) *Enterococcus faecalis* y uno (2.9%) *Enterococcus faecium*. No se aislaron levaduras del género *Cándida spp* ni Bacilos Gram negativos no fermentadores. El mecanismo de resistencia más frecuente identificado en bacilos Gram negativos fue Betalactamasa de Espectro Extendido (10 casos, 29% del total de agentes aislados) y hubo un caso (2.9% del total de agentes aislados) de presencia de carbapenemasa Nueva Delhi Metalobetalactamasa en *Klebsiella pneumoniae*, conservando susceptibilidad a Amikacina.

Conclusiones:

Se muestra una alta positividad de hemocultivos respecto a lo reportado en literatura internacional (>50% vs 20-38%), permitiendo la elección de un tratamiento dirigido. Los agentes más prevalentes fueron bacilos Gram negativos entéricos con susceptibilidad conservada a amikacina, incluido aquellos con mecanismos de resistencia complejos como metalobetalactamasas. Esto refuerza que aún en pacientes de alto riesgo la elección de antimicrobianos puede racionalizarse, sobre todo el uso empírico prolongado de vancomicina y la posibilidad de desescalar precozmente carbapenémicos cuando hay susceptibilidad demostrada. La ausencia de levaduras en hemocultivos refuerza el no uso de equinocandinas de manera empírica en nuestro centro.

Tabla 1. Características de hemocultivos analizados según diagnóstico clínico, uso de antibióticos previamente, estadía previa en UPC.

Frecuencia de diagnóstico

Diagnóstico	Cantidad	Porcentaje
LLA	40	60.6%
LMA	16	24.2%
LMC	4	6.1%
LNH	3	4.5%
LH	3	4.5%

Uso de antibióticos

SI	23	34.8%
NO	43	65.2%

Episodios con paso a UPC

SI	7	10.6%
NO	59	89.4%

LLA: Leucemia Linfoblástica Aguda LMA: Leucemia Mieloide Aguda LMC: Leucemia mieloide Crónica
 LNH: Linfoma No Hodgkin
 LH: Linfoma Hodgkin
 UPC: Unidad de Paciente Crítica

Tabla 2. Distribución de microorganismos y mecanismos de resistencia en hemocultivos.

Microorganismos	Total (frecuencia)
<i>Enterobacter cloacae</i> complex	2 (5.9%)
BLEE	1 (2.9%)
<i>Enterococcus faecalis</i> S a ampicilina	2 (5.9%)
<i>Enterococcus faecium</i> R a vancomicina	1(2.9%)
<i>Escherichia coli</i>	9 (26.5%)
BLEE	3 (8.8%)
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	12(35%)
BLEE	6(17.6%)
NDM	1(2.9%)
<i>Lomentospora Prolificans</i>	1(2.9%)
<i>Staphylococcus aureus</i> MS	2 (5.9%)
<i>Staphylococcus caprae</i> MS	1(2.9%)
<i>Staphylococcus epidermidis</i> MR	1(2.9%)
<i>Staphylococcus haemolyticus</i> MS	1(2.9%)
<i>Staphylococcus haemolyticus</i> MR	1(2.9%)
<i>Staphylococcus hominis</i> MR	1(2.9%)

BLEE: Betalactamasa de espectro extendido **NDM:** Metalobetalactamasa Nueva Delhi **MS:** Multisensible

MR: Multiresistente

B003 - Factores de riesgo asociados a muerte en pacientes post trasplante de células madre: cohorte de dos años en un hospital público del Perú

Risk Factors Associated with Mortality in Post-Stem Cell Transplant Patients: A Two-Year Cohort Study in a Public Hospital in Peru

Mario Agramonte-Vilca¹, Karol Moscol-Chavez², Alfredo Wong-Chang³, Stalin Vilcarromero-Llaja⁴, Cesar Copaja-Corzo⁵

¹ Servicio de Infectología, Hospital Nacional Edgardo Rebagliati Martins, Perú.

² Servicio de Hematología, Unidad de Trasplante de Precursores Hematopoyéticos, Hospital Nacional Edgardo Rebagliati Martins, Perú.

³ Servicio de Hematología, Unidad de Trasplante de Precursores Hematopoyéticos, Hospital Nacional Edgardo Rebagliati Martins, Perú.

⁴ Servicio de Infectología, Hospital Nacional Edgardo Rebagliati Martins, Perú.

⁵ Servicio de Infectología, Hospital Nacional Edgardo Rebagliati Martins, Perú.

Palabras clave: Infección, Mortalidad, Trasplante hematopoyético, Perú, Sepsis

Introducción:

El trasplante de células madre hematopoyéticas (TCMH) puede curar o prolongar la vida de pacientes oncohematológicos y es un procedimiento cada vez más común en muchas regiones del mundo. No está exento de complicaciones, que incluyen infección, toxicidad post quimioterapia, enfermedad injerto contra huésped (EICH), fallo del injerto y recaída de la enfermedad subyacente.

Datos del Centro de Investigación Internacional de Trasplantes de Sangre y Médula Ósea entre 2016 y 2021 indican que, en los primeros 100 días posteriores al TCMH, las infecciones, el fallo orgánico y la recaída de la enfermedad contribuyeron a tasas de mortalidad del 25%, 24% y 23%, respectivamente. El EICH agudo de moderada a grave tiene un efecto sinérgico en la reactivación del citomegalovirus, lo cual impacta negativamente en la calidad de vida de los sobrevivientes.

Aunque el número de procedimientos ha aumentado significativamente en años recientes, la investigación en América Latina, y particularmente en Perú, sigue siendo limitada.

Objetivo(s):

Identificar los factores de riesgo asociados con la mortalidad postrasplante en receptores de células madre hematopoyéticas en pacientes atendidos en el Hospital Edgardo Rebagliati de Perú.

Métodos:

Estudio retrospectivo basado en la revisión de historias clínicas de receptores de trasplante alogénico, atendidos entre Enero 2017 a Mayo 2022, en pacientes de todas las edades del HNERM.

Se aplicaron modelos de riesgos proporcionales de Cox. Se realizaron análisis no ajustados entre las variables de exposición y la mortalidad a los 100 días y a los dos años de seguimiento. Las variables que resultaron significativas ($p < 0,05$) se incluyeron posteriormente en el modelo multivariado, donde se calcularon los *Hazard Ratios* ajustados (HRa) y sus respectivos intervalos de confianza del 95%.

Resultados:

En este estudio retrospectivo de 342 receptores de TCMH entre 2017 y 2022, se identificaron los siguientes hallazgos:

- La mortalidad al final del período de seguimiento fue del 30,4% de los pacientes. Los principales factores de riesgo asociados con la mortalidad fueron edad > a 50 años, la leucemia mieloide aguda, sepsis y recaída de la enfermedad.
- La mortalidad relacionada con el trasplante representó el 8,2% de los casos.

Conclusiones:

La tasa de mortalidad fue del 30.4%. Sepsis y recaída de la enfermedad son los principales factores asociados con la mortalidad.

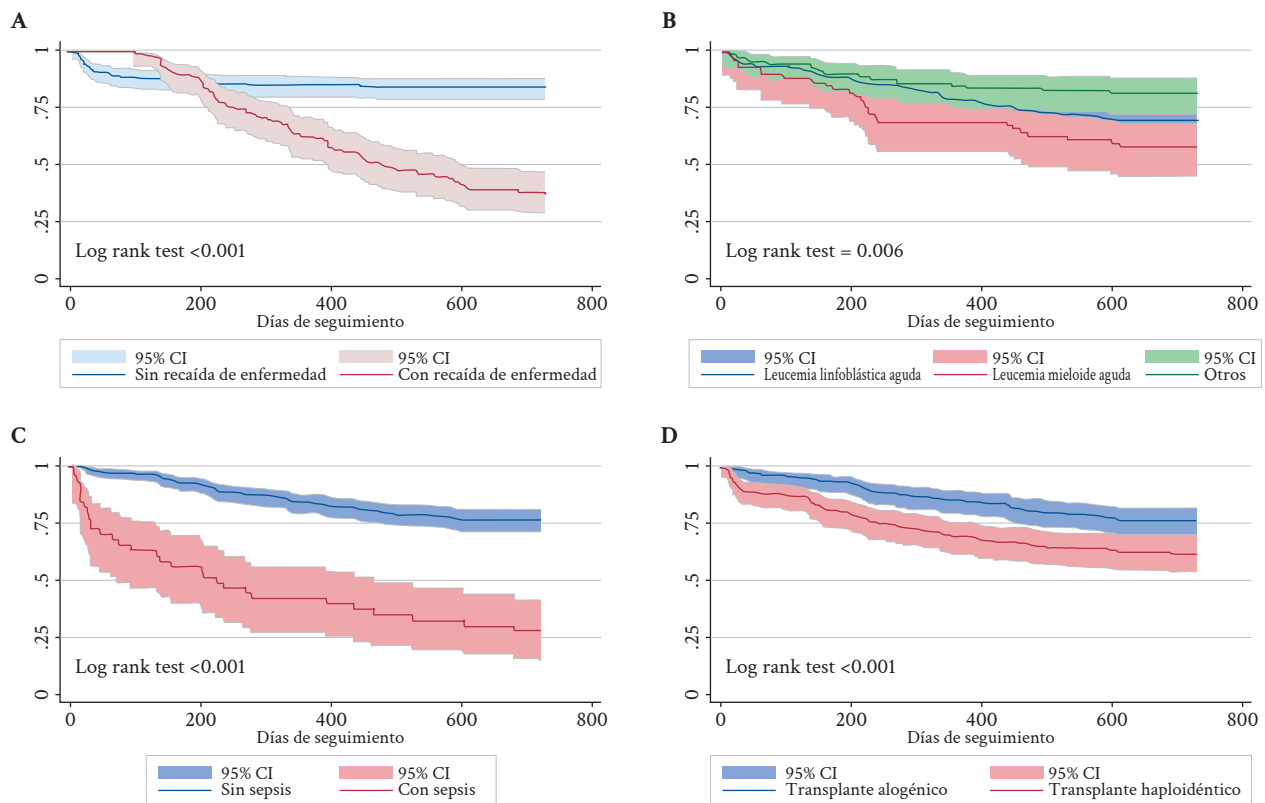
En cuanto a la mortalidad relacionada con el trasplante dentro de los 100 días de seguimiento, los pacientes de 50 años o más y aquellos que desarrollaron sepsis como complicación presentaron un mayor riesgo de muerte.

Table 1. Factors associated with mortality from transplant-related causes up to 100 days of follow-up

Variable	Crude Model		Adjusted Model	
	HRc (IC 95%)	p Value	HRa (IC 95%)	p Value
Age				
≤11 años	Ref		Ref	
12 a 17 años	5.43 (1.47 a 20.06)	0.011	3.02 (0.61 a 15.06)	0.177
18 a 49 años	2.16 (0.60 a 7.74)	0.237	1.99 (0.48 a 8.24)	0.343
≥50 años	5.14 (1.23 a 21.52)	0.025	6.97 (1.18 a 41.23)	0.032
Gender				
Female	Ref		-	
Male	1.00 (0.47 a 2.09)	0.990	-	
Type of conditioning chemotherapy				
Mieloablative	Ref		-	
Intermedio	1.13 (0.38 a 3.35)	0.828	-	
No mieloablative	1.97 (0.82 a 4.76)	0.130	-	
Diagnosis				
ALL	Ref		-	
AML	1.70 (0.71 a 4.05)	0.232	-	
Other	0.83 (0.32 a 2.17)	0.708	-	
Time until transplant				
≤1 año	Ref		-	
>1 año	1.24 (0.58 a 2.61)	0.580	-	
Year in which the transplant was performed				
2017 to 2018	Ref		-	
2019 to 2020	1.19 (0.49 a 2.85)	0.702	-	
2021 to 2022	1.16 (0.46 to 2.95)	0.751	-	
Transplant source				
Allogenic	Ref		Ref	
Haploidentical	2.97 (1.31 a 6.73)	0.009	3.57 (1.13 a 11.24)	0.030

Table 1. (Continuation).

Variable	Crude Model		Adjusted Model	
	HRc (IC 95%)	p Value	HRa (IC 95%)	p Value
Sepsis				
No	Ref		Ref	
Yes	62.09 (17.60 a 218.96)	<0.001	68.78 (19.32 a 244.84)	<0.0
Graft versus Host Disease				
No	Ref		-	
Yes	1.05 (0.35 a 3.12)	0.93701	-	

**Figure 1.** Kaplan-Meier survival curves according to disease relapse category (A), disease diagnosis (B), sepsis as a complication (C), and type of transplant performed (D)

B004 - Impacto de ceftazidima-avibactam en la mortalidad por infección del torrente sanguíneo: un estudio de cohorte en pacientes con leucemia aguda

Impact of Ceftazidime-Avibactam on Bloodstream Infection Mortality: A Cohort Study in Patients with Acute Leukemia

Cesar Copaja-Corzo¹, Susy Bazán-Ruiz², André Fuentes-Yufra³, Marlies Pizarro-Peream⁴, Giancarlo Pérez-Lazo⁵

¹ Servicio de Infectología. Hospital Nacional Edgardo Rebagliati Martíns, EsSalud, Lima, Perú. Universidad San Ignacio de Loyola, Lima, Perú, Csarcopaja@gmail.com

² Servicio de Hematología. Hospital Nacional Edgardo Rebagliati Martíns, EsSalud, Lima, Perú, Susybr23@gmail.com

³ Universidad Privada de Tacna, Tacna, Perú, Andrefuentes2606@gmail.com

⁴ Servicio de Hematología. Hospital Nacional Edgardo Rebagliati Martíns, EsSalud, Lima, Perú, Marliespizarro@gmail.com

⁵ Servicio de Infectología. Hospital Nacional Guillermo Almenara Irigoyen, Lima Perú, Diamantdust@hotmail.com

Palabras clave: Ceftazidima-Avibactam; Infección del torrente sanguíneo; Leucemia aguda; Muerte; Resistencia antibiótica.

Introducción:

Las infecciones del torrente sanguíneo (ITS) por *Enterobacteriales* productores de carbapenemasas (EPC) plantean una amenaza grave en las instituciones médicas debido a su alta tasa de mortalidad y opciones de tratamiento limitadas. Frente a este escenario como opción terapéutica se dispone de ceftazidima-avibactam (CAZ-AVI), que tiene actividad contra las β -lactamasas de clase A, C y algunas de clase D. Debido a las deficiencias inmunológicas producto del cáncer, así como a la propia quimioterapia, los pacientes con leucemia aguda presentan un alto riesgo de ITS por EPC. En este escenario clínico complejo el uso de CAZ-AVI podría tener impacto en reducir la mortalidad de los pacientes, pero la evidencia aún es ambigua ⁶.

Objetivo:

Evaluar el impacto de CAZ-AVI en la mortalidad por ITS debido a EPC en pacientes con leucemia aguda.

Métodos:

Se realizó un estudio de cohorte retrospectivo. Incluimos a pacientes con diagnóstico de leucemia mieloide aguda o leucemia linfoblástica aguda, que durante su hospitalización cursaron con ITS debido a EPC. El estudio se realizó en el servicio de hematología del Hospital Nacional Edgardo Rebagliati Martins, entre enero de 2023 y diciembre del 2024. Decidimos incluir a todos los pacientes que cumplían los criterios de inclusión. El muestreo fue no probabilístico por conveniencia.

Para los análisis de sobrevida, el tiempo cero fue el momento del diagnóstico clínico de ITS hasta los 30 días posteriores. El factor de exposición fue el uso o no de CAZ-AVI y el resultado primario fue la muerte hasta los 30 días. Los datos fueron recolectados por dos investigadores en diferentes bases de datos, luego un tercer investigador contrastó la información recolectada. Se realizó regresión de Cox para calcular los HR crudos y ajustados, además se realizó un gráfico de Kaplan Meier. El protocolo fue aprobado por el comité de ética del HNERM.

Resultados:

Evalúamos a 41 pacientes, la mediana de edad fue de 51 años, 56.1% tuvieron leucemia mieloide aguda y el 43.9% leucemia linfoblástica aguda. La muerte hasta los 30 días ocurrió en el 60.9% de los pacientes. El 97.6% de los pacientes recibieron meropenem como terapia antibiótica empírica y posterior al resultado del hemocultivo, se prescribió ceftazidima-avibactam en el 48.8% de los pacientes (Tabla 1). En el modelo de regresión ajustado la prescripción de ceftazidima-avibactam disminuyó el riesgo de muerte (HRa: 0.24; IC 95%: 0.08 - 0.73).

Conclusiones:

En pacientes con leucemia aguda que durante su hospitalización presentaron infección del torrente sanguíneo debido a EPC, la prescripción de ceftazidima-avibactam redujo el riesgo de mortalidad hasta los 30 días de seguimiento.

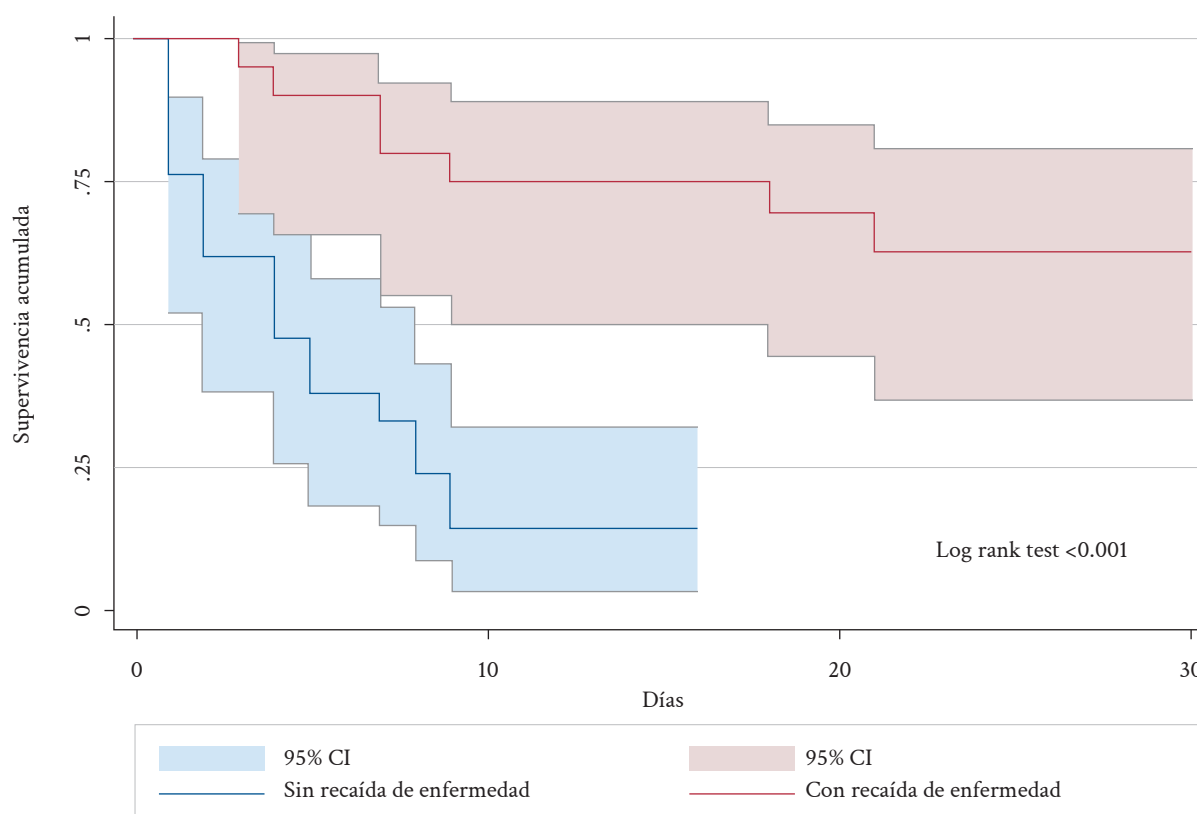


Figura 1. Curva de Kaplan-Meier según el tratamiento con ceftazidima/avibactam

Tabla 1. Características y comparación con la mortalidad (n=41)

Característica	n (%)	Sobrevive	No sobrevive	valor p
Sexo				0.375*
Femenino	24 (58.5)	8 (33.3)	16 (66.7)	
Masculino	17 (41.5)	8 (47.1)	9 (52.9)	
Edad [#]	51 (37 - 58)	46.5 (33.5 - 54)	54 (40 - 60)	0.117°
Neoplasia hematológica				0.001*
Leucemia mieloide aguda	23 (56.1)	4 (17.4)	19 (82.6)	
Leucemia linfoblástica aguda	18 (43.9)	12 (66.7)	6 (33.3)	
Estadio de la enfermedad				0.843*
Recaída	28 (68.3)	10 (35.7)	18 (64.3)	
Debut	13 (31.7)	6 (46.1)	7 (53.9)	
Quimioterapia				0.646"
Inducción	21 (51.2)	9 (42.9)	12 (57.1)	
Reinducción	16 (39.0)	5 (31.2)	11 (68.8)	
Consolidación	4 (9.8)	2 (50.0)	2 (50.0)	
Cursa con neutropenia	38 (92.7)	14 (36.8)	24 (63.2)	0.550"
Foco infeccioso				0.158"
Abdominal	17 (41.5)	3 (17.6)	14 (82.4)	
Respiratorio	8 (19.5)	4 (50.0)	4 (50.0)	
Infección perianal	7 (17.1)	4 (57.1)	3 (42.9)	
Sin foco determinado	5 (12.2)	2 (40.0)	3 (60.0)	
Mucositis severa	3 (7.3)	2 (66.7)	1 (33.3)	
Piel y partes blandas	1 (2.4)	1 (100.0)	0 (0.0)	
Ingreso a UCI en las primeras 48 horas de la ITS*	2 (4.9)	0 (0.0)	2 (100.0)	0.512"
Recibió ATB 7 días antes de la ITS	32 (78.1)	13 (40.6)	19 (59.4)	0.999"
Estuvo hospitalizado en el último mes	12 (29.3)	7 (58.3)	5 (41.7)	0.161"
ITS persistente	4 (9.8)	0 (0.0)	4 (100.0)	0.143"
Ingreso a ventilación mecánica	15 (36.6)	1 (6.7)	14 (93.3)	0.001*
Ingreso a hemodiálisis	2 (4.9)	0 (0.0)	2 (100.0)	0.512"
Requirió uso de vasopresores	25 (61.0)	2 (8.0)	23 (92.0)	<0.001*
Tiempo desde el ingreso hasta el desarrollo de la ITS*	17 (14 - 23)	18.5 (14 - 32.5)	17 (14 - 23)	0.678°
Tiempo de estancia hospitalaria [#]	28 (22 - 46)	51.5 (36 - 66.5)	24 (19 - 27)	<0.001°
Tiempo desde la ITS hasta el alta o la muerte [#]	9 (4 - 20)	25.5 (17.5 - 44.5)	4 (2 - 8)	<0.001°
Escala de MASCC [#]	10 (6 - 14)	14 (11 - 18)	9 (6 - 10)	<0.001°
Escala de Charlson [#]	3 (2 - 4)	2.5 (2 - 3)	3 (2 - 4)	0.110°
Escala de Pitt [#]	6 (1 - 9)	0 (0 - 2)	9 (6 - 11)	<0.001°

Tabla 1. (Continuación).

Característica	n (%)	Sobrevive	No sobrevive	valor p
<i>Enterobacteriales</i> aislados en el hemocultivo				0.999"
<i>E.coli</i>	1 (2.4)	0 (0.0)	1 (100.0)	
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	40 (97.6)	16 (40.0)	24 (60.0)	
Mecanismo de resistencia identificado				0.779"
Serincarbapenemasas	36 (87.8)	15 (41.7)	21 (58.3)	
OXA-48	2 (4.9)	0 (0.0)	2 (100.0)	
Metallo-betalactamasa	3 (7.3)	1 (33.3)	2 (66.7)	
Antibioticoterapia empírica				
Meropenem	40 (97.6)	15 (37.5)	25 (62.5)	0.206"
Colistina	5 (12.2)	2 (40.0)	3 (60.0)	0.962"
Vancomicina	31 (75.6)	12 (38.7)	19 (61.3)	0.999"
Antibioticoterapia dirigida				
Ceftazidima-avibactam	20 (48.8)	13 (65.0)	7 (35.0)	0.001*
Aztreonam	1 (2.4)	1 (100.0)	0 (0.0)	0.390"
Meropenem	17 (41.5)	1 (5.9)	16 (94.1)	<0.001*
Colistina	11 (26.8)	3 (27.3)	8 (72.7)	0.478"

*Prueba estadística Chi2; ° Prueba estadística U de Mann-whitney; " Prueba estadística Exacta de Fisher; *

Mediana y rango intercuartílico. UCI: Unidad de cuidados intensivos; ITS: Infección del torrente sanguíneo; En el grupo de serincarbapenemasas se incluyó aislamientos con identificación de KPC y aquellos en los que solo se identificó la serincarbapenemasa.

C002 - Alta prevalencia de deficiencia o insuficiencia de vitamina D en pacientes VIH-positivos en Lima, Perú

High prevalence of vitamin D deficiency or insufficiency in HIV-Positive patients in Lima, Peru

Jaime A. Collins¹, Roxana L. Gamarra², Raúl A. Castillo³, Moisés G. Cárdenas⁴, Augusto A. Dextre⁵, Amanda B. Blanco⁶,

¹ Servicio de Infectología, Departamento de Medicina Interna, Hospital G. Almenara, EsSalud. Lima, Perú, jcollinslp@gmail.com

² Servicio de Bioquímica, Departamento de Patología Clínica, Hospital G. Almenara, EsSalud. Lima, Perú, rlg1302@hotmail.com

³ Servicio de Infectología, Departamento de Medicina Interna, Hospital G. Almenara, EsSalud. Lima, Perú, raulcasti@yahoo.com

⁴ Servicio de Bioquímica, Departamento de Patología Clínica, Hospital G. Almenara, EsSalud. Lima, Perú, cardenas_mg@hotmail.com

⁵ Servicio de Endocrinología, Departamento de Medicina Especializada, Hospital G. Almenara, EsSalud. Lima, Perú, aadextree@gmail.com

⁶ Servicio de Bioquímica, Departamento de Patología Clínica, Hospital G. Almenara, EsSalud. Lima, Perú, abnpe@yahoo.com

Palabras clave: VIH, vitamina D, deficiencia, insuficiencia, Perú

Introducción:

Hay escasa información en nuestro medio sobre la deficiencia de vitamina D en pacientes VIH-positivos.

Objetivos:

Determinar la prevalencia y las características de la deficiencia de vitamina D en esta población.

Métodos:

Estudio observacional prospectivo de corte transversal en una muestra consecutiva de pacientes VIH-positivos ambulatorios de nuestro centro entre septiembre y diciembre de 2019. Se consideró deficiencia, nivel insuficiente y nivel suficiente de 25-hidroxi vitamina D con cifras por debajo de 10 ng/ml, entre 10 y 20 ng/ml y por encima de 20 ng/ml, respectivamente, según la *European AIDS Clinical Society* (2019). Se utilizaron la prueba de *ji cuadrado* para proporciones y la prueba *t de Student* para medias.

Resultados:

Fueron evaluados 327 pacientes: 89 mujeres (27%) y 238 varones (73%). La prevalencia de la deficiencia de vitamina D fue 12% (39/327) y la del nivel insuficiente de la misma fue 62% (203/327). En el análisis de comparación de medias de vitamina D, hubo una diferencia significativa entre los pacientes que utilizaron efavirenz versus otros medicamentos como base de la terapia antirretroviral (15.21 ng/ml vs 17.24 ng/ml, respectivamente, $p=0.004$, $n=243$); pero no hubo diferencias significativas entre las medias de vitamina D según sexo y edad ($n=327$); tampoco según índice de masa corporal, obesidad abdominal o recuento de linfocitos T-CD4⁺ ($n=243$). De otro lado, en el análisis de las proporciones de la deficiencia de vitamina D y del nivel insuficiente de la misma no hubo diferencia significativa por edad; sí hubo una diferencia marginalmente significativa según el sexo: déficit de 16% (14/89)

en mujeres vs 10.5% (25/238) en varones; mientras que nivel insuficiente de 67% (60/89) en mujeres vs 60% (143/238) en varones, $p=0.05$ ($n=327$); tampoco hubo diferencia significativa en la distribución según índice de masa corporal, obesidad abdominal, recuento de linfocitos T-CD4⁺ y base de la terapia antirretroviral (efavirenz vs otros) ($n=243$).

Conclusiones:

La prevalencia de la deficiencia o insuficiencia de vitamina D fue alta en nuestra población de pacientes VIH-positivos. Los pacientes que utilizaron efavirenz tuvieron significativamente menos niveles de vitamina D. La tamización de la vitamina D y el manejo de la deficiencia o insuficiencia de esta deben formar parte del programa de terapia antirretroviral.

C003 - Prevalencia y características de la deficiencia de testosterona en una cohorte de pacientes VIH-positivos en Lima, Perú

Prevalence and characteristics of testosterone deficiency in a cohort of HIV-positive patients in Lima, Peru

Jaime A. Collins¹, Roxana L. Gamarra², Raúl A. Castillo³, Moisés G. Cárdenas⁴, Augusto A. Dextre⁵, Amanda B. Blanco⁶

¹ Servicio de Infectología, Departamento de Medicina Interna, Hospital G. Almenara, EsSalud. Lima, Perú, jcollinslp@gmail.com

² Servicio de Bioquímica, Departamento de Patología Clínica, Hospital G. Almenara, EsSalud. Lima, Perú, rlg1302@hotmail.com

³ Servicio de Infectología, Departamento de Medicina Interna, Hospital G. Almenara, EsSalud. Lima, Perú, raulcasti@yahoo.com

⁴ Servicio de Bioquímica, Departamento de Patología Clínica, Hospital G. Almenara, EsSalud. Lima, Perú, cardenas_mg@hotmail.com

⁵ Servicio de Endocrinología, Departamento de Medicina Especializada, Hospital G. Almenara, EsSalud. Lima, Perú, aadextree@gmail.com

⁶ Servicio de Bioquímica, Departamento de Patología Clínica, Hospital G. Almenara, EsSalud. Lima, Perú, abnpe@yahoo.com

Palabras clave: VIH, testosterona, deficiencia, prevalencia, Perú

Introducción:

Hay escasa información en nuestro medio sobre la deficiencia de testosterona en pacientes VIH-positivos.

Objetivos:

Determinar la prevalencia y las características de la deficiencia de testosterona en esta población.

Métodos:

Estudio observacional prospectivo de corte transversal en una muestra consecutiva de pacientes VIH-positivos ambulatorios de nuestro centro entre septiembre y diciembre de 2019. El cuestionario *androgen deficiency in aging males* (ADAM; Morley JE, et al., 2000) fue aplicado a los pacientes. El nivel sérico matutino de testosterona total se determinó con el método de quimioluminiscencia. Se consideró deficiencia y un nivel normal de testosterona total resultados menores a 250 ng/dl o superiores a 400 ng/dl, respectivamente, según la *American Association of Clinical Endocrinology* (AACE). Se utilizó la prueba *t de Student* para medias.

Resultados:

Fueron evaluados 237 pacientes. La prevalencia de la deficiencia de testosterona total fue 21% (50/237) y la del nivel normal de la misma fue 39% (93/237). Las medias de testosterona total se compararon en 178 pacientes con información completa para el estudio. Todos estaban en terapia antirretroviral con un éxito virológico del 96%. Hubo diferencias significativas entre las medias de testosterona total por edad (392 ng/dl en < 50 años vs 341 ng/dl en > 50 años, $p=0.015$); índice de masa corporal (IMC, 402 ng/dl con IMC < 25 vs 340 ng/dl con IMC > 25, $p=0.003$) y obesidad abdominal según la Asociación Latinoamericana de Diabetes, 2010 (385 ng/dl sin obesidad vs 326 ng/dl con obesidad, $p=0.015$). En contraste, no hubo diferencias significativas entre las medias de testosterona total según el tiempo de la infección por VIH (< 8 años vs > 8 años); cuestionario ADAM (negativos vs positivos); recuento de linfocitos T-CD4⁺ (en cel/mcl, < 350 vs > 350) y base de la terapia antirretroviral (efavirenz vs otros).

Conclusiones:

La prevalencia de la deficiencia de testosterona total fue similar a la descrita en otras regiones. Los pacientes mayores de 50 años, con sobrepeso u obesidad abdominal tuvieron significativamente menores niveles de testosterona total, por lo que la tamización debería orientarse a dicho subgrupo de pacientes.

C004 - Obesity in Peruvian PLWH associated with high frequency of atherosclerotic disease, impaired glucose metabolism, dyslipidemia, and metabolic syndrome

Obesidad en PVVS en Perú asociada con alta frecuencia de enfermedad aterosclerótica, alteraciones en el metabolismo de la glucosa, dislipidemia y síndrome metabólico

José Alfredo Hidalgo Vidal¹, Yvett Pinedo Ramírez², Erika Cecilia Agurto Lescano³,
Ladys Ruth Cárdenas Lévano⁴, Juan Carlos Gómez de la Torre⁵, Rosemarie Ayarza Escobar⁶,
Germán Víctor Valenzuela Rodríguez⁷, Teófilo Jesús Rocca Nación⁸, Alberto Martín La Rosa Rodríguez⁹

¹ ONG Vía Libre, EsSalud, Hospital Guillermo Almenara, pepinhidalgo@yahoo.com.

² ONG Vía Libre, Ministerio de Salud, Hospital Arzobispo Loayza, ypinedor@gmail.com.

³ ONG Vía Libre, EsSalud, Hospital Alberto Sabogal, ceciliaagurto@gmail.com.

⁴ Ministerio de Salud, Hospital Arzobispo Loayza, ladyscarlev@yahoo.es.

⁵ Laboratorio Roe, jgomez@labroe.com.

⁶ ONG Vía Libre, romyayarza@gmail.com.

⁷ MSD Perú, german.valenzuela@merck.com.

⁸ Clínica Ricardo Palma, jesusrocca@hotmail.com.

⁹ MSD Perú, alberto.martin.la.rosa@merck.com

Keywords: HIV, obesity, cardiometabolic disease

Introduction:

Antiretroviral therapy (ART) has led to improved life expectancy in people living with HIV (PLWH), but weight gain and cardiometabolic disease are a growing concern. PLWH are at a higher risk for cardiovascular (CV) disease compared to uninfected individuals, and obesity further elevates this risk. While prior studies have explored CV disease in adult PLWH, data on obese adult PLWH remains limited.

Objectives:

This study aimed to assess the prevalence of atherosclerotic CV disease, vascular inflammation, CV risk factors, and metabolic profiles among obese PLWH.

Methods:

This descriptive, observational, cross-sectional study examined obese PLWH of age ≥ 35 years (yrs), clinically stable HIV infection, and BMI >30 kg/m² in Lima, Peru in 2024.

Results:

One hundred and twenty-six volunteers were included. They were predominantly (77.7%) male with mean age of 50.6 yrs, mean duration of ART of 12.4 yrs, mean CD4 count of 759.8 cells/mL, and 97.6% having VL <200 copies/mL. Mean BMI was 34.0, with 76.2% classified as grade I obesity. History of CV disease, family history of early CV events and renal disease were low (2.4%, 4.0% and 4.8%, respectively). Current smoking was reported by 23.8%, and history of dyslipidemia, hypertension, and diabetes were identified in 42.1%, 25.4%, and 13.5%, respectively. Doppler ultrasound showed atherosclerosis (increased thickness of CIMT or presence of plaque) in 34.4%. This was associated with age >50 yrs and duration of ART >12 yrs. Abnormal glucose metabolism was found in 89.7% (diabetes, pre-diabetes or insulin resistance), dyslipidemia was present in 82.5% (predominantly low HDL-c and high triglycerides), and 50.8% met criteria for metabolic syndrome. Elevated inflammatory markers and abnormal apolipoproteins were found in 28.2% and 22.6%, respectively (Table 1). Only 8.1% showed normal results across study evaluations.

High CV risk scores were noted in 19.4% (Framingham) and 9.4% (ACC/AHA) of participants, while the HIV-Cardio-Predict score indicated high-risk in 75.4% of them. Mean Framingham and ACC/AHA scores were 10.9 and 8.3, respectively (intermediate risk range for both). Mean HIV-CardioPredict score was of high risk (46.1) (Table 2).

Conclusions:

In this study of obese PLWH on ART, a significant proportion exhibited atherosclerotic vascular disease, and there was a very high prevalence of abnormal glucose metabolism, dyslipidemia, metabolic syndrome and elevated inflammatory markers, along with cardiovascular risk scores of general use in the intermediate risk range. Obese HIV individuals require targeted cardiometabolic evaluation and timely management to prevent cardiovascular and metabolic complications.

Table 1. Prevalence of cardiometabolic morbidity among obese PLWH

	n (%)
Cardiovascular disease (Carotid ultrasound) - Primary endpoint ^x	43 (34.4)
Glucose metabolism abnormalities ^y	113 (89.7)
Diabetes	18 (14.3)
Prediabetes	36 (29.0)
Insulin resistance (HOMA-IR>2.7)	59 (46.4)
Dyslipidemia ^y	104 (82.5)
Low HDL-c (<40 mg/dL in males, <50 mg/dL in females)	77 (62.1)
High triglycerides (>150 mg/dL)	58 (46.8)
High LDL-c (>130 mg/dL)	32 (25.8)
High total cholesterol (>200 mg/dL)	35 (28.2)
Metabolic syndrome ^z	63 (50.8)
Elevated inflammatory markers (hs-CRP or IL-6) ^z	35 (28.2)
Abnormal apolipoproteins (Apo-A1 or ApoB) ^z	28 (22.6)

^x based on 125 subjects, ^y based on 126 subjects, ^z based on 124 subjects

Table 2. Cardiovascular risk scores. Distribution by risk categories.

Framingham, N=124	
Low risk ≤ 10 , n (%)	68 (54.8)
Intermediate risk 10-20, n (%)	32 (25.8)
High risk ≥ 20 , n (%)	24 (19.4)
Mean score	10.9
ACC/AHA*, N=106	
Low risk < 5 , n (%)	52 (49.1)
Borderline risk $\geq 5 - < 7.5$, n (%)	14 (13.2)
Intermediate risk $\geq 7.5 - < 20$, n (%)	30 (28.3)
High risk ≥ 20 , n (%)	10 (9.4)
Mean score	8.3
HIV CardioPredict, N=118	
Low risk < 7.5 , n (%)	6 (5.1)
Intermediate risk $\geq 7.5 - 19 \leq$, n (%)	23 (19.5)
High risk > 20 , n (%)	89 (75.4)
Mean score	46.1

* Applies to > 40 years of age

C005 - Resistencia primaria en mujeres viviendo con VIH en Buenos Aires, Argentina.

Primary Resistance in Women Living with HIV in Buenos Aires, Argentina

Diego Cecchini¹, Isabel Cassetti², Florencia Scarnato³, Agustina Fiori⁴, Jimena Nuevo⁵, Clara Villaverde⁶, Macarena Roel⁷, Adriana Sucari⁸, Gustavo Lopardo⁹

¹ Helios Salud, Argentina, dcecchini@heliossalud.com.ar

² Helios Salud, Argentina, isabel.cassetti@gmail.com

³ Helios Salud, Argentina, florscarnato@hotmail.com

⁴ FUNCEI, Argentina, agustinafiori@gmail.com

⁵ Helios Salud, Argentina, jimenanuevo@gmail.com

⁶ FUNCEI, Argentina, mclaravillaverde@gmail.com

⁷ Helios Salud, Argentina, macarenaroel@gmail.com

⁸ Laboratorio Dr. Stambouliau, Argentina, asucari@stambouliau.com.ar

⁹ FUNCEI, Argentina, glopardo@intramed.net

Palabras clave: Antirretrovirales, resistencia, Argentina, prevalencia

Introducción:

Los estudios de resistencia primaria o transmitida son una herramienta fundamental para el desarrollo de recomendaciones sobre el tratamiento inicial de la infección por VIH. Argentina ha reportado históricamente niveles moderados a altos de resistencia transmitida a antirretrovirales, teniendo las mujeres cisgénero habitualmente menor representación en estos estudios.

Objetivo(s):

Describir la prevalencia de mutaciones asociadas a resistencia (MARS) transmitida en una población de mujeres cisgénero en Buenos Aires, Argentina.

Métodos:

Se realizó un análisis *post hoc* de una base de datos de genotipos pretratamiento de dos centros de referencia de VIH en Argentina (2016-2022). Las mutaciones asociadas con la resistencia a los inhibidores de la transcriptasa inversa (análogos de nucleósidos o INTR e inhibidores no nucleosídicos o INNTR) y los inhibidores de la proteasa (IP) se identificaron utilizando la lista de mutaciones de vigilancia de la OMS.

Resultados:

Se incluyeron muestras basales de 317 mujeres naive. La mediana (rango intercuartílico) de edad fue de 39 (32-46) años. La vía de adquisición del VIH fue heterosexual en el 98% de las mismas. La mediana de carga viral fue de 37,850 copias/mL (8,690-143,000) y de linfocitos T-CD4+ de 334 células/mm³ (179-533). El 4.1% de los casos correspondió a infección adquirida dentro de los 6 meses de realización del genotipo. El 79% de las mujeres estaba asintomática, el 6% presentaba eventos categoría C del CDC. Se detectaron MARS en el 14% de las muestras (n = 44): 11% (n = 34) para INNTR, 2.2% (n = 7) para IP y 1.9% (n = 6) para INTR. Las mutaciones predominantes para INNTR fueron la K103N/S (7.3%, n = 23) e Y181I/C/V (2.5%, n = 8). Para los INTR fue la M41L (1.6%, n = 5) la mutación más frecuente, y las V82A, I54V y M46L dentro de los IP (0.6%, n = 2 cada una).

Conclusiones:

Nuestros resultados sugieren que los niveles de resistencia transmitida en mujeres cisgénero en Argentina se encuentran en niveles moderados, fundamentalmente a expensas de MARS para INNTR. Estos resultados apoyan el inicio de terapia antirretroviral con inhibidores de la integrasa en nuestra población.

C006 - Mortalidad y etiología de defunciones en personas con VIH en Chile: análisis de 25 años en la era de la terapia anti retroviral (2000-2024)

Mortality and Causes of Death in People Living with HIV in Chile: A 25-Year Analysis in the Antiretroviral Therapy Era (2000–2024)

Macarena Rosenblut Santolaya¹, Georgina Estadella², Claudia P. Cortes³

¹ Hospital Clínico San Borja Arriarán & Fundación Arriarán, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile, mrosenbluts@gmail.com

² Fundación Arriarán, Santiago, Chile, georgina.estadella@gmail.com

³ Hospital Clínico San Borja Arriarán & Fundación Arriarán, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. Santiago, Chile, cpcortes@uchile.cl

Palabras clave: VIH, mortalidad, SIDA, Infecciones oportunistas, comorbilidad

Introducción:

Desde el inicio de la pandemia del virus de inmunodeficiencia humana (VIH), más de 42.000.000 de personas han fallecido. El acceso a terapia antirretroviral (TAR) ha reducido significativamente la mortalidad entre las personas que viven con VIH (PVVIH), disminuyendo un 69% las muertes relacionadas con la infección.

En personas con diagnóstico precoz y acceso oportuno a TAR, las principales causas de muerte son patologías no asociadas a enfermedad avanzada por VIH, como cánceres no defintorios de SIDA, enfermedades cardiovasculares y hepáticas. Estas comorbilidades tienden a presentarse con mayor frecuencia y a edades más tempranas en las PVVIH versus la población general.

En Chile, desde el año 2005, existe acceso universal garantizado a TAR. Hasta la fecha, no existen estudios nacionales que reporten de manera integral la mortalidad ni sus causas en la población de PVVIH.

Objetivo:

Evaluar la mortalidad y etiología de las defunciones en PVVIH que se atienden en el principal centro de atención público en Chile

Métodos:

Estudio observacional y descriptivo basado en los datos de mortalidad del proyecto Caribbean, Central and South American Network for HIV Epidemiology (CCASAnet). Se analizaron pacientes ingresados entre enero de 2000 y septiembre de 2024 en el Hospital Clínico San Borja Arriarán & Fundación Arriarán.

Resultados:

Entre 1/2020 y 9/2024 ingresaron 7747 pacientes al estudio CCASAnet y se registraron 629 muertes. La tasa de letalidad de la cohorte fue de 8.11%.

Las causas de muerte se muestran en la **tabla 1**. Las muertes relacionadas a SIDA (31.8%) incluyen: Síndrome de emaciación por VIH (8.4%), neoplasia asociada a SIDA (10.4%) e infecciones oportunistas (12.8%). Las muertes no relacionadas a SIDA (62.27%) incluyeron: neoplasias (12.5%), muertes violentas (6.67%), enfermedades cardiovasculares (7.47%), infecciones no relacionadas a SIDA (23.8%) y otras (12.5%). En 4.9% de los pacientes no se precisa la causa de mortalidad.

Con respecto a los muertos por enfermedades marcadoras de SIDA, en la era pre TAR (2000-2005) corresponden a 59% (47/80) mientras que en la era post TAR (2006-2024) a un 28% (153/547) (Figura 1)

Conclusiones:

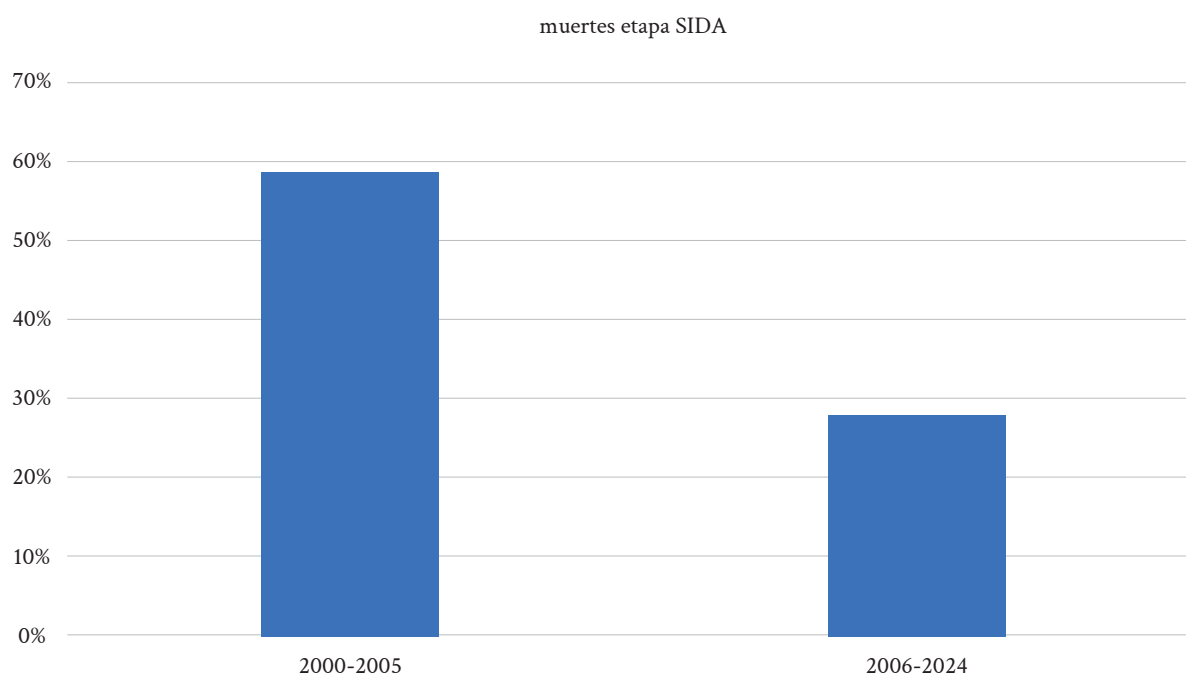
El acceso universal a TAR en Chile ha permitido una notable disminución de las muertes vinculadas al SIDA. No obstante, se observa un incremento en las defunciones por causas no relacionadas a SIDA, siendo predominantes las neoplasias, las enfermedades cardiovasculares y las muertes violentas, lo que representa un desafío emergente para el manejo integral de las PVVIH.

Tabla 1. Causas de muerte en Cohorte de pacientes VIH incluidos en proyecto CCASAnet 2000-2024

Causa de muerte	Número de muertes (%)
Total	629 (100%)
Infección definitiva de SIDA	81 (12.8%)
Neumonía por <i>Pneumocystis jirovecii</i>	10 (1.59%)
Leucoencefalopatía multifocal progresiva	10 (1.59%)
Toxoplasmosis cerebral	9 (1.43%)
Enfermedad diseminada por citomegalovirus	7 (1.12%)
Criptococosis cerebral	10 (1.59%)
Tuberculosis	33 (5.25%)
Otras	2 (0.3%)
Cáncer definitivo de SIDA	66 (10.4%)
Sarcoma de Kaposi	14 (2.23%)
Linfoma no Hodgkin	42 (6.6%)
Cáncer cervicouterino	2 (0.3%)
Linfoma sistema nervioso central	8 (1.28%)
SIDA-Síndrome de emaciación	53 (8.4%)
Cáncer no definitivo de SIDA	78 (12.4%)
Pulmón	15 (2.38%)
Gástrico	10 (1.58%)
Anal	10 (1.58%)
Colon	10 (1.58%)
Hepático	5 (0.79%)
Sarcoma	4 (0.64%)
Mieloma Múltiple/Síndrome Mieloproliferativo	6 (0.95%)
Próstata	3 (0.48%)
Otros	15 (2.38%)
Muertes violentas	42 (6.67%)
Suicidio	28 (4.45%)
Accidentes (traumáticas)	14 (2.2%)
Eventos cardiovasculares	47 (7.47%)
Síndrome coronario agudo	18 (2.86%)
Insuficiencia cardíaca	12 (1.9%)
Accidente cerebrovascular hemorrágico	7 (1.1%)
Accidente cerebrovascular isquémico	2 (0.31%)
Arritmias	5 (0.79%)
Isquemia arterial	3 (0.48%)
Otras	2 (0.31%)
Infecciones no asociadas a SIDA	150 (23.84%)
Neumonía	115 (18.28%)
Meningitis	3 (0.48%)
Neutropenia febril	3 (0.48%)
Otras infecciones	29 (4.61%)

Tabla 1. (Continuación).

Causa de muerte	Número de muertes (%)
Otras causas de muerte	79 (12.5%)
Cirrosis/hepatitis	17 (2.7%)
Infección por SARS-CoV-2	14 (2.25%)
Enfermedad renal crónica	8 (1.27%)
Hemorragia digestiva	8 (1.27%)
Epilepsia/enfermedad neurológica degenerativa	9 (1.43%)
Efecto adverso a fármacos	4 (0.63%)
otros	12 (1.91%)
Desconocidas	31 (4.9%)
Paro cardio respiratorio	11(1.74%)
Sin causa	20 (3.02%)

**Figura 1.** Mortalidad por enfermedades marcadoras de SIDA en la era preTAR universal (2000-2005) y post TAR (2006-2024)

C007 - VIH y envejecimiento: análisis de conocimientos, actitudes y prácticas de especialistas en Uruguay

HIV and Aging: Analysis of Knowledge, Attitudes, and Practices among Specialists in Uruguay

Susana Pereira¹, Ana Kmaid², Héctor González³

¹ Presidenta del Grupo de estudio uruguayo en VIH, pereiraspilman@gmail.com

² Unidad Académica de Geriátrica. Facultad de Medicina. Udelar, anakmaid@gmail.com

³ Vocal del Grupo de estudio uruguayo en VIH, gonzalezsuarez@hotmail.com

Palabras clave: VIH, Envejecimiento, Conocimientos, Actitudes, Prácticas

Introducción:

La población que vive con VIH está envejeciendo. En América Latina y el Caribe, la proporción de personas con VIH mayores de 50 años se triplicó. Presentan una mayor prevalencia de enfermedades no transmisibles y a su vez la infección por VIH acelera o acentúa el proceso de envejecimiento, aumentando el riesgo de síndromes geriátricos, incluyendo la fragilidad. Esta situación exige que los especialistas involucrados en la atención de esta población cuenten con las competencias necesarias.

Objetivo:

Analizar los conocimientos, actitudes y prácticas de especialistas en la atención a personas mayores que viven con VIH

Métodos:

Estudio observacional, transversal con especialistas en Geriátrica y VIH de Uruguay, mediante muestreo no probabilístico por conveniencia. Se aplicó un cuestionario en línea durante agosto-septiembre de 2024, evaluando conocimientos, actitudes y prácticas, asegurando el anonimato y la confidencialidad y obteniendo el consentimiento informado. El análisis de los datos se realizó mediante estadística descriptiva.

Resultados:

La muestra incluyó 94 participantes, 40 especialistas en VIH y 54 especialistas en Geriátrica. La mayoría de los especialistas en VIH consideran relevante evaluar la fragilidad en pacientes mayores de 50 años, pero solo la mitad de ellos lo han incorporado a su práctica clínica. Los especialistas en Geriátrica muestran divergencia en la edad de consideración de paciente mayor con VIH (53.7% consideran los 65 años), con una experiencia clínica limitada, más de dos tercios reportan mínimo o nulo contacto con esta población en el último año.

El 96% de los encuestados consideró que la fragilidad tiene un mayor impacto en la supervivencia de las personas mayores con VIH que el VIH en sí mismo. El 72% de los geriatras y el 45% de los especialistas en VIH afirman que la colaboración multidisciplinaria es necesaria en todos los casos. El 95% de los geriatras y el 90% de los especialistas en VIH consideraron necesario un cambio en el modelo de atención hacia un enfoque multidisciplinario. Además, el 95% de los geriatras y el 55% de los especialistas en VIH reconocen no tener suficiente formación para abordar las particularidades de las personas mayores con VIH. El 100% de los especialistas en Geriátrica y el 90% de los especialistas en VIH manifiestan interés en recibir formación adicional.

Conclusiones:

Existe una clara necesidad de formación específica y de un modelo de atención que integre a geriatras y especialistas en VIH, priorizando detección y manejo de la fragilidad y los síndromes geriátricos.

Coo8 - Conocimientos frente a estrategias de prevención combinada entre personas con diagnóstico reciente de infección por VIH en Colombia

Knowledge regarding combined prevention strategies among people with a recent HIV diagnosis in Colombia

Mónica Mantilla Suárez¹, Yamile Nova Arevalo², Yaqueline Montes de Oca³, Diana Marcela Castaño Naranjo⁴, Julieth Paola Perez Otero⁵, Marlen Lorena Calvo Herrera⁶

¹ VirreySolis IPS, Colombia, omca70@yahoo.com

² VirreySolis IPS, Colombia, yamilena@virreysolisips.com.co

³ VirreySolis IPS, yaquelinmj@virreysolisips.com.co

⁴ VirreySolis IPS, dianacn@virreysolisips.com.co

⁵ VirreySolis IPS, paolapo@virreysolisips.com.co

⁶ VirreySolis IPS, MarlenCH@virreysolisips.com.co

Palabras clave: PrEP, PEP, Conocimientos, Prevención combinada

Introducción:

En Colombia entre el 01 de febrero del 2022 y el 31 de enero del 2023, se detectaron 14640 nuevos casos de infección por VIH, de los cuales el 36 % estaban en fase SIDA. Las estrategias de prevención combinada establecidas por la OMS pueden lograr la meta de tener menos de

200.000 nuevas infecciones en el año 2030 sin embargo no son conocidas masivamente en las poblaciones clave y menos en la población general. El uso del preservativo, la PrEP y la PEP podrían evitar nuevas infecciones, pero es necesario que las personas sepan que estas estrategias existen, por lo que saber que tanto las conocen personas con un diagnóstico reciente puede darnos una idea de la situación

Objetivos:

Conocer qué información tienen las personas que se acaban de diagnosticar con infección por VIH frente a las estrategias de PrEP y PEP conocimientos previos que traen las personas con diagnóstico nuevo de infección por VIH al ingresar a un programa de atención integral

Métodos:

Estudio descriptivo de corte transversal, en el que se realizó una encuesta anónima a todas las personas que autorizaron contestar y que aceptaron hacerlo en el momento que son ingresados al programa de atención integral con un diagnóstico nuevo de infección por VIH. La encuesta la realiza el paciente en el celular del profesional de enfermería de forma anónima y si tiene alguna duda se le aclara durante la consulta con enfermería.

Resultados:

Se realizaron 213 encuestas desde el 01 de marzo del 2023 hasta el 31 de marzo del 2023 en 13 ciudades de Colombia a personas con diagnóstico reciente (menos de 1 mes). Solo el 35.7% de los encuestados conocía que era la PrEP y solo el 24.4% conocía que era la PEP

Frente al uso del preservativo, el 19.2% manifestó haber usado preservativo en todas las relaciones sexuales en los últimos 12 meses, mientras que hubo cerca de un 9% que tuvo más de 50 relaciones sexuales no protegidas en los últimos 12 meses previos al diagnóstico.

Conclusiones:

En esta muestra de pacientes con diagnóstico reciente, se encuentra poco conocimiento de las estrategias PrEP y PEP, así como del uso del preservativo en las relaciones sexuales 12 meses antes del diagnóstico, un reto implementar la prevención combinada en nuestro país.

Conoce usted que es la PrEP también llamada profilaxis pre-exposición?

213 respuestas

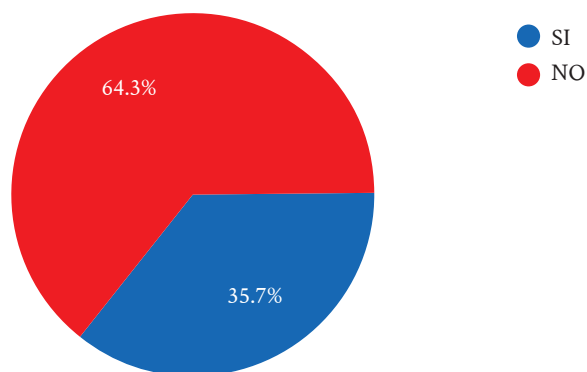


Figura 1.

Entre el 01 de enero y el 31 de diciembre del 2022 cuantas relaciones sexuales sin uso de condón tuvo con una mujer o múltiples parejas?

213 respuestas

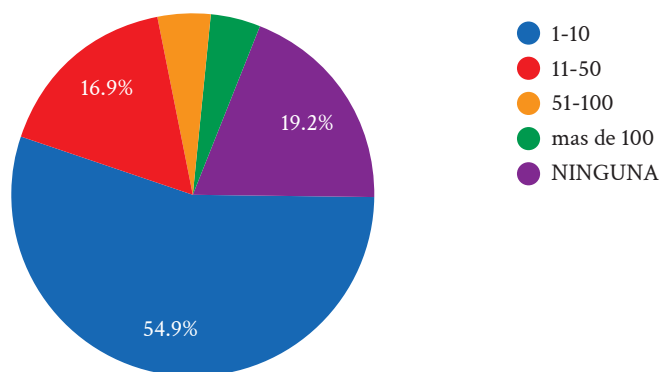


Figura 2.

Co10 - Epidemiología descriptiva de 25 años de neoplasias en pacientes con infecciones por VIH en Chile

Descriptive epidemiology of 25 years of neoplasms in patients with HIV infections in Chile

Catherine Vera Araya¹, Claudia P. Cortes²

¹ Facultad de Medicina Universidad de Chile. Hospital Clínico San Borja Arriarán & Fundación Arriarán, caterinevera@gmail.com

² Universidad de Chile Facultad de Medicina Universidad de Chile. Hospital Clínico San Borja Arriarán & Fundación Arriarán, cpcortes@uchile.cl

Palabras clave: VIH, SIDA, neoplasias, cáncer

Introducción:

La infección por virus de inmunodeficiencia humana (VIH) se ha convertido en una enfermedad crónica tratable, cuya morbimortalidad se ha modificado con el uso de TAR (terapia antirretroviral), disminuyendo las patologías asociadas al SIDA (síndrome de inmunodeficiencia adquirida) y evidenciándose en la actualidad, como principales comorbilidades en personas que viven con VIH (PPVIH) las enfermedades cardiovasculares y neoplasias no definitivas de SIDA.

Objetivo(s):

Describir características epidemiológicas, clínicas y de laboratorio de personas con infección por VIH que presentaron cáncer entre los años 2000 y 2024 en control en el Hospital Clínico San Borja Arriarán & Fundación Arriarán, Chile.

Métodos:

Revisión retrospectiva de PPVIH que se mantienen en control en Fundación Arriarán, principal centro de atención VIH en el país, entre los 2000 a 2024, incluidos en la base de datos CCASAnet (The Caribbean, Central and South America network for HIV epidemiology). Se analizó datos relacionados con el sexo, edad, diagnóstico de cáncer, tipo de cáncer, carga viral VIH y recuento de CD4 al momento del diagnóstico.

Resultados:

De un total de 7.220 pacientes, en control desde el año 2000 al 2024, se identificaron 454 diagnósticos de neoplasia, con una prevalencia de 6% (IC 95% 5.7-6.8). El 85% de los casos se presentaron en hombres. Las neoplasias más frecuentes fueron sarcoma de Kaposi (n=239, 52.6%), neoplasias hematológicas (n=102, 22.4%) y luego neoplasias sólidas como cáncer testicular (n=15, 3.3%), cáncer de piel (n=12, 2.6%) y cuello uterino (n=11, 2.4%). De los pacientes que presentaron sarcoma de Kaposi, se encontraban con mayor probabilidad en estadio C3, el 62% con recuento TCD4 <200 y 89% con carga viral VIH >20 copias al momento del diagnóstico. De los pacientes con neoplasias hematológicas, el 45% presentaba un recuento TCD4 <200 y un 88% carga viral VIH >20 copias. Los pacientes que desarrollaron neoplasias sólidas no relacionadas al VIH se encontraban con mayor probabilidad con recuento TCD4 >200 y con carga viral VIH indetectable.

Conclusiones:

Los hallazgos presentados son concordantes con los descritos en la literatura, en la actualidad, el envejecimiento de la población y mayor expectativa de vida de personas que viven con VIH ha determinado un lento cambio en las causas de morbilidad y mortalidad. Conocer las características epidemiológicas y el perfil de las neoplasias que presentan las personas que viven con VIH, nos permitirán enfocar de mejor manera las políticas públicas, esfuerzos de prevención y screening en la atención de nuestros pacientes.

C011 - Inmunidad al VIH por trasplante de médula ósea: un enfoque innovador en la lucha contra la infección

HIV Immunity through Bone Marrow Transplantation: An Innovative Approach in the Fight Against the Infection

Rubén Alejandro Espinosa Cabrera¹, Carolina Sánchez Sánchez²

¹ Universidad de la Salud del Estado de Puebla, rubenalejandrovrij@gmail.com

² Universidad de la Salud del Estado de Puebla, carolina.sanchez9117@gmail.com

Palabras clave: Inmunidad, CCR5, VIH y Trasplante de médula ósea

Introducción:

El Virus de Inmunodeficiencia Humana (VIH) es una enfermedad compleja que ataca el sistema inmunológico, debilitándose progresivamente. Aunque los tratamientos antirretrovirales son efectivos, no existe una cura definitiva. Sin embargo, se han documentado casos en los que el organismo desarrolla inmunidad tras recibir un trasplante de médula ósea de un donante con una mutación específica en el gen CCR5, lo que impide la entrada del virus a las células.

Objetivo:

Recopilar información sobre el VIH y la inmunidad adquirida mediante trasplante de médula ósea, analizando sus posibles aplicaciones.

Métodos:

Se realizó una búsqueda en bases de datos científicas como Google Académico, PubMed y SciELO, utilizando las palabras clave: “inmunidad”, “CCR5”, “VIH” y “trasplante de médula ósea”. Se identificaron 30 artículos, a los cuales se les aplicaron criterios de inclusión y exclusión, reduciendo el número a 10. Posteriormente, una búsqueda manual permitió seleccionar 5 estudios relevantes, los cuales fueron analizados en profundidad.

Resultados:

En tres pacientes con VIH que requirieron un trasplante de médula ósea por enfermedades hematológicas, se observó una disminución drástica de la carga viral tras el procedimiento. Al suspender el tratamiento antirretroviral, no se detectó virus en plasma. El análisis genético reveló que las células del donante presentaban una mutación en el gen CCR5, lo que confería resistencia al VIH.

Este gen codifica un correceptor crucial para la entrada del virus a las células inmunitarias. Las quimiocinas que se unen a CCR5 y CXCR4, especialmente RANTES y SDF, pueden inhibir la infección del VIH, actuando como un potente mecanismo antiviral in vivo.

Conclusiones:

Estos hallazgos tienen importantes implicaciones en el tratamiento y prevención del VIH. El trasplante de médula ósea podría representar una opción terapéutica para pacientes con VIH que han desarrollado resistencia a los antirretrovirales. Además, el estudio de la inmunidad adquirida mediante esta técnica podría contribuir al desarrollo de nuevas estrategias terapéuticas y preventivas, incluyendo vacunas y terapias génicas dirigidas a modificar CCR5. Aunque el trasplante de médula ósea no es una solución ampliamente aplicable debido a sus riesgos y limitaciones, su éxito en estos casos abre nuevas líneas de investigación para combatir el VIH y avanzar hacia una posible cura funcional.

C012 - Burden of subclinical coronary atherosclerosis by computed tomography angiography in people living with HIV in Peru

Carga de aterosclerosis coronaria subclínica mediante angiografía por tomografía computarizada en personas que viven con VIH en Perú

Moises A. Huaman¹, Alberto La Rosa², Jose Narrea³, Javier R. Lama⁴, Bin Zhang⁵, Mey Leon⁶, Javier Valencia⁷, Sara E. Ramirez⁸, Rocio Egoavil-Espejo⁹, Marilyn Vilchez¹⁰, Monica Sanchez¹¹, Lorenzo Giarletta¹², Marly van Assen¹³, Sandra Andorf¹⁴, Claire Chougnet¹⁵, Calo N. De Cecco¹⁶, Chris T. Longenecker¹⁷

¹ University of Cincinnati, USA, huamanms@ucmail.uc.edu

² Asociación Civil Impacta Salud y Educación, Perú, alarosa@impactaperu.org

³ Asociación Civil Impacta Salud y Educación, Perú, jnarrea@impactaperu.org

⁴ Asociación Civil Impacta Salud y Educación, Perú, jrlama@impactaperu.org

⁵ Cincinnati Children's Hospital Medical Center, USA; University of Cincinnati, USA, Bin.Zhang@cchmc.org

⁶ Asociación Civil Impacta Salud y Educación, Perú, mleon@impactaperu.org

⁷ Asociación Civil Impacta Salud y Educación, Perú, jvalencia@impactaperu.org

⁸ Clínica Internacional, Perú, sararamirezfl712@gmail.com

⁹ University of Cincinnati, USA, egoavirr@ucmail.uc.edu

¹⁰ Asociación Civil Impacta Salud y Educación, Perú, mvilchez@impactaperu.org

¹¹ Asociación Civil Impacta Salud y Educación, Perú, msanchez@impactaperu.org

¹² Emory University, USA, lorenzo.giarletta@gmail.com

¹³ Emory University, USA, marly.van.assen@emory.edu

¹⁴ Cincinnati Children's Hospital Medical Center, USA; University of Cincinnati, USA, Sandra.Andorf@cchmc.org

¹⁵ Cincinnati Children's Hospital Medical Center, USA; University of Cincinnati, USA, Claire.Chougnet@cchmc.org

¹⁶ Emory University, USA, carlo.dececco@emory.edu

¹⁷ University of Washington, USA, ctlongen@uw.edu

Keywords: HIV; coronary artery disease; computed tomography angiography; Peru

Introduction:

Prior studies reported that about a third of people without HIV aged 40–75 years have subclinical coronary artery disease (CAD). However, little is known about subclinical CAD in people with HIV (PWH), particularly in Latin America.

Objectives:

To estimate the prevalence and factors associated with subclinical CAD in PWH in Lima, Peru.

Methods:

We analyzed cross-sectional data from asymptomatic PWH 40–75 years of age who were enrolled between February 2023 and December 2024 in the ongoing CATHIA study in Lima, Peru. All participants were on stable antiretroviral therapy and had no known history of atherosclerotic disease. Participants underwent coronary computed tomography angiography (CCTA) and provided blood for lipid profiling, glycosylated hemoglobin, and HIV viral load. CAD was defined as presence of atherosclerotic plaque in any coronary segments evaluated by CCTA clinical reports. Obstructive CAD was defined as presence of plaque causing >50% luminal stenosis in any coronary segment. Logistic regressions were used to investigate the relationship between CAD and the Pooled Cohort Equations 10-year atherosclerotic cardiovascular disease (ASCVD) risk score, traditional cardiovascular factors, HIV-related factors, and poverty likelihood (2012 Peru Simple Poverty Scorecard®).

Results:

Data from 384 PWH were included (Table). Of those, 52 (14%) were female; median age was 47 years (interquartile range [IQR], 42–52). The median duration of HIV infection was 12.0 years (IQR, 8.7–16.0). Most (87%) antiretroviral regimens were integrase inhibitor-based, and 99% had HIV viral load ≤ 200 copies/mL. No participants were on lipid-lowering medications. Reported comorbidities included hypertension (10%), dyslipidemia (9%), diabetes mellitus (3%), and current smoking (20%). The median 10-year ASCVD risk score was 2.8% (IQR, 1.3%–4.8%). Overall, the prevalence of CAD was 48% (184/384), with obstructive CAD present in 9% (33/384). ASCVD risk score was associated with CAD (odds ratio [OR], 1.22; 95%CI, 1.13–1.32). Older age (aOR per 10 years, 2.60, 95%CI, 1.85–3.65), higher BMI (aOR per 5 kg/m², 1.40, 95%CI, 1.08–1.81), and current smoking (aOR, 2.55; 95%CI, 1.48–4.42) were independently associated with CAD after multivariable model selection under stepwise criteria (**Figure 1**). HIV-related factors and poverty scores were not associated with CAD in models that adjusted for ASCVD score.

Conclusions:

About half of PWH on chronic antiretroviral therapy with low-to-moderate ASCVD risk had subclinical coronary artery disease. These findings highlight the need for implementation of non-pharmacological and pharmacological interventions to address modifiable cardiovascular risk factors and prevent ASCVD events in PWH in the region.

Table 1. Characteristics of the study population by coronary artery disease (CAD)

Characteristics	Total (n=384)	CAD (n=184)	No CAD (n=200)
Age, years (median, IQR)	47 (42, 52)	49 (44, 56)	45 (42, 49)
Female sex at birth, n (%)	52 (14%)	22 (12%)	30 (15%)
History of diabetes, n (%)	10 (3%)	5 (3%)	5 (3%)
History of dyslipidemia, n (%)	35 (9%)	17 (9%)	18 (9%)
History of hypertension, n (%)	37 (10%)	26 (14%)	11 (6%)
Current smoking, n (%)	78 (20%)	49 (27%)	29 (15%)
Family history of CAD, n (%)	53 (14%)	30 (16%)	23 (12%)
BMI kg/m ² (median, IQR)	26.8 (24.4, 29.2)	27.3 (24.9, 30.1)	26.5 (24.2, 28.4)
SBP mmHg (median, IQR)	110 (100, 120)	110 (108, 120)	110 (100, 120)
DBP mmHg (median, IQR)	70 (60, 80)	70 (63, 80)	70 (60, 73)
Total cholesterol, mg/dL (median, IQR)	170.4 (152.1, 197.8)	173.1 (153.4, 200.5)	169.5 (149.7, 196.8)
HDL mg/dL (median, IQR)	38.3 (32.9, 45.4)	37.9 (31.5, 44.5)	38.8 (33.5, 46.2)
LDL mg/dL (median, IQR)	102 (81, 122)	102.1 (79, 121.8)	102 (81, 124)
Triglycerides (median, IQR)	133.4 (97, 194)	141.2 (107, 195)	127.7 (89.4, 181)
Hb A1c, % (median, IQR)	5.5 (5.2, 5.8)	5.5 (5.3, 5.8)	5.5 (5.2, 5.7)
10-year ASCVD score	2.8% (1.3, 4.8)	3.8% (1.9, 7)	2.1% (1.1, 3.5)
HIV-related factors			
Years since HIV diagnosis (median, IQR)	12 (8.7, 16)	12.4 (9.1, 16.8)	11.5 (7.6, 15.5)
Antiretroviral regimen*			
Integrase inhibitor-based	332 (87%)	156 (85%)	176 (88%)
NNRTI-based	36 (9%)	19 (10%)	17 (8%)
PI or PI/INSTI-based	16 (4%)	9 (5%)	7 (4%)
HIV viral load			

Table 1. (Continuation).

Characteristics	Total (n=384)	CAD (n=184)	No CAD (n=200)
Undetectable	330 (86%)	152 (83%)	178 (89%)
≤200 copies/mL	51 (13%)	30 (16%)	21 (10%)
>200 copies/mL	3 (1%)	2 (1%)	1 (1%)
Most recent CD4 count	681 (506, 889)	691 (530, 897)	674 (493, 885)
Poverty likelihood			
Simple Poverty scorecard®	70 (63, 74)	69 (63, 74)	70 (63, 74)

* Five participants (1.3%) were receiving abacavir as part of their NRTI regimen.

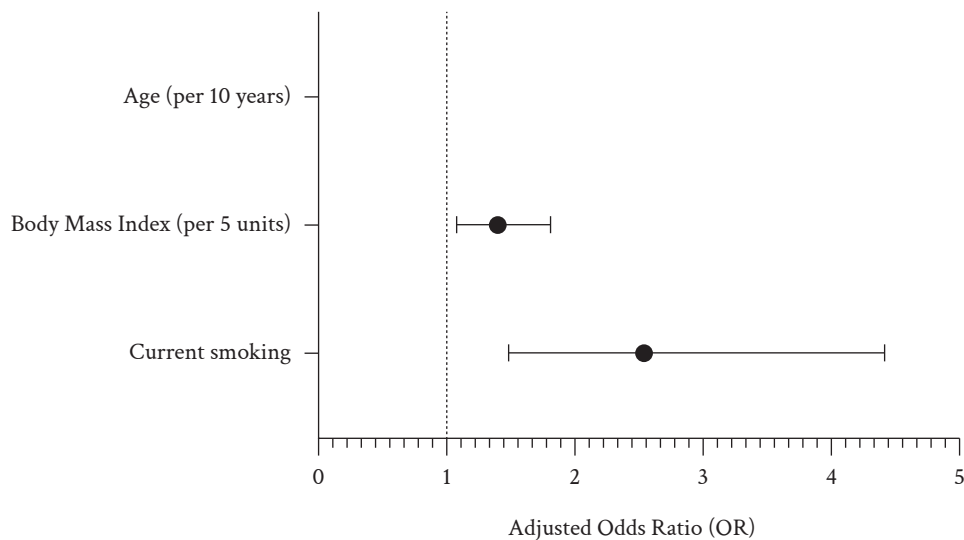


Figure 1. Results of multivariable logistic regression model of individual traditional cardiovascular risk factors and their relationship with coronary artery disease (CAD) in people with HIV in Lima, Peru. Results are presented as adjusted odds ratios (aOR) accompanied by their 95% confidence intervals.

C013 - Patrones epidemiológicos y clínicos de infecciones por VPH de alto riesgo en mujeres peruanas: un análisis integral en un laboratorio privado de Lima-Perú (2022-2024)

Epidemiological and clinical patterns of high-risk HPV infections in Peruvian women: A comprehensive analysis in a private laboratory in Lima, Peru (2022–2024)

Juan Carlos Gómez de la Torre Pretell¹, Ari Frenkel², Miguel Hueda-Zavaleta³, Gustavo Tapia Sequeiros⁴, Carlos Chavez-Lencinas⁵, Alicia Rendon⁶, José Alonso Cáceres⁷

¹ Laboratorios Roe, Perú, jgomez@labroe.com

² Arkstone Medical Solution, USA, afrenkel@arkstonemedical.com

³ Universidad privada de Tacna, Perú, mighueda@virtual.upt.pe

⁴ Universidad privada de Tacna, Perú, gtapseq@gmail.com

⁵ Hospital Rebagliati Perú, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú, cchavezl1@unmsm.edu.pe

⁶ Arkstone Medical Solution, USA, arendon@arkstonemedical.com

⁷ Laboratorios Roe, Perú, jcaceres@labroe.com

Palabras clave: VPH, Tamizaje VPH, Ca de Cervix

Introducción:

El virus del papiloma humano (VPH) es la infección de transmisión sexual más común y un factor clave en el desarrollo del cáncer de cuello uterino. En América Latina, y particularmente en el Perú, la carga de enfermedad asociada al VPH es alta, lo que resalta la necesidad de comprender su epidemiología local para optimizar las estrategias de prevención y control. Este estudio tuvo como objetivo analizar la prevalencia, distribución genotípica y factores de riesgo asociados a las infecciones por VPH de alto riesgo en mujeres de Lima, Perú.

Objetivos:

Determinar la prevalencia de infección por VPH de alto riesgo en mujeres peruanas, identificar los genotipos más frecuentes y evaluar los factores de riesgo asociados a la infección.

Material y Métodos:

Se realizó un estudio transversal y retrospectivo basado en el análisis de muestras endocervicales procesadas mediante el sistema de reacción en cadena de polimerasa (PCR) Cobas® 6800, que detecta los genotipos 16, genotipos 18, y otros genotipos de alto riesgo (31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 68, 66) de VPH, en un laboratorio privado de Lima entre 2022 y 2024. Se recolectaron datos clínicos, epidemiológicos, y antecedentes de lesiones cervicales en una ficha de recolección de datos. Se aplicaron análisis estadísticos descriptivos, bivariados y multivariados para identificar asociaciones significativas.

Resultados:

Se incluyeron 7,742 muestras endocervicales. La prevalencia de infección por VPH de alto riesgo fue del 26.2% (2,030/7,742). El genotipo más frecuente fue el VPH-16 (16.3%), seguido de otros genotipos de alto riesgo (68.6%), mientras que el VPH-18 se detectó en el 3.15% de los casos. El análisis de Poisson reveló una mayor prevalencia de infección por VPH de alto riesgo en mujeres con dos o más parejas sexuales (RPa: 1.05) y que usaron anticonceptivos orales (RPa: 1.04). Mientras que las mujeres con 1 a 2 partos presentaron una menor prevalencia (RP: 0.93).

Conclusiones:

Los hallazgos resaltan la necesidad de fortalecer las estrategias de tamizaje y prevención, incluyendo la vacunación y el acceso equitativo a servicios de salud sexual y reproductiva. Además, los resultados subrayan la importancia de la detección molecular para una intervención temprana.

Tabla 1. Características sociodemográficas y epidemiológicas en pacientes infectadas y no infectadas por VPH.

	Con Infeccion por VPH	Sin Infeccion por VPH	p
Número de pacientes	2017(26.19%)	5683(73.80%)	<0.0001*
Edad (años) promedio (IC)	36.96 (36.46-37.46)	40.47(40.19-40.76)	
Fuma			
Si	160(7.88%)	329(5.76%)	0.0008 **
No	1826(89%)	5223(91.4%)	
No determina	44(2.17%)	158(2.77%)	
Ingiere bebidas alcoholicas			
Si ingiere regularmente	548(27%)	1244(21.78%)	0.0001 **
No ingiere regularmente	1377(67.83%)	4142(72.51%)	
No determina	105(5.17%)	325(5.69%)	
Edad primera relación sexual (años)	25.3 (24.4-26.2)	28.1 (27.4-28.7)	<0.0001*
Número de parejas sexuales previa a la prueba			
De 1 a 2 parejas sexuales	1440(77.34%)	4311(84%)	0.0001 **
De 3 a 5 parejas sexuales	421(22.61%)	816(15.9%)	
De 6 a 10 parejas sexuales	0	1(0.02%)	
->10 parejas sexuales	1(0.05%)	4(0.08%)	
¿Conoce si su pareja actual tuvo RS previas?			
Si	1320(65.68%)	3580(62.68%)	0.025 **
No	462(22.76%)	1280(22.41%)	
No determina	248(12.22%)	851(14.90%)	
Número de parejas sexuales, promedio (IC)	3.29 (3.15-3.43)	2.97 (2.89-3.06)	0.0001 *
Número de embarazos			
De 1 a 2 embarazos	688(61.48%)	2358(59.43%)	0.0001 **
De 3 a 5 embarazos	342(30.56%)	1412(35.58%)	
De 6 a 10 embarazos	41(3.66%)	99(2.49%)	
>10 embarazos	48(4.29%)	99(2.49%)	
Numero de Partos			
De 1 a 2 partos	676(70.86%)	2653(73.41%)	0.001 **
De 3 a 5 partos	216(22.64%)	833(23.05%)	
De 6 a 10 partos	16(1.68%)	30(0.83%)	
>10 partos	46(4.82%)	98(2.71%)	

Tabla 1. (Continuación).

	Con Infeccion por VPH	Sin Infeccion por VPH	p
Esta vacunada contra VPH			
Si	277(13.65%)	623(10.91%)	0.007 **
No	1616(79.61%)	4725(82.72%)	
No determina	137(6.75%)	363(6.36%)	
En vacunadas: Edad de vacunacion	25.70(24.22-27.19)	26.45(25.46-27.45)	0.4007*
En vacunadas: Tipo de vacuna recibida			
Bivalente	24(13.11%)	54(15.03%)	0.179 **
Tetravalente	42(22.95%)	104(29.13%)	
Nonavalente	117(63.93%)	199(55.74%)	
Uso de anticonceptivos			
Si	920(45.32%)	2121(37.15%)	0.0001 **
No	987(48.62%)	3089(54.11%)	
No determina	123(6.06%)	499(8.74%)	
En usuarias de AO, Tiempo de uso (años)			
Resultado de Papanicolaou			
Negativo	996(49.06%)	3552(62.18%)	0.0001 **
Positivo	581(28.62%)	934(16.35%)	
No determina	400(19.70%)	1091(19.10%)	
¿Antecedente de lesiones en cuello uterino?			
Si	756(37.24%)	1914(33.51%)	0.006 **
No	1045(51.48%)	3195(55.93%)	
No determina	229(11.28%)	600(10.5%)	
Tipo de VPH			
VPH Genotipo 16	331(16.31%)		
VPH Genotipo 18	64(3.15%)		
Otro Genotipo de alto riesgo	1392(68.57%)		
Coinfección	243(11.97%)		

VPH: virus papiloma humano, CI = intervalos de confianza, RS: relaciones sexuales, AO: anticonceptivos orales, ** chi2, * T de student

Tabla 2. Análisis de regresión de Poisson para evaluar la razón de prevalencia cruda y ajustada de infección por VPH de alto riesgo.

	N	RPc ¹	95% CI ¹	p-value	RPa	95% CI ¹	p-value
Edad	7,698	1	1.0, 1.00	<0.001			
Fuma	7,538						
No		-	-		-	-	
Si		1.05	1.02, 1.09	<0.001	1.02	0.99, 1.06	0.232
Ingiera bebidas alcohólicas	7,311						
No		-	-		-	-	
Si		1.05	1.03, 1.06	<0.001	1	0.98, 1.02	0.95
Edad Primera Relacion sexual	6,961	1	1.0, 1.00	0.003			
Número de Parejas Sexuales	7,740						
Ninguno		-	-		-	-	
1 PS		0.98	0.95, 1.01	0.157	0.97	0.94, 1.01	0.107
2PS		1.07	1.04, 1.10	<0.001	1.05	1.01, 1.09	0.011
≥3PS		1.09	1.06, 1.13	<0.001	1.06	1.02, 1.10	0.002
Actual Pareja conocida	6,642						
Relaciones Sexuales previas							
No		-	-		-	-	
Si		1	0.98, 1.02	0.736			
Número de embarazos	7,596						
Ninguno		-	-		-	-	
1 a 2 embarazos		0.91	0.90, 0.93	<0.001	0.98	0.95, 1.02	0.303
3 a 4 embarazos		0.89	0.87, 0.91	<0.001	0.97	0.93, 1.01	0.189
≥5 embarazos		0.93	0.89, 0.97	<0.001	0.99	0.93, 1.06	0.809
Número de partos	7,598						
Ninguno		-	-		-	-	
1 a 2 partos		0.9	0.88, 0.91	<0.001	0.93	0.90, 0.96	<0.001
3 a 4 partos		0.9	0.88, 0.92	<0.001	0.94	0.90, 0.99	0.018
≥5 partos		0.94	0.88, 1.01	0.102	0.97	0.88, 1.07	0.57
Vacuna contra el VPH	7,241						
No		-	-		-	-	
Si		1.04	1.02, 1.07	<0.001	1	0.98, 1.03	0.713
Uso de Anticonceptivos	7,117						
No		-	-		-	-	
Si		1.05	1.03, 1.07	<0.001	1.04	1.02, 1.05	<0.001

RPc: razones de prevalencia crudos, RPa: razones de prevalencia ajustados, CI = intervalos de confianza

Co19 - Continuidad de atención a pacientes con VIH en crisis sanitarias: lecciones de la COVID-19

Continuity of care for patients with HIV during health crises: Lessons from COVID-19

Maria L Inchaustegui¹, Valeria Gordillo-Leo², Sebastian Meza-Enriquez³, Antonella Irala-Lazo⁴, Marcos Sergio Munive Guerrero⁵, Eduardo Gotuzzo⁶

¹ Facultad de Medicina Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú, maria.inchaustegui@upch.pe

² Facultad de Medicina Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú, valeria.gordillo@upch.pe

³ Facultad de Medicina Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú, eduardo.meza@upch.pe

⁴ Facultad de Medicina Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú, antonella.iral@upch.pe

⁵ Centro de Salud Especializado Raul Patrucco Puig, Lima, Perú, scoram1809@yahoo.com

⁶ Instituto de Medicina Tropical "Alexander von Humboldt", Lima, Perú eduardo.gotuzzo@upch.pe

Palabras clave: VIH, COVID-19, Crisis Sanitaria

Introducción:

Las crisis sanitarias pueden interrumpir la atención del VIH. La pandemia de COVID-19 impactó gravemente estos servicios, con disminuciones en pruebas, consultas, adherencia al tratamiento y supresión viral.

En países de ingresos altos, la atención del VIH mostró resiliencia gracias a la telesalud y la entrega domiciliar de medicamentos. En cambio, los países de bajos ingresos, como Perú, enfrentaron interrupciones significativas. Tras los confinamientos, las pruebas de VIH disminuyeron 8.33% y 87,000 personas con VIH vieron afectada su atención.

Objetivo(s):

Describir el número de pacientes enrolados en el Centro de Salud Raúl Patrucco Puig (Centro de Salud) antes y durante la pandemia, comparando datos con periodos de confinamiento, cierre temporal de servicios de VIH en el primer nivel de atención y tendencias nacionales para resaltar la importancia de la continuidad del cuidado en crisis sanitarias.

Métodos:

Estudio observacional retrospectivo que describe el enrolamiento de pacientes diagnosticados con VIH en dos periodos: prepandemia (2018-2020) y pandemia (2020-2022). Se incluyeron pacientes ≥18 años con diagnóstico confirmado de VIH, independientemente de su estado de su tratamiento antirretroviral. Se compararon las tendencias de inscripción con los confinamientos y el cierre de servicios de VIH. El estudio cumplió normas éticas, garantizando la confidencialidad y obtuvo aprobación del comité de ética de la Universidad Peruana Cayetano Heredia.

Resultados:

El enrolamiento de pacientes en el Centro de Salud aumentó durante la pandemia en comparación con el periodo prepandemia (361 vs. 42 pacientes). Durante el confinamiento obligatorio y el cierre de servicios de VIH en centros de atención primaria, se observó un aumento en el enrolamiento (155 y 57, respectivamente).

En Lima, los diagnósticos de VIH cayeron de 4,699 en 2019 a 2,638 en 2020, con una recuperación parcial en 2021 (3,843). Sin embargo, el enrolamiento en el centro de salud aumentó significativamente en 2020 y se mantuvo alto en 2021, sugiriendo una relación inversa entre diagnósticos regionales y enrolamiento de pacientes en el Centro de Salud.

Conclusiones:

El Centro de Salud experimentó un aumento en el enrolamiento de pacientes durante este período. Este incremento coincidió con los confinamientos obligatorios y el cierre de servicios de VIH en atención primaria. A nivel regional, los diagnósticos de VIH disminuyeron en 2020, pero el aumento en el enrolamiento en el Centro de Salud indica una posible redistribución de la demanda hacia los centros especializados que brindaban servicios. Estos hallazgos destacan la importancia de estrategias que garanticen el acceso ininterrumpido a la atención del VIH en crisis sanitarias.

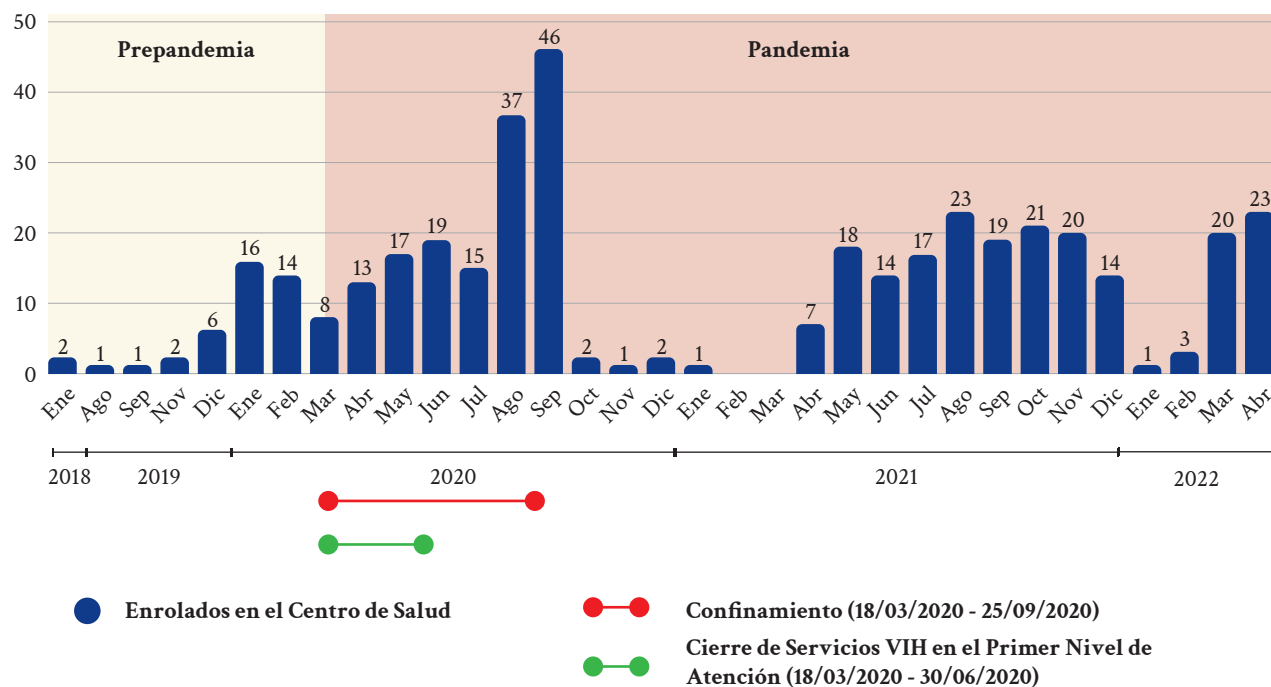


Figura 1. Pacientes enrolados en el Centro de Salud en los periodos prepandemia y pandemia.

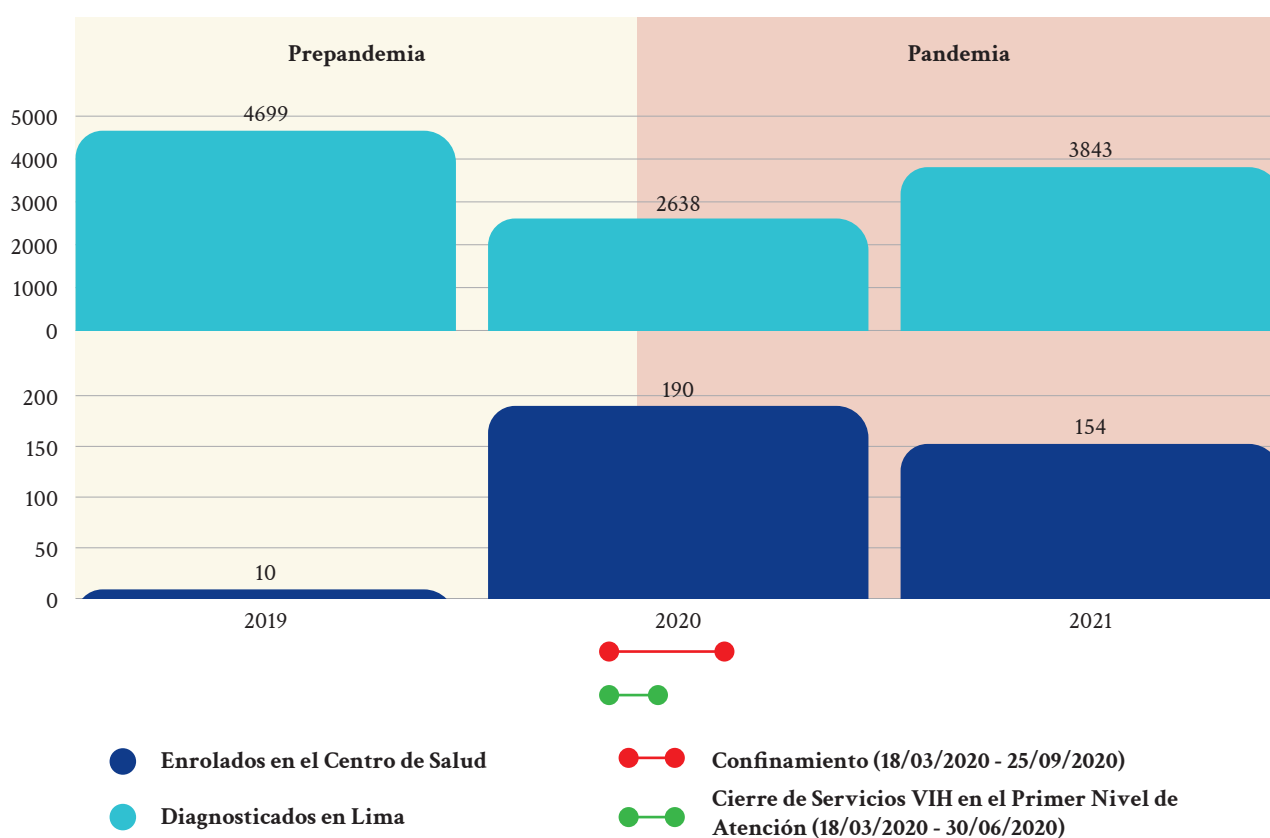


Figura 2. Pacientes enrolados en el Centro de Salud y diagnosticados con VIH en la región de Lima durante los periodos prepandemia y pandemia

Co20 - Impacto de la pandemia de COVID-19 en la atención de personas que viven con el VIH/SIDA

Impact of the COVID-19 Pandemic on the care of people living with HIV/AIDS

Valeria Gordillo-Leo¹, Maria L Inchaustegui², Antonella Irala-Lazo³, Sebastian Meza-Enriquez⁴, Marcos Sergio Munive Guerrero⁵, Eduardo Gotuzzo⁶

¹ Facultad de Medicina Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú, valeria.gordillo@upch.pe

² Facultad de Medicina Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú, maria.inchaustegui@upch.pe

³ Facultad de Medicina Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú, antonella.iralala@upch.pe

⁴ Facultad de Medicina Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú, eduardo.meza@upch.pe

⁵ Centro de Salud Especializado Raul Patrucco Puig, Lima, Perú, scoram1809@yahoo.com

⁶ Instituto de Medicina Tropical "Alexander von Humboldt", Lima, Perú, eduardo.gotuzzo@upch.pe

Palabras clave: Infecciones por VIH, COVID-19, Atención a la Salud

Introducción:

La pandemia de COVID-19 desafió a la salud global, afectando la prevención, diagnóstico y tratamiento del VIH. En Perú, antes de la pandemia, la epidemia de VIH se consideraba controlada. Sin embargo, las restricciones por la COVID-19 y la suspensión de servicios ambulatorios representaron una amenaza adicional para las personas que viven con el VIH/SIDA (PVVS).

Objetivo(s):

Describir el impacto de la pandemia de COVID-19 en PVVS en Lima, comparando características sociodemográficas e indicadores clínicos antes y durante la pandemia en la primera consulta médica y en los seguimientos a los 6 y 12 meses.

Métodos:

Este estudio observacional retrospectivo se realizó en el Centro de Salud Raúl Patrucco Puig en Lima, durante los períodos pre-pandemia (2018-2020) y pandemia (2020-2022).

Se incluyeron pacientes ≥ 18 años con diagnóstico de VIH. Se definió como naive a aquellos sin atención médica previa para VIH y no naive a aquellos que habían recibido atención en otro centro de salud. Las variables analizadas incluyeron características sociodemográficas, clínicas y terapéuticas.

Se realizaron análisis estadísticos con prueba exacta de Fisher, suma de rangos de Wilcoxon y Chi-cuadrado de Pearson, considerando $p < 0.05$ como significativo. El estudio cuenta con las aprobaciones éticas correspondientes.

Resultados:

Se enrolaron 42 pacientes en el período pre-pandemia y 361 en el período pandemia. En ambos períodos, la mayoría de enrolados fueron hombres cisgénero, homosexuales y peruanos. Durante la pandemia, aumentaron los antecedentes de infecciones de transmisión sexual (ITS) y hábitos nocivos. No hubo diferencias significativas en la mediana de carga viral y conteo de CD4 entre períodos. En la primera consulta, la infección oportunista más frecuente fue la diarrea crónica y la sífilis fue la co-ITS más frecuente. A los 6 y 12 meses, la mayoría alcanzó la supresión viral, sin diferencias significativas entre períodos. Sin embargo, durante la pandemia, la falla virológica a los 6 meses ($p = 0.015$) y la pérdida en el seguimiento a los 12 meses aumentaron (13.85% vs. 7.14%, $p = 0.3$).

Conclusiones:

La pandemia de COVID-19 impactó en la atención de PVVS. A pesar de que la mayoría alcanzó la supresión viral, se observó un aumento en la tasa de falla virológica y una mayor pérdida en el seguimiento durante la

pandemia. Estos hallazgos resaltan la necesidad de fortalecer los sistemas de salud para garantizar la continuidad de la atención de PVVS en crisis sanitarias

Tabla 1. Características de los pacientes en la primera consulta médica

		Pre-pandemia (N = 42)		Pandemia (N = 361)		<i>p</i> ²
		n	%	n	%	
Sexo						0.7
	Masculino	41	97.62%	341	94.46%	
	Femenino	1	2.38%	20	5.54%	
Edad		26.50 (23 - 33) ¹		30.00 (25 - 38) ¹		34
Nacionalidad						0.9
	Peruana	33	78.57%	283	78.39%	
	Venezolana	9	21.43%	70	19.39%	
	Otras	0	0.00%	8	2.22%	
Identidad de género						>0.9
	Cisgénero	39	92.86%	331	91.69%	
	Transgénero	3	7.14%	30	8.31%	
Orientación sexual						0.3
	Heterosexual	5	11.90%	81	22.44%	
	Homosexual	35	83.33%	258	71.47%	
	Bisexual	2	4.76%	22	6.09%	
Conductas de riesgo						
	Hombres que tienen sexo con hombres (HSH)	38	90.48%	293	81.16%	0.14
	Ser trabajador sexual	5	11.90%	21	5.82%	0.2
	Consumo de drogas	1	2.38%	2	0.55%	0.3
	Alcoholismo	3	7.14%	156	43.21%	<0.001
	Tabaquismo	7	16.67%	99	27.42%	0.13
ITS Previa						
	Sífilis	10	23.81%	123	34.07%	0.2
	Síndrome de descarga uretral (SDU)	4	9.52%	28	7.76%	0.8
Carga viral³						
	Naive	88,209 (49,533 - 186,500) ¹		92,725 (27,050 - 287,750) ¹		>0.9
	No naive	49,134.50 (35 - 113,935.5) ¹		9,930 (20 - 164,500) ¹		0.8
CD4³						
	Naive	291.50 (228.50 - 494.00) ¹		339 (167 - 481.5) ¹		0.8
	No naive	270.00 (156.75 - 731.00) ¹		369 (207.75 - 613.25) ¹		0.6
Coinfección de ITS						
	Sífilis	15	35.71%	82	22.71%	0.62
	Síndrome de descarga uretral (SDU)	2	4.76%	5	1.39%	0.2

Tabla 1. (Continuación).

	Pre-pandemia (N = 42)		Pandemia (N = 361)		<i>p</i> ²
	n	%	n	%	
Infecciones oportunistas					
Diarrea crónica de etiología a determinar	7	16.67%	8	2.22%	<0.001
Tuberculosis pulmonar	2	4.76%	0	0%	0.011
Tuberculosis extrapulmonar	0	0%	3	0.83%	>0.9
Covertura profiláctica: Trimetropim-sulfametoxazol	11,0	26.19%	21	5.82%	<0.001

¹ Mediana (Rango Intercuartílico)² Suma de rangos de Wilcoxon, Prueba exacta de Fisher³ Calculado sobre participantes con datos disponibles, inferior al total de la muestra (N)**Tabla 2.** Seguimiento a los 6 y 12 meses

	Seguimiento a los 6 meses			Seguimiento a los 12 meses		
	Pre-pandemia	Pandemia	p^2	Pre-pandemia	Pandemia	p^2
	N = 39 ¹	N = 323 ¹		N = 38 ¹	N = 288 ¹	
Supresión viral			0.2			>0.9
No (≥200)	0 (0%)	25 (11.47%)		1 (5.26%)	13 (8.84%)	
Sí (<200)	17 (100%)	193 (88.53%)		18 (94.74%)	134 (91.16%)	
CD4³	559 (453 - 704) ¹	551 (335 - 773) ¹	0.7	579.5 (425 - 920.75) ¹	544 (358 - 700) ¹	0.3
Coinfección de ITS						
Sífilis	1 (2.56%)	12 (3.72%)	>0.9	1 (2.63%)	9 (3.13%)	>0.9
Síndrome de descarga uretral (SDU)	0 (0%)	2 (0.62%)	>0.9	0 (0%)	3 (1.04%)	>0.9
Viruela del mono	0 (0%)	3 (0.93%)	>0.9	0 (0%)	3 (1.04%)	>0.9
Infecciones oportunistas						
Diarrea crónica de etiología a determinar	0 (0%)	7 (50.00%)	>0.9	0 (0%)	1 (0.35%)	>0.9
Tuberculosis pulmonar	0 (0%)	3 (21.43%)	>0.9	0 (0%)	2 (0.69%)	>0.9
Tuberculosis extrapulmonar	0 (0%)	5 (35.71%)	>0.9	0 (0%)	2 (0.69%)	>0.9
Adherencia al tratamiento			0.4			-
Buena	39(100.00%)	303 (93.81%)		-	-	
Regular	0 (0%)	12 (3.72%)		-	-	
Mala	0(0%)	8 (2.48%)		-	-	
Falla virológica			0,015			-
Falla al tratamiento	0 (0%)	14 (4.35%)		-	-	
No falla al tratamiento	17 (43.59%)	201 (62.42%)		-	-	
Desconocido	22 (56.41%)	107 (33.23%)		-	-	
Seguimiento			-			0.3
Sin pérdida de seguimiento	-	-		38 (90.48%)	286 (79.22%)	
Pérdida de seguimiento	-	-		3 (7.14%)	50 (13.85%)	
Referido	-	-		1 (2.38%)	25 (6.93%)	

¹ Mediana (Rango Intercuartílico)² Suma de rangos de Wilcoxon, Prueba exacta de Fisher³ Calculado sobre participantes con datos disponibles, inferior al total de la muestra (N)

Co21 - Impacto de la terapia antirretroviral en el metabolismo del hierro y la resistencia a la insulina en PVVIH: análisis del ratio adiponectina/ferritina

Impact of Antiretroviral Therapy on Iron Metabolism and Insulin Resistance in PLWH: Analysis of the Adiponectin/Ferritin Ratio

Elsa Janneth Anaya Ambriz¹, Tania Elisa Holguín Aguirre², Monserrat Alvarez Zavala³, Luz Alicia González Hernández⁴, Jaime F. Andrade Villanueva⁵, Sergio Zuñiga Quiñones⁶, Adriana Valle Rodríguez⁷, Karina Sánchez Reyes⁸

¹ Doctorado en Microbiología Médica, Universidad de Guadalajara, México, elsa.anaya@alumnos.udg.mx

² Unidad de VIH del Antiguo Hospital Civil de Guadalajara "Fray Antonio Alcalde", México, taniaholguinaguirre@gmail.com

³ Instituto de Investigación en Inmunodeficiencias y VIH (InIVIH), Universidad de Guadalajara, México, montserrat.zavala@academicos.udg.mx

⁴ Unidad de VIH del Antiguo Hospital Civil de Guadalajara "Fray Antonio Alcalde", México, luceroga08@gmail.com

⁵ Unidad de VIH del Antiguo Hospital Civil de Guadalajara "Fray Antonio Alcalde", México, drjandradev@gmail.com

⁶ Unidad de VIH del Antiguo Hospital Civil de Guadalajara "Fray Antonio Alcalde", México, infectologosergio@gmail.com

⁷ Unidad de VIH del Antiguo Hospital Civil de Guadalajara "Fray Antonio Alcalde", México, adrianav.md@gmail.com

⁸ Instituto de Investigación en Inmunodeficiencias y VIH (InIVIH), Universidad de Guadalajara, México, karina.sanchez@academicos.udg.mx

Palabras clave: VIH, TAR, Metabolismo del hierro, Resistencia a la insulina, Ratio Adiponectina/Ferritina, DT2

Introducción:

La infección por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) es ahora una condición crónica tratable, gracias a la terapia antirretroviral (TAR), la cual, ha mejorado la esperanza de vida de las personas con VIH (PVVIH). Sin embargo, su uso crónico puede causar efectos secundarios, como acumulación de hierro celular, relacionada con resistencia a la insulina (RI), un precedente de diabetes tipo 2 (DT2), una comorbilidad común en PVVIH. Alteraciones en los niveles de ferritina, transferrina, adiponectina y el Ratio Adiponectina/Ferritina (A/F) están vinculadas con RI, esto destaca la importancia de abordar el metabolismo del hierro para prevenir DT2.

Objetivo(s):

Evaluar el impacto de la TAR en el metabolismo del hierro (Fe, ferritina, transferrina), adiponectina y Ratio A/F en PVVIH, y analizar su relación con RI, a través del índice METS-IR y variantes HOMA.

Métodos:

Estudio transversal y analítico, aprobado por comités de ética y bioseguridad; de noviembre 2022 a enero 2023. Participaron 80 personas: 48 personas PVVIH del Antiguo Hospital Civil, Guadalajara, Jalisco, México, bajo TAR y control virológico, distribuidos en tres grupos: 16-normoglucemia, 16-prediabetes y 16-DT2. Además, se incluyeron 32 personas sin VIH (16 con DT2 y 16 controles). Ferritina, transferrina y adiponectina fueron medidas por ELISA, se analizaron los niveles de hierro, perfil glucémico y lipídico. Análisis estadístico se realizó con los programas GraphPad y SPSS, considerando significativo un valor de $p < 0.05$.

Resultados:

Las PVVIH tienen menos años bajo TAR (6.5 ± 6) contra las PVVIH+preDT2 ($p: 0.0092$). 96% (46) PVVIH tienen una media de 4.5 ± 1 años con Biktarvy. El Fe aumentó significativamente en PVVIH ($p: 0.04$). El ratio A/F fue significativamente menor en PVVIH+DT2 ($p: 0.0224$); $AUC=0.75$ (PVVIH vs. PVVIH+DT2) e IC 95% (0.57-0.9) ($p: 0.01$); el punto de corte fue <0.02 , con sensibilidad y especificidad del 75%, y Likelihood ratio=3; se correlacionó

con METS-IR (r: -0.2), HOMA-IR (r: -0.3), HOMA2-IR (r: -0.3), AST/ALT (r: 0.4), tiempo con Biktarvy (r: 0.1) y HOMA2%S (r: 0.3). El tiempo bajo TAR se correlaciona con ferritina (r:0.2), HbA1c (r:0.2), AST (r:0.4) y ALT (r:0.3).

Conclusiones:

El tiempo bajo TAR influye en el metabolismo del Fe, elevando ferritina y reduciendo adiponectina, lo que podría aumentar la RI. El Ratio A/F es un marcador útil para evaluar alteraciones en el metabolismo del hierro y la sensibilidad a la insulina, con un aumento de ferritina y disminución de adiponectina asociado con un mayor riesgo de RI en PVVIH.

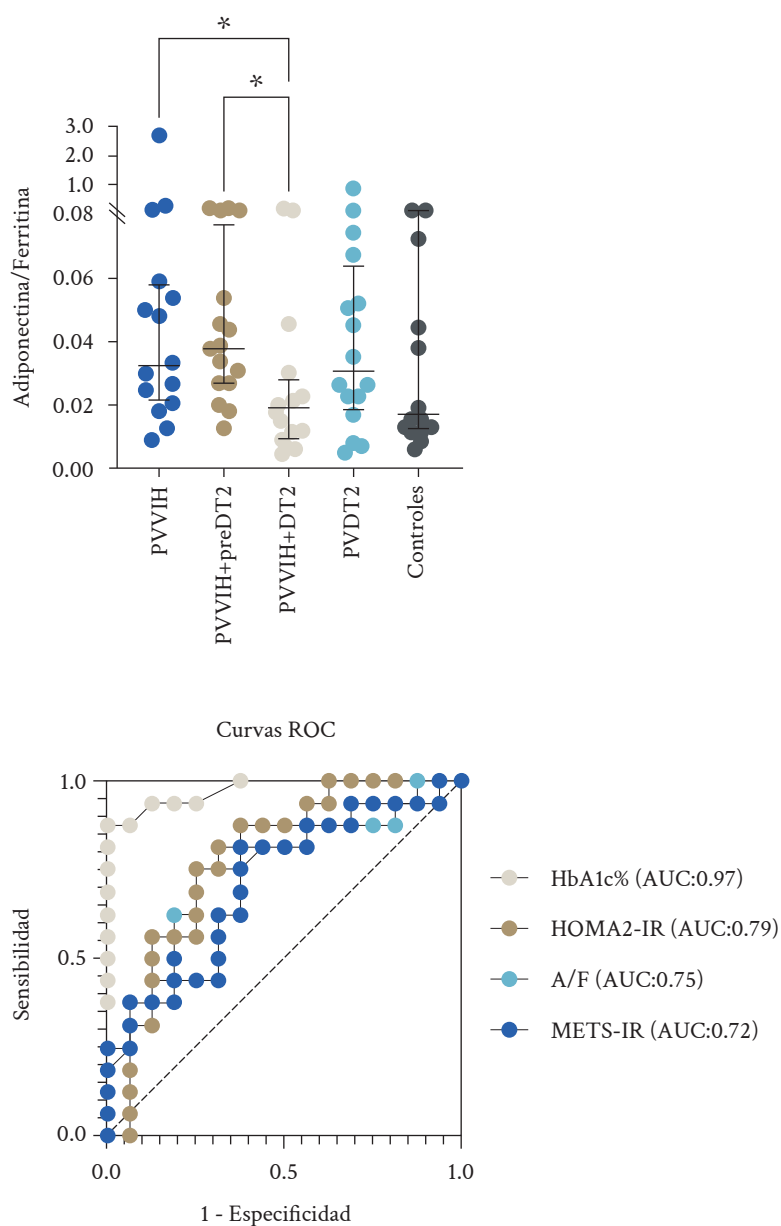


Figura 1.

C022 - Etiología de la fiebre de origen desconocido en pacientes con VIH: una revisión sistemática y metaanálisis

Etiology of Fever of Unknown Origin in Patients with HIV: A Systematic Review and Meta-Analysis

Cesar Copaja-Corzo¹, Dayana Ticona², Daniel Fernandez-Guzman³

¹ Servicio de Infectología. Hospital Nacional Edgardo Rebagliati Martínez, EsSalud, Lima, Perú. Universidad San Ignacio de Loyola, Lima, Perú, Cscopaja@gmail.com

² Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa, Arequipa, Perú, dayana.ticona.29@gmail.com

³ Carrera de Medicina Humana, Universidad Científica del Sur, Lima, Perú, Danferguz@gmail.com

Palabras clave: Fiebre de origen desconocido; Etiología; FOD; Revisión; VIH.

Introducción:

La fiebre de origen desconocido (FOD) es un desafío diagnóstico en medicina, con más de 200 etiologías posibles. Se clasifica en cinco categorías principales: infecciones, neoplasias, trastornos inflamatorios no infecciosos, enfermedades diversas y casos sin diagnóstico. En personas con VIH, la fiebre es una manifestación frecuente, especialmente en etapas avanzadas.

Las infecciones son la causa más común de FOD en pacientes con VIH. No obstante, su diagnóstico sigue siendo un reto clínico, lo que conlleva un uso extensivo de pruebas, hospitalización prolongada y posible sobretratamiento. A pesar de su relevancia, la evidencia disponible es dispersa y, en su mayoría, proviene de reportes de casos o estudios descriptivos. Para mejorar el abordaje de la FOD en VIH, se requiere el desarrollo de algoritmos diagnósticos que prioricen las etiologías más frecuentes.

Objetivo:

Conocer las etiologías más frecuentes de FOD en pacientes con VIH.

Métodos:

Se realizó una búsqueda sistemática en Medline, Embase, Scopus y Web of Science en diciembre de 2024. Se incluyeron estudios observacionales que evaluaron etiologías de FOD en pacientes con VIH. Dos revisores seleccionaron los estudios según criterios de elegibilidad, extrajeron datos y evaluaron el riesgo de sesgo. Se calcularon proporciones agrupadas de los principales grupos etiológicos mediante modelos de efectos aleatorios. Además, se realizaron análisis de subgrupos por continente y análisis de sensibilidad para evaluar heterogeneidad. El protocolo fue registrado en Prospero.

Resultados:

Se incluyeron 23 estudios con 1592 pacientes con VIH. La prevalencia global de FOD fue 9.7% (IC 95 %: 4.7-16.3 %), con mayor frecuencia en Asia (21.8 %) y Sudamérica (17.1 %) en comparación con Europa (8.9 %) y Norteamérica (8.5 %). La tasa de mortalidad agrupada fue 15.2 % (IC 95 %: 5.6-28.2 %), aumentando en estudios con seguimiento ≥24 meses (63.0 %). Las infecciones bacterianas fueron la principal causa de FOD (49.2 % [IC 95 %: 40.8-57.6%]), seguidas de infecciones fúngicas (11.8 %), cánceres no hematológicos (2.1 %) y enfermedades reumatológicas (1.5 %). La tuberculosis fue la etiología más frecuente (27.6%), seguida de micobacterias no tuberculosas (13.4 %), leishmaniasis (10.1 %) y neumonía por *Pneumocystis* (6.6 %).

Conclusiones:

Las infecciones por micobacterias fueron las causas más frecuentes de FOD en pacientes con VIH. El enfoque diagnóstico debe priorizar la tuberculosis extrapulmonar y la infección por micobacterias no tuberculosas.

Tabla 1. Características de los participantes incluidos en el estudios

AUTOR – AÑO	PAÍS	DISEÑO DE STUDIO	RECOLECCIÓN DE DATOS	CRITERIO DE INCLUSIÓN	N	MEDIA DE EDAD	MASCULINO (%)	SIDA (%)
Armstrong 1999	USA	Transversal	Retrospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD	70	36.0 ± 7.0	88	99
Barba 2001	España	Transversal	Prospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD	54	33.7 ± 5.2	51.9	63
Benito 1997	España	Transversal	Retrospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD, sometidos a BMO	123	36.0 ± 10.5	83.7	91.7
Bernabeu 1999	España	Transversal	Prospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD y microabscesos esplénicos	36	33.0 ± 5.2	91	100
Bissuel 1994	France	Transversal	Retrospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD	57	NR	NR	84.2
Buscombe 1991	NR	Transversal	Prospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD o pirexia de origen desconocido	25	32.0 ± 8.9	88	NR
Castaigne 2009	NR	Transversal	Prospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD	10	38 ± 7.7	60.0	80.0
García Ordoñez 1999	España	Transversal	Retrospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD, sometidos a biopsia hepática percutánea	58	31 ± 4.6	77.6	89.6
Karabela 2022	Turquía	Transversal	Retrospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD	18	40.2 ± 17.2	52	NR
Kitkungvan 2008	Tailandia	Transversal	Prospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD	72	38.0 ± 8.4	61	NR
Lambertucci 1999	Brasil	Transversal	Retrospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD	55	38.3 ± 11.2	83.6	67.5
Lozano 1996	España	Transversal	Prospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD	128	37.0 ± 11.2	86.7	86
Lozano 2002	España	Transversal	Retrospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD	117	33.6 ± NR	84	98
Miller 1996	Reino Unido	Transversal	Retrospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD	75	NR	97.3	69.3
Miralles 1995	España	Transversal	Retrospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD	50	30.0 ± 5.0	84	84
Nguyen 2022	Vietnam	Transversal	Retrospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD	195	37.5 ± 8.5	75.4	88.2
Noiperm 2023	Tailandia	Transversal	Retrospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD, sometidos a BMO	108	36.8 ± 2.6	75	NR
Pande 2010	India	Transversal	Retrospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD, sometidos a BMO	30	40.6 ± 10.8	NR	NR
Pereira 2010	Brasil	Transversal	No lo reportan	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD, sometidos a biopsia hepática percutánea	50	35.0 ± 9.8	96	NR
Quesada 2015	USA	Transversal	Retrospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD, sometidos a BMO	57	38.8 ± 8.3	63.1	NR
Rajwanshi 1999	India	Transversal	Retrospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD, sometidos a biopsia esplénica	31	NR	NR	NR
Santos 2004	USA	Transversal	Retrospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD, sometidos a BMO	72	40.5 ± 9.2	69.4	100
Wiboonchutikul 2015	Tailandia	Transversal	Retrospectivo	Pacientes con VIH hospitalizados con FOD, sometidos a biopsia hepática percutánea	101	37.6 ± 6.9	60.4	36.6

VIH: Virus de Inmunodeficiencia Humana SIDA: Síndrome de Inmunodeficiencia Adquirida FOD: Fiebre de Origen Desconocido BMA: Aspiración de Médula Ósea NR: No Reportado DE: Desviación Estándar

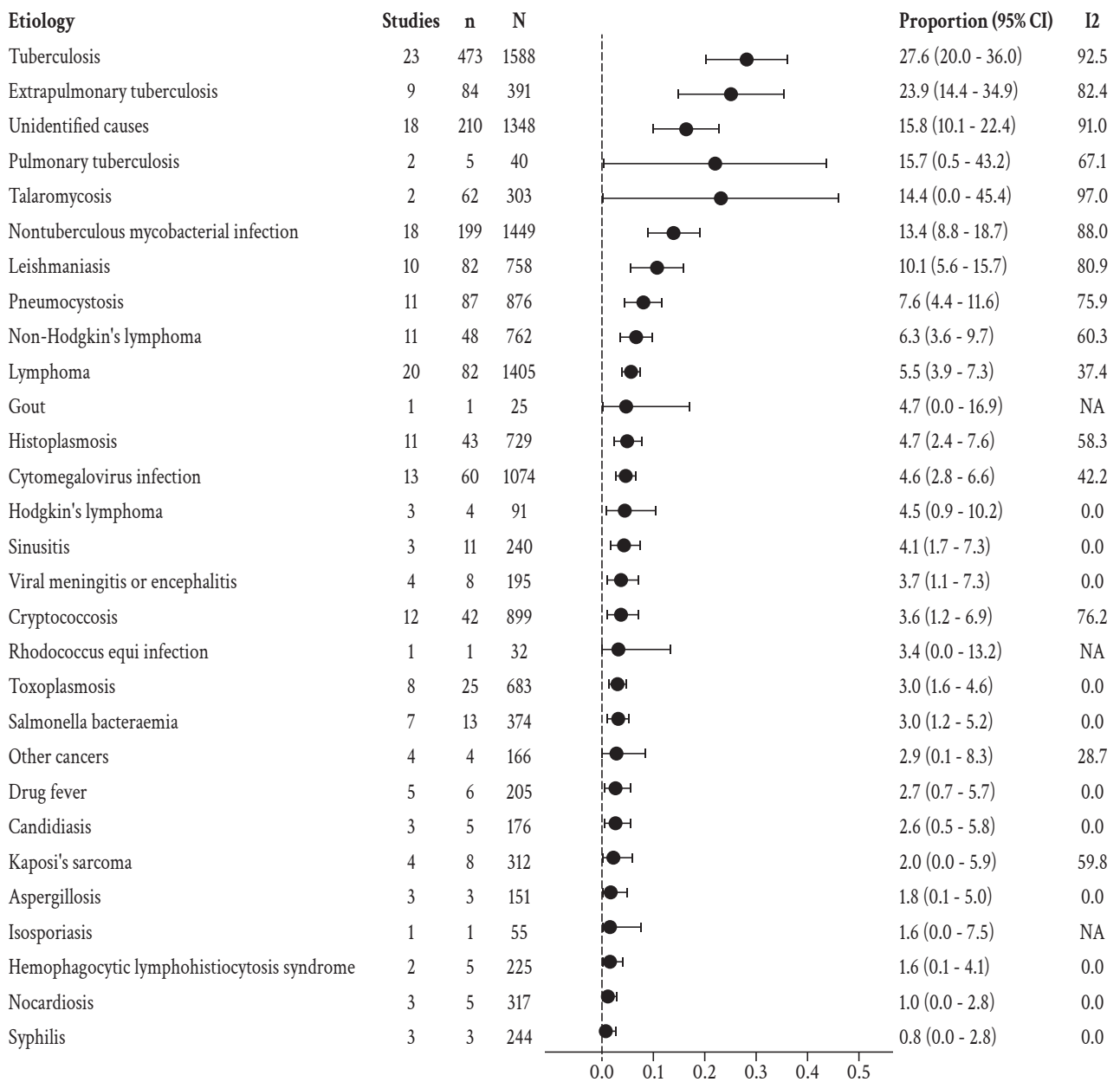


Figura 1. Etiologías de FOD en pacientes con VIH

C023 - Distribución y eficacia de los regímenes de tratamiento antirretroviral basados en Dolutegravir en la principal consulta de VIH en Caracas, Venezuela

Distribution and Effectiveness of Dolutegravir-Based Antiretroviral Treatment Regimens in the Main HIV Clinic in Caracas, Venezuela

María F. Alvarado-Bruzual¹, Víctor Alí Mendoza-Merlo², Jesus Martinez-Torres³, Luis Javier Guerra-Reyes⁴, Rafael N. Guevara⁵, Martín Carballo⁶, Carolyn Redondo⁷, María E. Landaeta⁸, David A. Forero-Peña⁹

¹ Departamento de Enfermedades Infecciosas, Hospital Universitario de Caracas. Caracas, Venezuela, Mefernacho@gmail.com

² Departamento de Enfermedades Infecciosas, Hospital Universitario de Caracas. Caracas, Venezuela, Vickmen30@gmail.com

³ Instituto de Investigación Biomédica y Vacunas Terapéuticas. Maracaibo, Venezuela, Jesusmartinez201298@gmail.com

⁴ Departamento de Enfermedades Infecciosas, Hospital Universitario de Caracas. Caracas, Venezuela, Luijaguerrareyes@gmail.com

⁵ Escuela de Medicina "Luis Razetti", Universidad Central de Venezuela, Venezuela. Caracas, Venezuela, rnapoleong@gmail.com

⁶ Departamento de Enfermedades Infecciosas, Hospital Universitario de Caracas. Caracas, Venezuela, Martincarballo@yahoo.com

⁷ Departamento de Enfermedades Infecciosas, Hospital Universitario de Caracas. Caracas, Venezuela, mcarolynr@gmail.com

⁸ Departamento de Enfermedades Infecciosas, Hospital Universitario de Caracas. Caracas, Venezuela, Mariaeugenialandaeta1@gmail.com

⁹ Departamento de Enfermedades Infecciosas, Hospital Universitario de Caracas. Caracas, Venezuela, Escuela de Medicina "Luis Razetti", Universidad Central de Venezuela, Venezuela. Caracas, Venezuela. Instituto de Investigación Biomédica y Vacunas Terapéuticas. Caracas, Venezuela, Vacter.cv@gmail.com

Palabras clave: VIH/sida, Venezuela, Eficacia, Inhibidores de Integrasa VIH, Dolutegravir

Introducción:

Tras una pronunciada escasez de tratamiento antirretroviral (TARV) en Venezuela, en 2019, se restableció el acceso al TARV a través de regímenes basados en dolutegravir (DTG), financiado por el «Plan Maestro para el Fortalecimiento de la Respuesta al VIH, la Tuberculosis y la Malaria», apoyado por el Banco Mundial. Para finales del 2020 el 91% de los pacientes que viven con VIH (PVVIH) estaban recibiendo el régimen de DTG, tenofovir (TDF) y lamivudina (3TC), sin embargo, la información sobre la eficacia de estos regímenes no se ha explorado en Venezuela.

Objetivo(s):

Analizar la distribución y eficacia de los diferentes regímenes basados en DTG usados en la principal consulta que atiende PVVIH en Caracas, Venezuela.

Métodos:

Estudio transversal entre enero y diciembre de 2023 en la consulta externa del Departamento de Enfermedades Infecciosas del Hospital Universitario de Caracas. Se incluyó PVVIH mayores de 12 años. Las variables consideradas incluían la edad, el sexo y el tipo de consulta. Se registró el TARV actual y los cambios. Se anotaron las cargas virales y los recuentos de células CD4 +. Se realizaron análisis univariados utilizando la prueba U de Mann-Whitney para variables numéricas con distribución no normal y chi-cuadrado de Pearson para las categóricas.

Resultados:

Un total de 3980 consultas fueron realizadas durante el periodo de estudio, incluyendo 517 inicios de TARV. Después de excluir registros incompletos y repetidos se analizaron 1998 pacientes. La mediana de edad fue de 44 años (IQR 33-55), la mayoría hombres (70.8%). Todos tenían regímenes basados en DTG, principalmente DTG/3TC/TDF (85.5%) y TARV alternativa como DTG/Emtricitabina (FTC)/Tenofovir alafenamida (TAF) (9.1%). La mediana de edad fue inferior en el grupo DTG/3TC/TDF (41 años) en comparación con el grupo de

TARV alternativa (59 años) ($p < 0.001$). La frecuencia de mujeres fue mayor en el grupo de TARV alternativo en comparación con el régimen DTG/3TC/TDF (42.8% frente a 26.9%, $p < 0.001$) (Tabla 1). Sólo se dispuso de carga viral en 646 pacientes (32.3%), documentándose una tasa de supresión viral superior al 90% en todos los regímenes (Figura 1). Se registraron 121 cambios de TARV, principalmente a DTG/FTC/TAF (97.5%), por osteoporosis ($n=93$; 80.1%), o insuficiencia renal ($n=19$; 17.8%).

Conclusiones:

Nuestros resultados muestran un claro predominio de los regímenes basados en DTG, así como su alta eficacia en una amplia población de PVVIH en Venezuela. También identificamos que el principal régimen alternativo era el TAF debido a su menor toxicidad ósea y renal.

Tabla 1. Características de los pacientes atendidos por la consulta externa de VIH en el Hospital Universitario de Caracas según su régimen de tratamiento antirretroviral.

Características n (%)	Total n = 1998 (100)	DTG/3TC/TDF n = 1708 (85.5)	TAR Alternativo n = 290 (14.5)	P-valor
Sexo				< 0.001*
Femenino	584 (29.2)	460 (26.9)	124 (42.8)	
Masculino	1414 (70.8)	1248 (73.1)	166 (57.2)	
Edad años mediana (RIQ)	44 (33-55)	41 (32-51)	59 (53-65)	< 0.001[†]
Grupos etarios años				< 0.001*[‡]
< 20	24 (1.2)	23 (1.4)	1 (0.3)	
20 – 34	538 (27.1)	529 (31.2) [‡]	9 (3.1)	
35 – 50	744 (37.4)	700 (41.2) [‡]	44 (15.2)	
> 50	682 (34.3)	446 (26.3)	236 (81.4) [‡]	
Experiencia en TAR				< 0.001*
Naïve	367 (18.4)	362 (21.2)	5 (1.7)	
No Naïve	1631 (81.6)	1346 (78.8)	285 (98.3)	
Carga viral de No Naïve copias/mL	646 (32.3)			0.415*
≤ 50	585 (90.6)	460 (89.7)	125 (89.7)	
50 – 199	36 (5.6)	32 (6.2)	4 (3)	
200 – 999	9 (1.4)	7 (1.4)	2 (1.5)	
≥ 1000	16 (2.5)	14 (2.7)	2 (1.5)	
Recuento de CD4 de No Naïve celulas/mm ³	188 (9.4)		0.772*	
< 200	10 (5.3)	8 (5.1)	2 (6.3)	
200 – 499	56 (29.8)	45 (28.8)	11 (34.4)	
≥ 500	122 (64.9)	103 (66)	19 (59.4)	

*Prueba de chi-cuadrado de Pearson; [†]Prueba U de Mann-Whitney; [‡]Asociación significativa solo entre DTG/3TC/TDF y 20-34 años ($p < 0.0001$), DTG/3TC/TDF y 35-50 años ($p < 0.0001$) y entre TAR alternativa y >50 años ($p < 0.0001$) con un $\alpha = 0.00625$ mediante la corrección de Bonferroni. La TAR alternativa incluye los siguientes esquemas: ABC/3TC+DTG, 3TC/DTG y DTG/FTC/TAF. 3TC: Lamivudina, ABC: Abacavir, DTG: Dolutegravir, FTC: Emtricitabina, RIQ: rango intercuartilico,, TAF: Tenofovir alafenamida, TAR: terapia antirretroviral, TDF: Tenofovir Disoproxil Fumarato

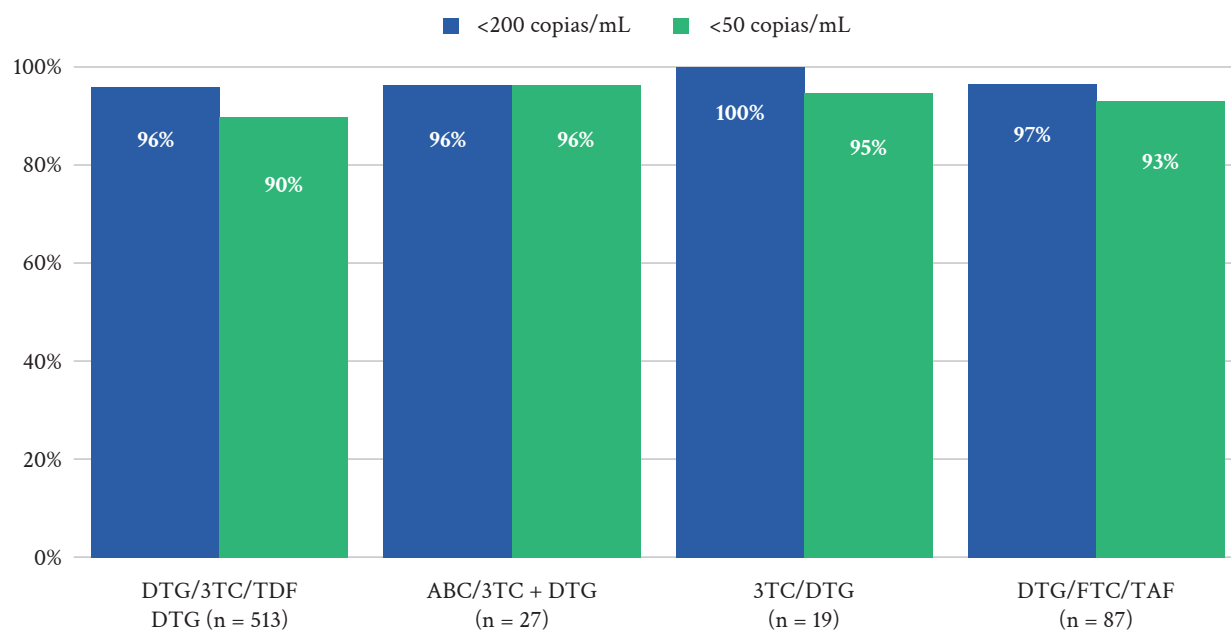


Figura 1. Eficacia de los regímenes basados en dolutegravir en PVVIH analizados
 3TC: Lamivudina, ABC: Abacavir, DTG: Dolutegravir, FTC: Emtricitabina, TAF: Tenofovir alafenamida, TDF: Tenofovir Disoproxil Fumarato.

C024 - Frecuencia de patógenos de transmisión sexual detectados mediante panel molecular en muestras de pacientes de Lima-Perú

Frequency of sexually transmitted pathogens detected by molecular panel in patient samples from Lima, Peru

Nilver Cristian Piscoche Botello¹, Claudia Fiorella Barletta Carrillo², Cecilia Miranda Visalot³, Cinthya Flores Flores⁴, Ada Patricia Mendoza Farro⁵, Enzo Paolo Díaz Conde⁶, Juan Carlos Gómez de la Torre Pretell⁷

¹ Sequence Referens Lab., Perú, npiscocheb@unmsm.edu.pe

² Sequence Referens Lab., Perú, cbarletta@sequence.pe

³ Sequence Referens Lab., Perú, cecimirandavisalot@gmail.com

⁴ Sequence Referens Lab., Perú, cflores@sequence.pe

⁵ Sequence Referens Lab., Perú, amendoza@sequence.pe

⁶ Sequence Referens Lab., Perú, enzo.diaz1@unmsm.edu.pe

⁷ Laboratorio Clínico ROE, Perú, jgomez@labroe.com

Palabras clave: Transmisión sexual, *Ureaplasma*, Coinfección, Tracto genital.

Introducción:

Las infecciones de transmisión sexual (ITS) constituyen un problema de salud pública. Según la OMS, más de 1 millón de ITS se contraen diariamente a nivel global, entre personas de 15 a 49 años, la mayoría de las cuales son asintomáticas. Estas afecciones del tracto genital, pueden ser de etiología bacteriana, viral o parasitaria. Por este motivo, actualmente existen paneles moleculares que permiten la detección de infección por patógenos únicos y coinfecciones en diferentes tipos de muestras biológicas.

Objetivo(s):

Determinar la frecuencia de patógenos de transmisión sexual detectados mediante panel molecular en muestras de pacientes de Lima-Perú

Métodos:

Estudio observacional prospectivo en muestras de pacientes de sexo masculino y femenino con edades entre 25 a 60 años, referidas al laboratorio de biología molecular Sequence Referens Lab. De Lima-Perú, de enero a diciembre del 2024, quienes firmaron un consentimiento informado. Se analizaron un total de 340 muestras constituidas por orina e hisopado de secreción: vaginal (HV), uretral (HU), rectal (HR) y faríngea (HF). Se realizó la identificación de 10 patógenos mediante el kit STD direct Flow chip usando el sistema HybriSpot 12 (Vitro), basado en PCR multiplex e hibridación reversa. Calculamos porcentajes y frecuencias de infecciones con patógeno único y de coinfecciones y su relación con las características sociodemográficas y el tipo de muestra, usando SPSS v. 29.

Resultados:

Del total de muestras, el 37.9% (129/340) fueron positivas. Identificando patógenos únicos en 75.9% (98/129) y coinfección en los demás casos. En cuanto a la frecuencia de patógenos, hallamos: *Ureaplasmas* (U) (64.3%), *M. hominis* (MH) (10.2%), HSV2 (7.1%), *C. trachomatis* serotipo A-K (A-K) (5.1%), *N. gonorrhoeae* (4.0%), *C. trachomatis* serotipo L1-L3 (L1-L3) (3.0%), *M. genitalium* (MG) y HSV1 (2.0%), y *C. trachomatis* (CT) y *T. pallidum* (TP) (1.0%). Coinfección entre NG+CT, NG+HSV2 y HSV1+ (L1-L3) en 3.2%. Observamos que los infectados con *Ureaplasma* presentaron más casos de coinfecciones con 1, 2 y 3 microorganismos: U+MH (64.5%), U+MG+MH+(L1-L3) (6.5%)

y U+HSV2, U+(A-K), U+MH+(A-K), U+MH+NG, U+MG+MH, U+MH+(L1-L3) en 3.2%, respectivamente. El 61.2% (79/129) de los casos positivos se realizaron en orina, 15.5% (20/129) en HV, 12.4% en H.R y en menor porcentaje en otros tipos de muestra.

Conclusiones:

Hallamos más del 75% de los casos de infección con patógeno único en la población estudiada. Especies de *Ureaplasma* son los microorganismos más frecuentes, se presentan en mono infección y en coinfección con 2 y 3 patógenos. Actualmente, estos microorganismos se asocian con uretritis y cervicitis.

C025 - Fragmented healthcare for blood donors potentially affected by transfusion-transmissible infections in Madre de Dios, Peru

Atención médica fragmentada para donantes de sangre potencialmente afectados por infecciones transmisibles por transfusión en Madre de Dios, Perú

Juan Macalupu¹, Elvis Rojas², Elsa González-Lagos³, Sarah Gimbel⁴, Eduardo Gotuzzo⁵

¹ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, juan.macalupu.a@upch.pe

² Banco de Sangre, Hospital Santa Rosa de Puerto Maldonado, elvisrojasju@gmail.com

³ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, elsa.gonzalez@upch.pe

⁴ Department of Global Health, University of Washington School of Nursing, sgimbel@uw.edu

⁵ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, eduardo.gotuzzo@upch.pe

Keywords: Blood Donation, Infection Control, Implementation Science, Systems Analysis, Blood Safety

Introduction:

In low- and middle-income countries, blood donors are rarely notified of their screening results, properly diagnosed, and managed when necessary. In Peru, Madre de Dios has the highest proportion of blood donors testing reactive for a transfusion-transmissible infection: 19.5%, more than 3 times the national figure.

Objective:

To identify areas for improvement in the healthcare delivery for blood donors potentially affected by transfusion-transmissible infections by in-depth describing their care continuum and the inner setting of Blood Bank and Infectious Diseases services.

Methods:

Qualitative study, semi-structured in-depth interviews with 13 healthcare workers from Santa Rosa Hospital, Madre de Dios, February 2025. Outcomes: care continuum (risk counseling, screening results notification, diagnosis and management of transfusion-transmissible infections) of blood donors and inner setting (structural characteristics, available resources, relational connections, communications, culture and tension for change) of Blood Bank and Infectious Diseases services. After verbatim transcription and accuracy checking, codification and thematic analysis in MAXQDA (24.8.0). Approved by Santa Rosa Hospital IRB, November 2024.

Results:

Healthcare workers identified the screening results notification as the main bottleneck in the blood donor care continuum. Results notification is delayed, passive, and fragmented due to severe limitations at structural characteristics and available resources at the Blood Bank service: inadequate infrastructure, heavy and irregular workloads, insufficient staff and supplies, deficient equipment, and funding shortages. The absence of a proactive results notification system enables only a few blood donors to receive their screening results within weeks or months after donation. Delayed results notification hinders follow-up by the Infectious Diseases service, leaving the majority of blood donors with reactive screening results without risk counseling, adequate confirmatory testing, and increasing potential infection transmission in the community. Stigma during healthcare, limited staffing and laboratory work organisation also affect diagnosis and management of blood donors potentially infected. There is universal high tension for change, with healthcare workers manifesting urgency and motivation for improving healthcare for blood donors, emphasising the requirement of stakeholder engagement, particularly with the

institutional administration, regional authorities and community organisations. Participants also stressed the lack of voluntary blood donation as the cause of informal payment practices to replacement donors.

Conclusions:

Healthcare workers identified substantial barriers across the care continuum for blood donors potentially affected by transfusion-transmissible infections, strongly linked to structural and resource deficiencies. Addressing these challenges through improved stakeholder engagement is critical to optimising healthcare delivery for blood donors and improving infection control.

Table 1: Care continuum of blood donors and inner setting areas of improvement in Madre de Dios, Peru

Care continuum	Areas of improvement	Quotes
Risk counseling	Staff shortages, unclear role definitions, and inadequate private spaces pressure staff to quickly handle donor interactions, reducing communication quality	<i>"The pre-interview is not very private because many times your colleagues walk by. I have overheard the conversation many times"</i> - Blood bank staff <i>"Sometimes one person has to do everything in the morning: pre-interviewing, fractioning, extracting. Everything that needs to be done by several people is done by one person"</i> - Blood bank staff
Screening results notification	Infrequent screening schedules, resource shortages, and fragmented communication between services delay results notification, diagnosis and management	<i>"We've had patients come in after months, even years, and they didn't even know they had [a reactive screening result]"</i> - Blood bank staff <i>"We do not perform a daily screening. Here it is a screening that can be done every week, every 15 days, and we have even done it for months"</i> - Blood bank staff
Diagnosis	Staff shortages and limited laboratory capacity delay confirmatory diagnosis	<i>"If a case comes and the doctor is not here, and the doctor comes for a couple of weeks until the next month, the patient has already lost the idea, he has already lost that desire"</i> - Infectious diseases staff <i>"We do not have tests, we take a sample to confirm through a reference laboratory"</i> - Infectious diseases staff
Management	Prevalent stigma around infectious diseases hinders effective follow-up	<i>"Some people may feel stigmatised. It is written on the cover of medical records: PLHIV, white code, before going to x-ray, ultrasound, lab"</i> - Infectious diseases staff <i>"We have 130 dropouts. They drop out because they want to keep their diagnosis in absolute reserve"</i> - Infectious diseases staff

Co26 - Atención integral en el punto de cuidado: diagnóstico rápido y acceso al TARV en un Centro Comunitario de Salud Sexual en Buenos Aires, 2024

Comprehensive Point-of-Care Services: Rapid Diagnosis and Access to ART at a Community Sexual Health Center in Buenos Aires, 2024

Giménez Pared David¹, Trinidad Patricia², Bravo Analía³, Cisneros Juan Carlos⁴, Pedrola Miguel⁵

¹ AIDS Healthcare Foundation Argentina, Buenos Aires, david.gimenezpared@gmail.com

² AIDS Healthcare Foundation Argentina, Buenos Aires, patricia.trinidad@ahf.org

³ AIDS Healthcare Foundation Argentina, Buenos Aires, analia.bravo@ahf.org

⁴ AIDS Healthcare Foundation Argentina, Buenos Aires, juan.cisneros@ahf.org

⁵ AIDS Healthcare Foundation Argentina, Buenos Aires, miguel.pedrola@ahf.org

Palabras clave: Diagnóstico, VIH, portátiles, TARV

Introducción:

El Centro Comunitario de Salud Sexual (CCSS) en la Ciudad Autónoma de Buenos Aires (CABA) implementa una respuesta integrada en el punto de cuidado, ofreciendo testeos rápidos (TR) gratuitos para VIH, junto con la incorporación de tecnología portátil para diagnóstico con carga viral cualitativa y recuento de CD4⁺ en caso de positividad.

Objetivo(s):

Evaluar el rol del CCSS en la implementación del diagnóstico de VIH mediante equipos portátiles, con impacto en la detección rápida y el inicio oportuno del tratamiento antirretroviral (TARV).

Métodos:

Estudio retrospectivo implementado en un CCSS de CABA durante el año 2024. Se realizan TR con detección cualitativa de anticuerpos para VIH-1/2 y *Treponema pallidum* (Bioline™ HIV/SYPHILIS DUO – Abbott®) en mayores de 13 años y entrevista médica con análisis de carga viral con m-PIMATM HIV-1/2 DETECT y recuento de CD4⁺ con Pima CD4 de Abbott®, en caso de TR positivo. El CCSS cuenta con un equipo capacitado en consejería en salud sexual y diversidad.

Resultados:

Se estudiaron 93 pacientes con diagnóstico de VIH mediante TR, los cuales fueron confirmados en ≤60 minutos con los equipos portátiles m-PIMA y Pima, lo que permitió que el 97.8% iniciara el TARV dentro de las primeras 48 horas. Solo dos pacientes no comenzaron el tratamiento ni regresaron al centro. En comparación, el método convencional —serología de cuarta generación y carga viral de VIH (m-2000, Abbott)— en el hospital de infecciosas de CABA registró un inicio de TARV de 16.3 ± 5.25 días, evidenciando una reducción significativa con el enfoque del CCSS y similitud en ambos centros. Es importante mostrar que el 54.8% de los pacientes tuvo un diagnóstico temprano (CD4 >350 células/mm³), el 30.1% un diagnóstico tardío (CD4 <350 células/mm³) y el 15.1% enfermedad avanzada (CD4 <200 células/mm³), con una mediana de CD4⁺ de 381 células/mm³. La distribución por género mostró que el 84.9% (79) fueron varones cis, de los cuales más del 61% eran hombres que tienen sexo con otros hombres; el 8.6% (8) fueron mujeres cis; el 4.3% (4), mujeres trans; el 1.1% (1), varones trans; y el 1.1% (1), personas no binarias.

Conclusiones:

Este análisis evidencia el impacto del CCSS en la optimización del diagnóstico rápido de VIH y en el oportuno inicio del TARV, en concordancia con la estrategia *test and treat* de la Organización Mundial de la Salud. El análisis marca la importancia de las tecnologías portátiles en entornos comunitarios con población clave.

D011 - Mortalidad por histoplasmosis diseminada y hallazgos hematológicos en pacientes del IGSS en Guatemala

Mortality from disseminated histoplasmosis and hematological findings in patients from IGSS in Guatemala

Leonel González¹, Eugenia Martínez², Paula Figueroa³, Mariana Juárez⁴, Wilder Bautista⁵

¹ Instituto Guatemalteco de Seguridad Social, Quetzaltenango, Guatemala, leogdl0301@gmail.com

² Instituto Guatemalteco de Seguridad Social, Ciudad de Guatemala, eugeniammc@gmail.com

³ Instituto Guatemalteco de Seguridad Social, Ciudad de Guatemala, dra.paulafigueroa@gmail.com

⁴ Universidad Mesoamericana, Quetzaltenango, Guatemala, mjuarez@mesoamericana.edu.gt

⁵ Organización Panamericana de la Salud, Guatemala, wilderbautista@gmail.com

Introducción:

La histoplasmosis diseminada tiene una alta carga en pacientes debutantes con VIH en Guatemala, generalmente con diagnóstico tardío y manifestaciones hematológicas asociadas, aunque también puede verse en pacientes VIH negativo. Existe una brecha amplia entre la sospecha clínica y el diagnóstico precoz, lo que repercute en que la mortalidad permanezca alta, debido al diagnóstico tardío y a las complicaciones hematológicas asociadas.

Objetivos:

Comparar los hallazgos hematológicos de los pacientes con Histoplasmosis diseminada del IGSS, tanto VIH positivo como negativo.

Predecir los hallazgos hematológicos asociados a mortalidad en pacientes con Histoplasmosis diseminada del IGSS, tanto VIH positivo como negativo.

Métodos:

Análisis retrospectivo de 63 pacientes, 56 VIH positivo y 7 negativos, con histoplasmosis diseminada, en los hospitales del Instituto Guatemalteco de Seguridad Social, tanto en la ciudad capital como en Quetzaltenango. Se recopilaban datos demográficos y laboratorio, incluyendo sexo, edad, hemoglobina (HB), recuento de glóbulos blancos (WBC), recuento de plaquetas (PLQ) y niveles del antígeno de histoplasma en orina (Ag Histo). Los desenlaces fueron comparados entre sobrevivientes y fallecidos mediante análisis de regresión logística univariado y multivariado, con intervalos de confianza del 90%.

Resultados:

De 63 pacientes, 56 eran hombres (87%) y 7 (11%) eran VIH positivo, 25 sobrevivientes a los 30 días del diagnóstico (39%) y 38 fallecidos (61%). Los fallecidos presentaron niveles más altos de leucocitos ($5.1 \times 10^9/L$; IQR 3.3–6.3) en comparación con los sobrevivientes ($6.9 \times 10^9/L$; IQR 3.9–11.4), con valores significativamente asociados con la mortalidad en el análisis multivariado (OR 1.22, IC 90% 1.06–1.38, $p = 0.013$).

El recuento de plaquetas fue mayor en los fallecidos (mediana 269,000, IQR 145,000– 366,000) en comparación con los sobrevivientes (mediana 116,000, IQR 56,000–196,000), y se asoció inversamente con la mortalidad (OR 0.99, IC 90% 0.99–0.99, $p = 0.002$). No se encontraron asociaciones significativas con el estado de VIH, los niveles de hemoglobina o los niveles del antígeno de histoplasma.

Conclusión:

El recuento de glóbulos blancos y de plaquetas se asocian a mortalidad en pacientes con histoplasmosis diseminada. Aunque no se observaron diferencias en la mortalidad entre individuos con VIH positivo y negativo, los hallazgos resaltan la importancia de monitorear los valores hematológicos, así como hacer un diagnóstico temprano. Se necesita más investigación con muestras de mayor tamaño para validar estos hallazgos y explorar variables adicionales que influyan en los desenlaces clínicos.

Tabla 1. Comparación entre pacientes con Histoplasmosis según VIH positivo y negativo

	Todos los pacientes n = 63	VIH positivo n = 56	VIH negativo n = 7	Valor de p
Femenino (%)	7 (11)	5 (9)	2 (29)	0.119
Edad, años	39 (31-48)	40 (32-47)	33 (27-53)	0.330
Hemoglobina	10.7 (8.7-13.4)	10.7 (8.7-13.5)	11.7 (9.6-14.8)	0.330
Leucocitos	5.0 (3.3-7.4)	5.0 (3.3-7.4)	5.0 (4.2-17.3)	0.693
Plaquetas	196000 (98000-302000)	184000 (91000-292500)	270000 (210000-395000)	0.204
Antígeno de Histoplasma	29.0 (14.0-45.0)	31.5 (14.5-45.5)	16.0 (10.0-30.0)	0.155

Tabla 2. Factores asociados con mortalidad, análisis univariado y bivariado en pacientes con Histoplasmosis del IGSS

	Sobrevivientes (n= 25)	No sobrevivientes (n= 38)	Análisis univariado		Análisis multivariado	
			OR (90%CI)	p-value	OR (90%CI)	p-value
Femenino (%)	4 (16)	3 (8)	2.22 (0.58-8.45)	0.325		
Edad, años	42 (35-55)	37 (31-46)	1.04 (1.00-1.07)	0.065	(0.97-1.05)	0.650
Hemoglobina	9.8 (8.5-11.4)	11.5 (9.3-14.2)	0.93 (0.83-1.04)	0.296		
Leucocitos	6.9 (3.9-11.4)	5.1 (3.3-6.3)	1.11 (1.00-1.24)	0.075	(1.06-1.38)	0.013
Plaquetas	116000 (56000- 196000)	269000 (145000-366000)	0.99 (0.99-0.99)	0.004	(0.99-0.99)	0.002
HIV, n (%)	22 (88)	34(89)	0.86 (0.22-3.27)	0.856		
Ag Histo	34.0 (22.0-48.0)	24.5 (12.0-43.0)	1.02 (0.99-1.05)	0.190		

E001 - Predicción de epítomos antigénicos lineales del dominio carboxilo de HSP83 en *Leishmania* (V.) *braziliensis* para el serodiagnóstico

Prediction of linear antigenic epitopes from the carboxyl domain of HSP83 in *Leishmania* (V.) *braziliensis* for serodiagnosis

Jorge Luis Masias Montes¹, Percy Huaihua Puma², José Sierra³, Rina Zamalloa-Cornejo⁴,
Jorge Luis Arévalo Zelada⁵, Maria Antonieta Quispe Ricalde⁶

¹ Laboratorio de Genética y Biotecnología Microbiana, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco. Cusco, Perú, 184421@unsaac.edu.pe

² Laboratorio de Patho-antígenos, Laboratorios de Investigación y Desarrollo, Facultad de Ciencias y Filosofía, Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú, Percy.huayhua@upch.pe

³ Laboratorio de Genética y Biotecnología Microbiana, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco. Cusco, Perú, Isierah77@gmail.com

⁴ Departamento Académico de Matemáticas y Estadística, Facultad de Ciencias Químicas, Físicas y Estadística. Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco. Cusco, Perú, rina.zamalloa@unsaac.edu.pe

⁵ Laboratorio de Patho-antígenos, Laboratorios de Investigación y Desarrollo, Facultad de Ciencias y Filosofía, Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú, jorge.arevalo@upch.pe

⁶ Laboratorio de Genética y Biotecnología Microbiana, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco. Cusco, Perú, Departamento Académico de Biología, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco. Cusco, Perú. antonieta.quispe@unsaac.edu.pe

Palabras clave: Epítomos antigénicos, predicción, HSP83, *Leishmania* (V.) *braziliensis*.

Introducción:

Los métodos serológicos para leishmaniasis, basados en ASTL, presentan alta sensibilidad, pero también elevada reactividad cruzada. Para mejorar la especificidad, se buscan epítomos más selectivos. En este estudio, se propone el uso de epítomos del antígeno HSP83, considerando que la región carboxilo induce una fuerte respuesta inmunitaria, este dominio podría ser una diana prometedora para nuevas estrategias diagnósticas.

Objetivo:

Predecir e identificar epítomos antigénicos lineales del dominio carboxilo de la proteína HSP83 de *Leishmania* (V.) *braziliensis* mediante herramientas bioinformáticas.

Métodos:

Utilizamos herramientas inmunobioinformáticas basados en múltiples algoritmos como IBCE- EL (Bosques aleatorios) BepiPred 2.0 (Modelo Oculto de Markov) y LBtope (Máquina de vectores de soporte), AAPpred (Redes Neuronales) y BepiBlast (Similitud de secuencias) para predecir epítomos, evaluando sus características estructurales y la reactividad cruzada con *Trypanosoma cruzi* y *Homo sapiens*, además se priorizaron epítomos con

alta antigenicidad, frecuencia y baja reactividad. Aplicamos un desplazamiento consecutivo de un residuo en fragmentos de 20 aminoácidos para optimizar la identificación de epítomos lineales en la región carboxilo de HSP83 de *L. (V.) braziliensis*.

Resultados:

Mediante predicción bioinformática, se evaluaron 244 epítomos. El análisis de frecuencia mostró que 220 fueron predichos por al menos cuatro programas y 14 por cinco. Los programas IBCE, BepiPred 2.0, y LBtope presentaron patrones similares, mientras que AAPpred y BepiBlast fueron más estrictos en la predicción (Fig. 1A). Se identificaron epítomos con puntuaciones de antigenicidad superiores a 70 (Fig. 1B), especialmente en las regiones de los epítomos 50, 60, 100 y 160. En cuanto al análisis estructural, se observó que las regiones más accesibles y flexibles presentan un mayor potencial inmunogénico. Además, las regiones más móviles son propensas a ser reconocidas por los anticuerpos. En el análisis de reactividad cruzada, los epítomos evaluados mostraron mayor reactividad con *T. cruzi* (83.39%) que con *H. sapiens* (58.0%), lo que resalta la importancia de seleccionar epítomos con menor reactividad cruzada para mejorar la especificidad del ensayo.

Finalmente, los epítomos candidatos con mejores puntuaciones incluyen aquellos en las coordenadas 39, 107, 174, 240 y 252, con valores de antigenicidad superiores a 63 y baja reactividad cruzada, sugiriendo su potencial para el desarrollo de pruebas serológicas específicas (Fig. 2).

Conclusión:

Nuestros resultados indican que cinco epítomos del dominio carboxilo de HSP83 son candidatos prometedores para el serodiagnóstico, destacando esta región como una fuente rica en epítomos antigénicos. Además, su baja reactividad cruzada refuerza su potencial como diana para mejorar la especificidad de las pruebas serológicas.

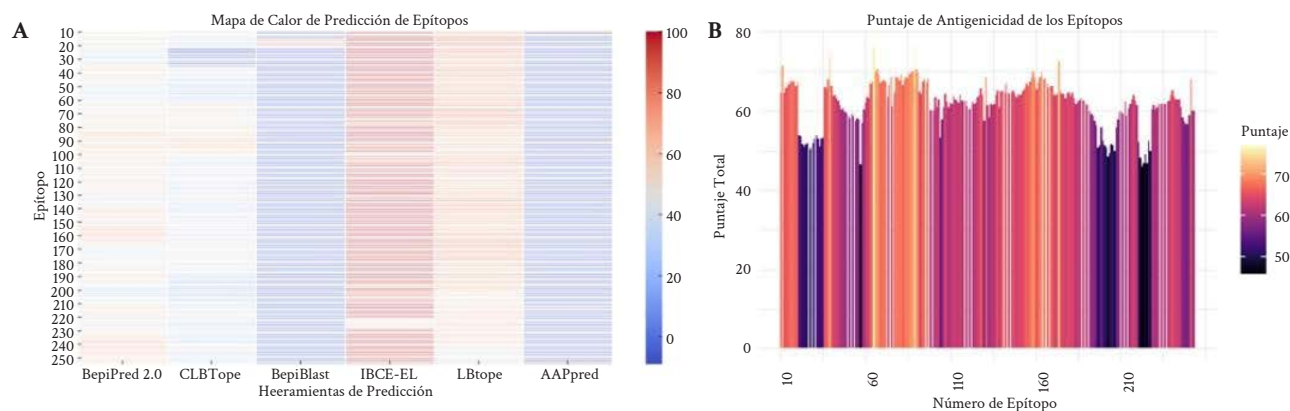


Figura 1. (A) Mapa de calor de predicción de epítomos generado a partir de seis herramientas bioinformáticas: BepiPred 2.0, CLBTope, BepiBlast, IBCE-EL, LBtope y AAPpred. Los valores de predicción están representados en una escala de colores, donde tonos cálidos (rojos) indican valores más altos y tonos fríos (azules) valores más bajos. (B) Distribución del puntaje total de los epítomos analizados.

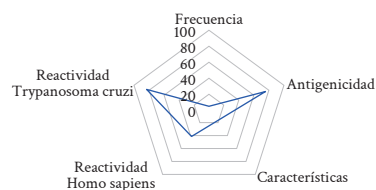
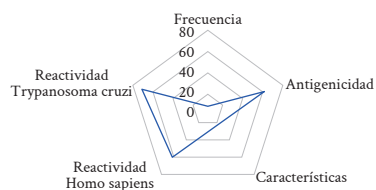
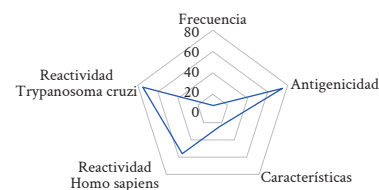
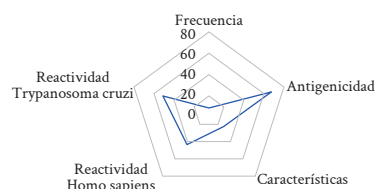
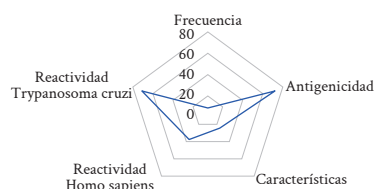
A Análisis de Roseta - Epítopo 39**B** Análisis de Roseta - Epítopo 107**C** Análisis de Roseta - Epítopo 174**D** Análisis de Roseta - Epítopo 240**E** Análisis de Roseta - Epítopo 252

Figura 2. Los gráficos de radar presentan el análisis de los epítomos seleccionados: (A) 39, (B) 107, (C) 174, (D) 240 y (E) 252, evaluando su frecuencia de predicción, antigenicidad, reactividad cruzada con *T. cruzi* y *H. sapiens*, y características estructurales.

E003 - Validación de una prueba rápida en formato de flujo lateral utilizando oligopéptidos antigénicos opH2A y opLiP2a para el serodiagnóstico de leishmaniasis cutánea

Validation of a lateral flow rapid test using antigenic oligopeptides opH2A and opLiP2a for the serodiagnosis of cutaneous leishmaniasis

Percy Huaihua Puma¹, María Antonieta Quispe Ricalde², María E. Cruz Saldarriaga³, Sueline Luis Lam⁴, Jorge Luis Arévalo Zelada⁵

¹ Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, percy.huaihua@upch.pe

² Universidad Nacional San Antonio Abad de Cusco, Perú, antonieta.quispe@unsaac.edu.pe

³ Universidad Andina del Cusco, Perú, mcruzvene@gmail.com

⁴ Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, sueline.luis.l@upch.pe

⁵ Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, jorge.arevalo@upch.pe

Palabras clave: Leishmaniasis cutánea, oligopéptidos sintéticos, Lateral flow Assay

Introducción:

En el Perú, la leishmaniasis cutánea (LC) es un problema de salud pública, que afecta sobre todo a la población andina y selvática, la distribución de casos se extiende a 21 regiones del Perú. El diagnóstico convencional de esta enfermedad, presenta algunas limitaciones en los centros de atención primaria (CAP), impidiendo un tratamiento oportuno de los pacientes con LC, por lo tanto, existe la necesidad de contar con una prueba sencilla, accesible, rápida y precisa para el diagnóstico de estos pacientes. Dos oligopéptidos opH2A y opLiP2a, patentados internacionalmente (WIPO/PCT: WO2015001383), previamente mostraron un buen desempeño por el método de ELISA.

Objetivo(s):

Validar una prueba rápida en formato Lateral Flow Assay (LFA) para el serodiagnóstico de leishmaniasis cutánea, que emplea independientemente Antígeno Total Soluble de Leishmania "ATSL" y los oligopéptidos sintéticos opH2A y opLiP2a

Métodos:

Se utilizó un total de 186 muestras de suero, recolectados de pacientes sospechosos de leishmaniasis y voluntarios sanos de Cusco y Lima, todas las muestras se recolectaron bajo consentimiento informado ((UPCH, CIEI N° 063-05-19), los pacientes se confirmaron a leishmaniasis por PCR. Se determinó la sensibilidad y especificidad de las pruebas de LFA que tiene ATSL, opH2A y opLiP2a y se comparó el rendimiento del LFA con el formato de ELISA, así como el grado de concordancia que presentan estas dos pruebas serológicas.

Resultados:

En la validación de la prueba LFA, el análisis de la puntuación visual de los antígenos evaluados, mostró un mejor perfil de diagnóstico del oligopéptido opLiP2a que reflejó una sensibilidad de 62.0% y especificidad de 94.6% a comparación del opH2a que tiene una sensibilidad de 36.0% y especificidad de 93.5%, e incluso fue mejor que el antígeno total (ATSL) que tiene una sensibilidad de 56.0% y una especificidad de 90.2%; este análisis se confirma cuando se mide por intensidad relativa - porcentaje de positividad. Finalmente, las características diagnósticas de

los oligopéptidos (opLiP2a y opH2A) de la prueba LFA son similares a la prueba de ELISA que utiliza los mismos antígenos, corroborando con la prueba de Kappa que dio un acuerdo sustancial entre las pruebas de LFA y ELISA.

Conclusiones:

La prueba LFA basada en oligopéptidos opLiP2a y opH2A es alternativa para el serodiagnóstico de LC en los CAP debido a su rapidez, simplicidad y rendimiento diagnóstico.

Tabla 1: Características diagnósticas de los antígenos opH2A y ATSL para LC

Prueba serodiagnóstica	Antígeno	VP	VN	FP	FN	Sensibilidad (%)	IC 95%	Especificidad (%)	IC 95%	PPV	NPV	
ELISA	ATSL	35	83	9	15	70.0	62.5-77.5	90.2	85.3-95.1	79.5	84.7	
	opH2A	17	85	7	33	34.0	26.2-41.8	92.4	88.0-96.7	70.8	72.0	
	opLiP2a	27	87	5	23	54.0	45.8-62.2	94.6	90.8-98.3	84.4	79.1	
LFA	Puntuación visual	ATSL	28	83	9	22	56.0	47.8-64.2	90.2	85.3-95.1	75.7	79.0
		opH2A	18	86	6	32	36.0	28.1-43.9	93.5	89.4-97.5	75.0	12.9
		opLiP2a	31	87	5	19	62.0	54.0-69.9	94.6	90.8-98.3	86.1	82.1
	Intensidad Relativa	ATSL	29	84	8	21	58.0	49.9-66.1	91.3	86.7-95.9	78.4	80.0
		opH2A	23	89	3	27	46.0	37.8-54.2	96.7	93.8-99.6	83.9	78.4
		opLiP2a	33	86	6	17	66.0	58.2-73.8	93.5	89.4-97.5	84.6	83.5
	Intensidad (PP)	ATSL	27	84	8	23	54.0	45.8-62.2	91.3	86.7-95.9	77.1	78.5
		opH2A	19	89	3	31	38.0	30.0-45.9	96.7	93.8-99.7	86.4	74.2
		opLiP2a	25	87	5	25	50.0	41.8-58.2	94.6	90.8-98.3	83.3	77.7

E004 - Búsqueda y selección in silico de epitopes antigénicos de proteína HSP 100 de *Leishmania (V.) braziliensis* como blancos candidato para pruebas de serodiagnóstico

In silico screening and selection of antigenic epitopes from the HSP100 protein of *Leishmania (V.) braziliensis* as candidate targets for serodiagnostic testing

Maria Claudia Alvarado Cajahuamán¹, Jorge Arévalo^{1,2}, María Antonieta Quispe-Ricalde^{3,4}.

¹ Laboratorio de Patho-antígenos, Laboratorios de Investigación y Desarrollo, Facultad de Ciencias y Filosofía, Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú, maria.alvarado.c@upch.pe.

² Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú, jorge.arevalo@upch.pe

³ Laboratorio de Genética y Biotecnología Microbiana, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco. Cusco, Perú, antonieta.quispe@unsaac.edu.pe

⁴ Departamento Académico de Biología, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco. Cusco, Perú.

Palabras clave: Leishmaniasis tegumentaria americana, *Leishmania (V.) braziliensis*, HSP100, epítopes de células B, bioinformática, serodiagnóstico

Introducción:

La leishmaniasis es una enfermedad desatendida de regiones tropicales causada por el parásito protista del género *Leishmania*. En el Perú, la especie dominante es *L. (V.) braziliensis*, causante de lesiones cutáneas (LC). La prueba estándar de diagnóstico es la observación microscópica de cortes histológicos. Las pruebas moleculares representan un alto costo para regiones endémicas de bajos recursos. Las pruebas serológicas tienen un menor rendimiento; sin embargo, éste mejora notablemente al utilizar preparaciones individuales de proteínas antigénicas del parásito. La HSP100 es una proteína asociada a vesículas extracelulares de *Leishmania* en el estado amastigote, indispensable para el transporte intracelular de factores de virulencia y presenta antigenicidad en modelos de ratones.

Objetivo(s):

Seleccionar epítopes antigénicos in silico de HSP100 de *L. (V.) braziliensis*.

Métodos:

Se utilizó la secuencia de CDS de la proteína HSP100 de *L. (V.) braziliensis* M2904 (TrypDB: LbrM.29.1350) en los programas BCPREDS, Bcepred y Bepipred 2.0 de IEDB y de DTU. Se realizó un alineamiento pairwise de cada epítipo con HSP100 de *Trypanosoma cruzi* y HSP100 humano utilizando los paquetes bioinformáticos msa y Biostrings en R. Se obtuvo el porcentaje de identidad, similitud y longitud de gaps establecidos por el programa Muscle.

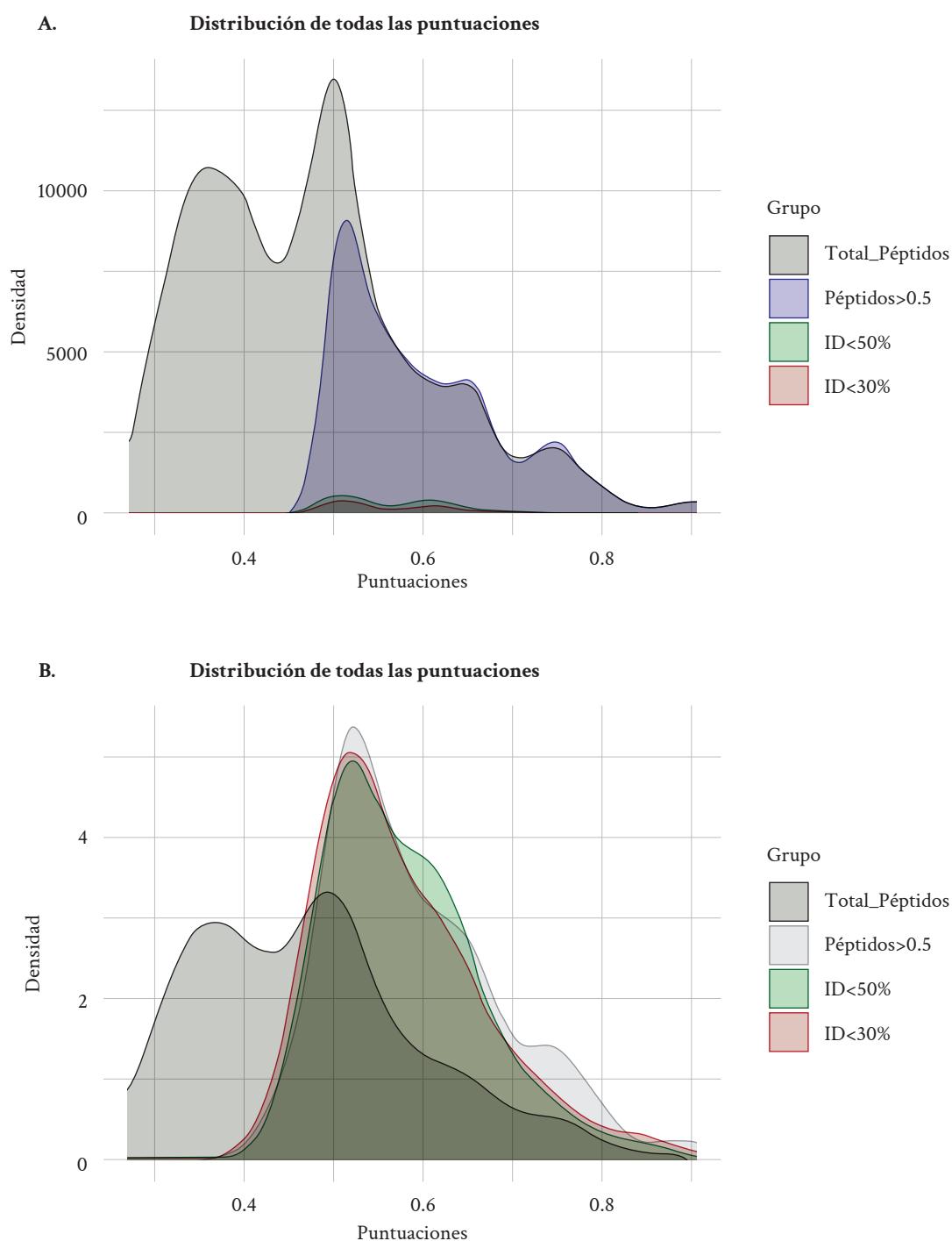
Resultados:

Se revisaron un total de 3404 péptidos realizando un barrido con tamaños de ventana de 14, 16, 18 y 20 aminoácidos. Se realizó una escalación de las puntuaciones en un rango de 0 a 1 y se incluyeron en un 10% a 30% de la puntuación final características de hidrofiliidad, polaridad y flexibilidad predichas por los programas, las cuales favorecen su aplicación en inmunoensayos. Se seleccionaron 1362 epítopes antigénicos que cruzan el punto de corte 0.5 en mínimo dos programas. En el análisis de alineamiento, se seleccionaron epítopes con una identidad menor al 50% y 30% en función a *T. cruzi* y humano, obteniéndose 91 y 65 candidatos sobrelapados, respectivamente. La distribución de puntuaciones se observa en la Figura 1. Se optó por el punto de corte estricto de homología. La ubicación de los epítopes selectos se observa en la Figura 2.

Conclusiones:

Se seleccionaron 65 epítopes candidatos sobrelapados y 11 no sobrelapados en HSP100 de *L. (V.) braziliensis* para futura exploración de las regiones más antigénicas de la proteína en experimentos de tipo inmunoensayo.

Agradecimiento: Este trabajo fue subvencionado por el CONCYTEC a través del programa PROCENCIA en el marco del concurso “Esquema financiero E041-2023-02 Proyectos de Investigación Aplicada”, según contrato PE501083417-2023-PROCENCIA”



Total Péptidos – Total de péptidos sobrelapados de HSP100; Péptidos>0.5 – Péptidos que cruzan el punto de corte de 0.5 en al menos dos programas; ID05 – Candidatos antigénicos con identidad <50%; ID03 – Candidatos antigénicos con identidad <30%.

Figura 1. Distribución de densidad A. absoluta y B. relativa de los epítopes evaluados.

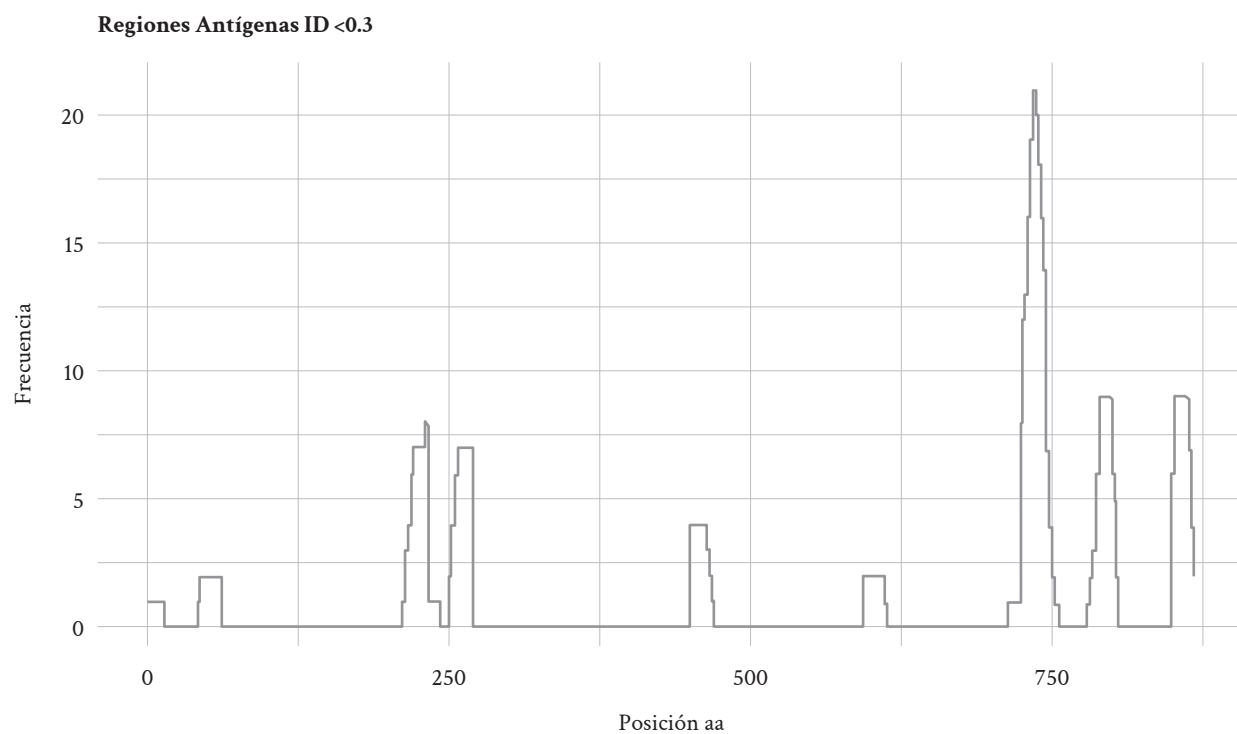


Figura 2. Distribución de epítopes selectos.

E007 - Posibilidades de detección y realizar un seguimiento en el curso de la leishmaniasis mucocutánea

Opportunities for detection and follow-up during the course of mucocutaneous leishmaniasis

Milagros Libertad Mayta Quispe^{1,2}, José Sierra², María Cruz Saldarriaga³, Fátima Concha Velazco⁴,
María Antonieta Quispe-Ricalde^{2,5}

¹ Escuela de postgrado de la Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco. Cusco, Perú, 124876@unsaac.edu.pe

² Laboratorio de Genética y Biotecnología Microbiana, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco. Cusco, Perú, lsierrah77@gmail.com

³ Hospital Adolfo Guevara Velazco. Cusco, Perú, mcruzvene@gmail.com

⁴ Hospital Antonio Lorena. Cusco, Perú, fatima.concha@unsaac.edu.pe

⁵ Departamento de Biología. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco, Perú, antonieta.quispe@unsaac.edu.pe

Palabras clave: Leishmaniasis, ADN de parásitos en sangre, lesiones mucocutáneas

Introducción:

La leishmaniasis es una enfermedad parasitaria ocasionada por protozoos del género *Leishmania*, tiene dos manifestaciones clínicas principales, siendo la forma mucocutánea la manifestación más severa. Esta última manifestación es el resultado de la posible diseminación del parásito desde una lesión cutánea inicial, estas lesiones pueden aparecer tiempo después a causa de lesiones cutáneas no tratadas o a causa de descensos en la inmunidad del hospedero humano, por lo que el parásito persiste de forma latente en el huésped propagándose a través de la sangre y linfa, dicha propagación sería la causa de la metástasis en esta enfermedad.

Objetivo(s):

El presente trabajo tiene como objetivo evaluar la presencia del parásito en pacientes con sospecha de tener metástasis.

Métodos:

El presente estudio es de tipo observacional analítico, se evaluaron 50 muestras de pacientes con sospecha de tener leishmaniasis mucosa, con o sin antecedentes de haber tenido lesiones cutáneas previas. La presencia de ADN de *Leishmania* en sangre se evaluó mediante una doble amplificación en PCR dirigida a una región de 75 pb del ADN del Kinetoplasto de *Leishmania*. La visualización de la amplificación se realizó mediante electroforesis y el análisis estadístico se realizó mediante SPSS V26.

Resultados:

Se evaluaron a 15 pacientes que presentaron lesiones de tipo mucoso y una cantidad igual de pacientes con lesiones cutáneas. En el primer grupo de pacientes con leishmaniasis mucosa, en ocho (8) se observa la presencia de ADN del parásito. Al asociar las variables mediante la prueba de Chi cuadrado se evidencia que no hay relación estadísticamente significativa entre: la detección de ADN de *Leishmania* en sangre y las lesiones de tipo mucocutáneo con un valor de $p=0.804$.

Conclusiones:

La PCR en sangre demostró ser útil para la detección del ADN del parásito y aunque al analizar la asociación entre variables encontramos que no existe asociación estadísticamente significativa, esto podría indicar que la PCR en sangre es capaz de detectar tanto casos cutáneos como mucosos de forma indistinta, y no hay una mayor fuerza de asociación solo con los pacientes que presentan lesiones mucosas.

E008 - Asociación entre carga parasitaria basal y su respuesta al tratamiento en pacientes con leishmaniasis cutánea localizada

Association between baseline parasite load and treatment response in patients with localized cutaneous leishmaniasis

Laura Melissa Mori-Llontop¹, Braulio Mark Valencia-Arroyo², Elmer Alejandro Llanos-Cuentas³

¹ Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima-Perú.

² Investigador Senior Asociado, International Center for future health systems, University of New South Wales, Australia.

³ Emeritus professor, Universidad. Peruana Cayetano Heredia, Lima-Perú. Instituto de Medicina Tropical "Alexander von Humboldt", Lima-Perú.

Palabras clave: Leishmaniasis cutánea localizada, carga parasitaria, tratamiento

Introducción:

Se postula la carga parasitaria (CP) basal sea una herramienta pronóstica de la respuesta al tratamiento en leishmaniasis cutánea localizada (LCL).

Objetivo(s):

Determinar la asociación entre CP basal en borde y base y el resultado al tratamiento del tratamiento en pacientes con LCL a los 90 (cura inicial) y 180 días (cura final) de tratamiento.

Métodos:

Cohorte prospectiva peruana con pacientes de Lima, Cusco y Ayacucho (Junio 2018-Octubre 2019). Criterios de inclusión: pacientes con diagnóstico confirmado de LCL y que firmaron consentimiento informado. Criterio de exclusión: menores de 10 años y aquellos que con data incompleta. Variable independiente: CP basal en centro y base medido por PCR cuantitativo; variable dependiente: cura o falla al tratamiento a los 90 y 180 días. Se definió la cura como cierre de lesión al 100%. El análisis estadístico utilizó frecuencias y su varianza, test de Wilcoxon, y regresión lineal. El estudio cuenta con autorización por el comité de ética de la Universidad Peruana Cayetano Heredia.

Resultados:

137 pacientes recibieron tratamiento supervisado para leishmaniasis cutánea localizada (LCL) y se retiraron 26 (19%) por no tener carga parasitaria en centro y base. De 111 pacientes, mediante el test de Wilcoxon se evidenciaron diferencias entre las medianas de CP basal en el centro de la lesión a los 90 días ($p=0.0358$) (Figura 1) más no a los 180 días (0.2084). Además, mediante regresión logística (Figura 2) se encontró correlación positiva entre la CP basal en el centro y base según especie de leishmania y se pudo establecer modelo estadístico para *L. V. braziliensis* ($\log$ de CP en base = $7.4922 + 0.4396 * \log$ de CP en centro, $R^2=0.3352$, $p\text{-valor}=0.0003$), *L. V. peruviana* ($\log$ de CP en base = $8.3868 + 0.4175 * \log$ de CP en centro, $R^2=0.3635$, $p\text{-valor}=0.0081$) y los no identificados ($\log$ de CP en base = $1.6411 + 0.8861 * \log$ de CP en centro, $R^2=0.9448$, $p\text{-valor}<0.001$). Cuando se incluyeron los resultados al tratamiento en los modelos de regresión lineal no se obtuvo significancia estadística.

Conclusiones:

Existen diferencias significativas entre las medianas de las CP en la cura a los 90 días en el centro de la lesión. Son necesarios otros tipos de análisis de regresión para obtener resultados más precisos. Aquellas especies clasificadas como no identificadas no implican resultados negativos sino especies que no se han podido identificar con métodos moleculares estándar.

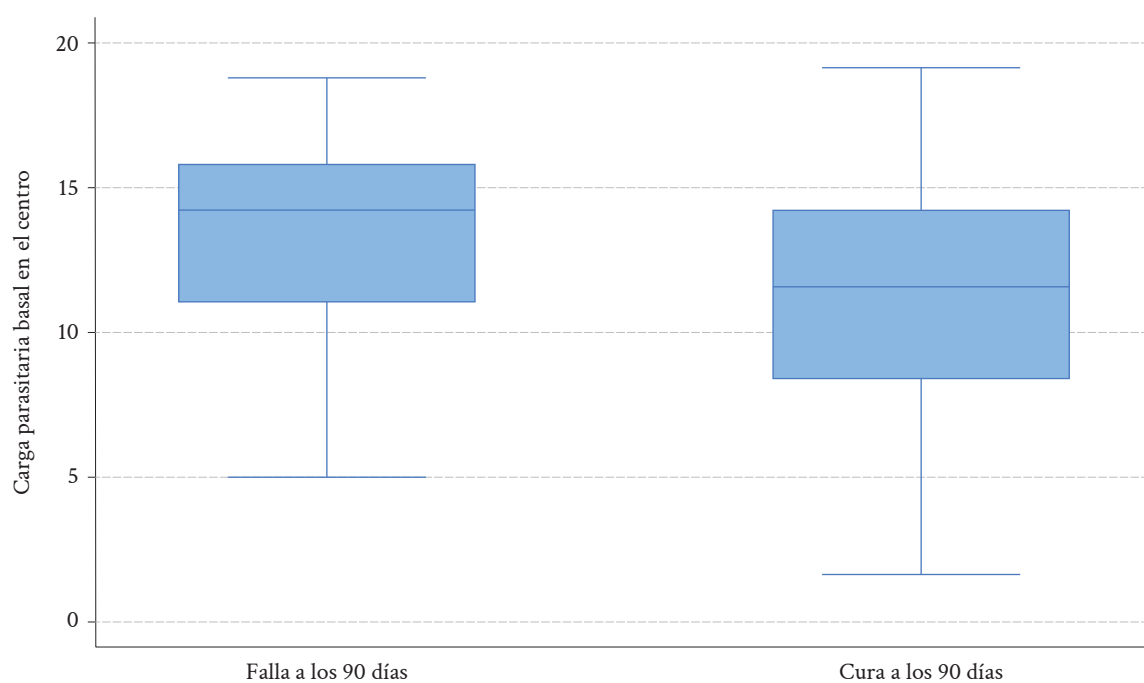


Figura 1. Medianas de las CP basales tomadas en el centro de la lesión según cura o falla a los 90 días

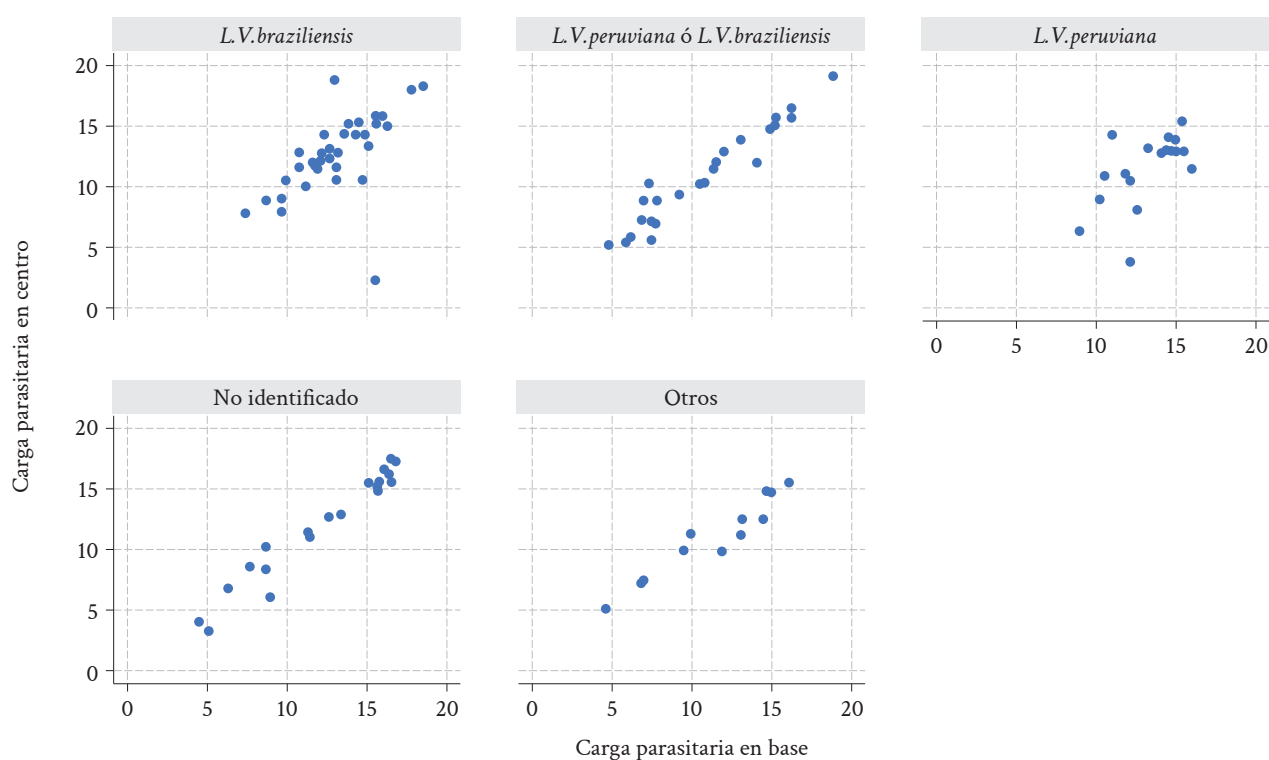


Figura 2. Análisis de regresión entre las cargas parasitarias por especie.

F003 - Tuberculosis y embarazo: un enemigo silencioso para la salud materno infantil

Tuberculosis and pregnancy: a silent threat to maternal and child health

Ximena Salas Xique¹, Carolina Sánchez Sánchez²

¹ Universidad de la Salud del Estado de Puebla, ximesx06@gmail.com

² Universidad de la Salud del Estado de Puebla, carolina.sanchez9117@gmail.com

Palabras clave: Tuberculosis activa, Tuberculosis neonatal, Embarazo y Epidemiología

Introducción:

La tuberculosis (TB) es un problema de salud pública global. La Organización Mundial de la Salud (OMS) reporta anualmente 8 a 10 millones de casos nuevos, con tres millones de muertes y tasas de letalidad de hasta 60% en poblaciones vulnerables. *Mycobacterium tuberculosis*, su agente etiológico, afecta principalmente los pulmones y se transmite por vía aérea. Durante la gestación, la TB supone un riesgo significativo tanto para la madre como para el neonato, con impacto en la salud materno infantil.

El diagnóstico de TB en embarazadas sigue siendo un desafío clínico, pues sus síntomas se confunden con cambios fisiológicos del embarazo y la enfermedad suele ser paucibacilar. En la etapa neonatal, la TB presenta alta morbilidad, afectando al binomio madre-hijo. La inmadurez del sistema inmunológico materno y neonatal influye en la progresión clínica, lo que resalta la urgencia de una intervención terapéutica temprana.

Objetivo:

Compilar información epidemiológica sobre la morbilidad neonatal en recién nacidos de madres con TB activa en zonas endémicas de Latinoamérica.

Métodos:

Se realizó una revisión bibliográfica en PubMed, Google Scholar y Scopus, usando términos clave como "Tuberculosis activa", "Tuberculosis neonatal", "Embarazo" y "Epidemiología", con filtros específicos para países latinoamericanos. Se identificaron 108 artículos a los cuales se les aplicaron criterios de inclusión y de exclusión obteniendo 10 para un análisis detallado.

Resultados:

La TB perinatal incluye tuberculosis congénita y postnatal. Aunque diferenciarlas no cambia el tratamiento, sí influye en la estrategia epidemiológica para identificar la fuente de infección. La TB congénita se transmite intraútero o durante el parto, con una tasa de transmisión fetal de 0 a 16%, según el momento del diagnóstico y el tratamiento materno.

Aunque el embarazo no es un factor de riesgo independiente para TB, agrava el pronóstico materno-fetal. Se ha documentado un incremento en abortos espontáneos, preeclampsia, parto prematuro, restricción del crecimiento intrauterino y bajo peso al nacer, elevando la morbilidad neonatal hasta 50% en ausencia de un diagnóstico

oportuno. En zonas endémicas como Brasil, México y Perú, la incidencia de TB gestacional supera 60 casos/100,000 habitantes, comparado con 4-39/100,000 en países desarrollados.

Conclusiones:

La morbimortalidad neonatal en hijos de madres con TB activa depende de factores como diagnóstico materno, tratamiento oportuno y tipo de enfermedad. En Latinoamérica, los neonatos expuestos presentan una mortalidad de hasta 50% sin tratamiento adecuado. Es crucial fortalecer estrategias de tamizaje, diagnóstico y tratamiento en embarazadas con TB para reducir su impacto en la salud materno infantil.

Foo6 - Antimicrobial susceptibility testing of rapidly growing mycobacteria isolated from tissue and bone at a specialized Trauma hospital in Costa Rica

Pruebas de susceptibilidad antimicrobiana de micobacterias de crecimiento rápido aisladas de tejido y hueso en un hospital especializado en trauma en Costa Rica

Mariela Alvarado Rodríguez¹, Stefany Lozada Alvarado², Alexander Romero Solano³, Yessenia Brenes Madrigal⁴, José Pablo Madrigal Rojas⁵, Manuel Ramírez Cardoce⁶

¹ Laboratorio Clínico Universidad de Costa Rica, Costa Rica, mariela.alvarado_r@ucr.ac.cr

² Laboratorio Clínico Universidad de Costa Rica, Costa Rica, betty.lozada@ucr.ac.cr

³ Hospital del Trauma, Costa Rica, Alexander751@gmail.com

⁴ Hospital del Trauma, Costa Rica, ybm1215@gmail.com

⁵ Hospital del Trauma, Costa Rica, josepablomadrigalrojas@gmail.com

⁶ Hospital del Trauma, Costa Rica, menracar@gmail.com

Keywords: Antimicrobial resistance, Mycobacteria, Susceptibility testing

Introduction:

Rapidly growing mycobacteria (RGM) are opportunistic microorganisms that cause infections such as soft tissue, skin and bone infections. There have been multiple reports of complicated infections after trauma, surgery, and other procedures, especially by *M. abscessus* complex, one of the most resistant strains. The susceptibility to antimycobacterial agents is variable within different members of this group. This is the first report of antimicrobial susceptibility of strains isolated from bone and tissue in Costa Rica.

Objectives:

The main purpose of this study was to determinate the presence of antimicrobial resistance in the isolates obtained from clinical samples.

Methods:

The strains were isolated from different clinical samples between February of 2023 and September 2024 at the Clinical laboratory and blood bank of the University of Costa Rica. The identification was performed using mass spectrometry (MALDI-TOF MS). The antimicrobial susceptibility testing and interpretations of the breakpoints was performed according to the guidelines of the Clinical and Laboratory Standards institute (CLSI) M24-A2.

Results:

In total, 9 isolates were collected and analyzed. All isolates were sensible to amikacin. The *M. abscessus* complex isolates showed greater percentage of resistance: 100% resistance to ciprofloxacin, clarithromycin, doxycycline, moxifloxacin and trimethoprim-sulfamethoxazole, and 75% resistance to linezolid, and an intermedium sensitivity to imipenem and cefoxitin. Additionally, they showed MIC50 of 0.12 µg/mL and MIC90 of 0.25 µg/mL to clofazimine and tigecycline. Regarding *M. fortuitum* complex isolates, they exhibit 100% resistance to minocycline and 60% resistance to clarithromycin, doxycycline and trimethoprim-sulfamethoxazole. Additionally, these isolates were 100% susceptible to ciprofloxacin and moxifloxacin, they showed a MIC50 of 0.12 µg/mL and MIC90 of 0.25 µg/mL to clofazimine and MIC50 of 0.03 µg/mL and MIC90 of 0.25 µg/mL to tigecycline.

Conclusions:

To our knowledge, this is the first report of RGM susceptibility patterns in Costa Rica, with results that showed high resistance to the antimicrobials recommended for treating the infections of RGM.

Previous studies of antimicrobial resistance have detected different mechanisms of resistance for macrolides, linezolid, sulfonamides, tetracyclines, important for the treatment of RGM. This study highlights the importance of carrying out epidemiological studies in each country and medical center, to generate region-specific treatment guidelines.

Table 1. Results of susceptibility testing of 12 antimicrobials against *M. abscessus* complex and *M. fortuitum* complex.

RGM species	Antimicrobial agent	Percentage of insulates (%)			MIC (µg/mL)		
		S	I	R	MIC50	MIC90	Range
<i>Mycobacterium abscessus</i> complex (n=4)	Amikacin	100	0	0	8	16	8-16
	Cefoxitin	0	100	0	32	32	32-64
	Ciprofloxacin	0	0	100	>4	>4	>4
	Clarithromycin	0	0	100	>16	>16	>16
	Doxycycline	0	0	100	>8	>8	>8
	Imipenem	0	100	0	16	16	16
	Linezolid	0	25	75	32	32	16-32
	Moxifloxacin	0	0	100	>4	>4	>4
	Tigecycline	-	-	-	0.12	0.25	0.12-0.25
	Trimethoprim- sulfamethoxazole	0	0	100	>4/76	>4/76	>4/76
	Clofazimine	-	-	-	0.12	0.25	0.12-0.25
<i>Mycobacterium fortuitum</i> complex (n=5)	Amikacin	100	0	0	≤1	2	≤1-2
	Cefoxitin	40	20	40	32	128	16-128
	Ciprofloxacin	100	0	0	0.50	1	≤0.12-1
	Clarithromycin	40	0	60	1	16	1->16
	Doxycycline	40	0	60	0.5	8	0.5-16
	Imipenem	60	0	40	4	4	4-8
	Linezolid	40	60	0	4	16	4-16
	Minocycline	0	0	100	8	8	8
	Moxifloxacin	100	0	0	0.12	0.25	≤0.25-0.25
	Tigecycline	-	-	-	0.03	0.25	0.03-0.25
	Trimethoprim- sulfamethoxazole	40	0	60	2/38	>4/76	2/38->4/76
	Clofazimine	-	-	-	0.12	0.25	0.12-0.25

G002 - HLA-DR polymorphisms in post-COVID-19 syndrome (PCS) patients from Barranquilla, Colombia: a case-control study

Polimorfismos de HLA-DR en pacientes con síndrome post-COVID-19 (SPC) de Barranquilla, Colombia: Un estudio de casos y controles

Wilmer E. Villamil-Gómez^{1,2}, Maira Alejandra Ferrer-Sosa³, Antonio Acosta¹, Gustavo Aroca¹, Alfonso J. Rodríguez-Morales^{4,5}

¹ Universidad Simón Bolívar, Centro de Investigación en Ciencias de la Vida, Barranquilla, Colombia, wilmer.villamil@unisimon.edu.co, antonio.acosta@unisimon.edu.co, gustavo.aroca@unisimon.edu.co

² Grupo de Investigación Enfermedades Infecciosas y Tropicales, Universidad Simón Bolívar, Barranquilla Colombia.

³ Maestría en Genética Molecular, Universidad Simón Bolívar, Barranquilla Colombia, mferrer5@unisimon.edu.co

⁴ Grupo de Investigación Biomedicina, Faculty of Medicine, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas-Institución Universitaria Visión de las Américas, Pereira, Risaralda 660003, Colombia, alfonso.rodriguez@uam.edu.co

⁵ Faculty of Health Sciences, Universidad Científica del Sur, Lima, 4861, Perú.

Keywords: HLA-DR, polymorphisms, Post-COVID-19 syndrome, COVID-19, Colombia

Introduction:

Five years after the COVID-19 pandemic started, long-term consequences, including the wide spectrum of post-COVID-19 syndrome (PCS), are still to be followed and assessed. In Colombia and Latin America, there is a lack of studies on PCS, especially in assessing HLA polymorphisms, and most studies have reported low prevalence. This study examines the variation, severity of continual symptoms and HLA differences, assessing alleles AA, BB, DQ, and DR in post-COVID-19 using the WHO questionnaire and genotyping in Barranquilla, Colombia.

Objectives:

To determine the associations between HLA polymorphisms and PCS in a case-control study in Barranquilla, Colombia.

Methods:

The questionnaire was distributed among the Barranquilla population diagnosed with COVID-19 between 2020 and 2022 and recovered up to December 31, 2024. Patients self-reported their acute COVID-19 experience, demographic information, chronic conditions, vaccine history, and persistent symptoms. HLA genotyping using the LUMINEX IS200 PCR SSO Technique was done. Here, we present the preliminary results of a group of 65 patients, with twenty cases with controls without PCS were compared to see differences in HLA.

Results:

Of the total, 65% were female, and 57% were 40-59. 98% were vaccinated, but only 49% received >2 doses. Regarding PCS, 99% presented at least one persistent symptom after COVID-19, the rest ranging from 1 to 97; presenting post-COVID-19 fatigue, cephalgia, myalgias, arthralgias, cough, alopecia, sleep disturbances, hyporexia, dysgeusia,

dysosmia, anxiety, memory impairment, brain fog, tachycardia, dizziness, depression, diarrhea, phonophobia, photophobia, among other findings. Fatigue and cephalgia were less frequent in those with four vaccine doses compared with those <4. Individuals carrying the HLA-DR polymorphisms had a significantly higher risk of PCS ($p=0.0317$). We did not find associations with AA, BB, and DQ.

Conclusions:

A large study in Bogotá (10.1016/j.tmaid.2022.102492) reported that 63% of patients reported at least one persistent symptom for more than three months from the onset of COVID-19. PCS continues to be a significant health impairment for many patients. Long COVID-19 presents challenges, including persistent symptoms like fatigue, brain fog, and respiratory issues, affecting daily life and productivity. Associations vary across populations, likely due to differences in HLA allele frequencies and environmental factors. HLA-DR polymorphism has not been previously reported to be associated with PCS. Diagnosing and treating it is complex due to its varied presentations. It strains healthcare systems and poses socioeconomic impacts, especially in Latin America, as many patients face prolonged recovery, limited treatment options, and unclear long-term outcomes.

H001 - Uso de Ceftazidima/Avibactam + Aztreonam en las infecciones por *Pseudomonas* metalobetalactamasas positivas en el Hospital México de Costa Rica durante el periodo 2020 a 2022: estudio de cohorte retrospectivo

Use of Ceftazidime/Avibactam plus Aztreonam in Infections caused by Metallo- β -lactamase-producing *Pseudomonas* at Hospital México in Costa Rica during 2020–2022: A Retrospective Cohort Study

Marcia Pérez Jaén¹, Pablo Álvarez Aguilar²

¹ Caja Costarricense del Seguro Social, dra.perezj@gmail.com

² Caja Costarricense del Seguro Social, pabloalvarez83@gmail.com

Palabras clave: *Pseudomonas*, Ceftazidima/Avibactam, Aztreonam, Resistencia

Introducción:

La resistencia bacteriana es un problema de salud pública declarado por la Organización mundial de la salud desde el año 2015, se ha observado un aumento en las infecciones por microorganismos multidrogo resistentes incluyendo *Pseudomonas* a la fecha. Las opciones terapéuticas en la actualidad son limitadas y la implementación de nuevos esquemas terapéuticos está en proceso.

Objetivo(s):

Determinar la respuesta clínica y microbiológica a la combinación de Ceftazidima/Avibactam + Aztreonam en las infecciones por *Pseudomonas* Metalobetalactamasa (MBL) positivas. Determinar las características clínicas de los pacientes infectados por *Pseudomonas* MBL positivas. Comparar la mortalidad y la erradicación microbiológica entre las diferentes terapias administradas.

Métodos:

Se realizó un estudio de cohorte observacional, descriptivo y retrospectivo en el cual se incluyeron los casos de infecciones por *Pseudomonas* MBL positivas en el periodo del 2020 al 2022 en el Hospital México del seguro social de Costa Rica. Como criterios de inclusión se determinaron los aislamientos microbiológicos de *Pseudomonas* metalobetalactamasas, la estancia intrahospitalaria mayor a siete días, sin restricción de género, etnia ni edad. Como criterios de exclusión se tomaron aquellos pacientes que fallecieron durante las primeras 48 horas del inicio de cobertura antimicrobiana, expedientes con información incompleta y pacientes a los cuales se les cambió el tratamiento en las primeras 72 horas desde su prescripción.

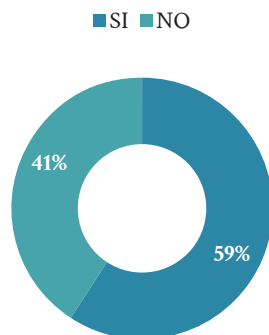
Resultados:

Se obtuvieron 51 aislamientos de *Pseudomonas* metalobetalactamasa positivas y de estos se incluyeron 42 aislamientos que cumplieron criterios de inclusión. Los principales factores de riesgo para mortalidad fueron shock séptico (HR 1.014, IC 95% [1.966-23.810], $p=0.003$), ventilación mecánica (HR 2.67, IC 95% [1.397-26.741], $p=0.016$) y diabetes mellitus (HR 2.53, IC 95% [0.995-6.477], $p=0.051$). El descenso de la procalcitonina se asoció con mayor probabilidad de sobrevida, con una sensibilidad de 41%, una especificidad de 83%. Un 28.57% de la muestra recibió el esquema combinado de Ceftazidima/Avibactam + Aztreonam y de estos un 59% logró la respuesta clínica, y el descenso de procalcitonina y un 50% la erradicación microbiológica.

Conclusiones:

Se demostró la respuesta clínica y erradicación microbiológica en el 50% de los pacientes que utilizaron el esquema de Ceftazidima/Avibactam + Aztreonam. No fue posible realizar una comparación de resultados entre esquemas terapéuticos dada la heterogeneidad de las terapias utilizadas. La mortalidad y evolución clínica de los pacientes con infecciones por *Pseudomonas* metalobetalactamasas positivas no dependió únicamente del esquema terapéutico antimicrobiano prescrito

CURACIÓN CLÍNICA Y DESCENSO PCT



ERRADICACIÓN MICROBIOLÓGICA

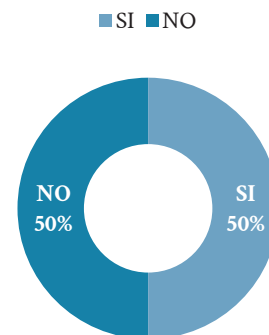


Figura 1. Curación clínica, descenso en procalcitonina y erradicación microbiológica en los pacientes que recibieron el esquema Ceftazidima/Avibactam + Aztreonam en infecciones por *Pseudomonas* MBL, durante el periodo 2020-2022 Hospital México, Costa Rica.

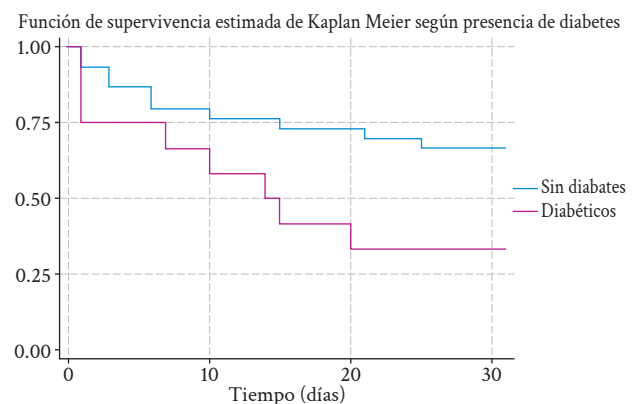
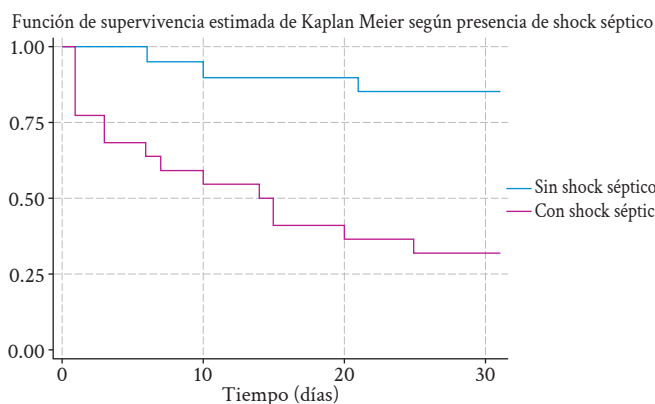


Figura 2. Análisis de supervivencia estimada por método de KM para Shock Séptico y diabetes mellitus en mortalidad a los 30 días de los pacientes con infecciones por *Pseudomonas* MBL, durante el periodo 2020-2022 Hospital México, Costa Rica.

H002 - Implementación de la clínica de antibioterapia ambulatoria para infecciones urinarias en el IGSS de Quetzaltenango, Guatemala

Implementation of an outpatient antibiotic therapy clinic for urinary tract infections at IGSS Quetzaltenango, Guatemala

Leonel González¹, Edna Cáceres², Lisbeth Analy Cifuentes³, Alvaro Salanic⁴, Daniel Castillo⁵, Paula Figueroa⁶

¹ Instituto Guatemalteco de Seguridad Social, Quetzaltenango, Guatemala, leogdl0301@gmail.com

² Instituto Guatemalteco de Seguridad Social, Ciudad de Guatemala, ednaccam@gmail.com

³ Instituto Guatemalteco de Seguridad Social, San Marcos, Guatemala, lanalycm@gmail.com

⁴ Instituto Guatemalteco de Seguridad Social, Quetzaltenango, Guatemala, infectoclinica@outlook.com

⁵ Instituto Guatemalteco de Seguridad Social, Quetzaltenango, Guatemala,

⁶ Instituto Guatemalteco de Seguridad Social, Ciudad de Guatemala, dra.paulafigueroa@gmail.com

Palabras clave: Infección urinaria, antibioterapia ambulatoria parenteral, enterobacterias, BLEE, días cama ahorrados.

Introducción:

La carga de infecciones urinarias (ITU) es alta en todos los servicios de salud, con una incidencia cada vez mayor de enterobacterias productoras de beta lactamasas de espectro extendido (BLEE), derivada del sobreuso de cefalosporinas de tercera generación. Esto, sumado al manejo inadecuado de bacteriurias asintomáticas mal diagnosticadas como ITU, reduce las opciones terapéuticas. Al mismo tiempo, los hospitales de la región permanecen sobrecargados la mayoría del tiempo, lo que obliga a buscar opciones terapéuticas ambulatorias que sean seguras y efectivas para los pacientes, como la terapia antibiótica ambulatoria y parenteral (OPAT).

Objetivos:

Describir la efectividad y seguridad del ertapenem en administración ambulatoria para ITU por enterobacterias productoras de BLEE en poblaciones con comorbilidades en el Hospital del Instituto Guatemalteco de Seguridad Social de Quetzaltenango, Guatemala (IGSS).

Estimar los días/camas ahorrados en el Hospital del IGSS de Quetzaltenango, Guatemala a través de la implementación de una clínica OPAT.

Métodos:

Análisis retrospectivo de 77 casos de infección urinaria entre abril 2022 y abril 2024, todos con urocultivo positivo: 92% *E.coli* y 8% *Klebsiella ssp*, ambas productoras de BLEE, con una edad media de 55 años, 84% femeninas, 16% masculinos.

El 53% de los pacientes recibieron ertapenem por 5 días y 47% por 7 días, según criterio del infectólogo por el estado clínico y factores de riesgo de complicaciones. Acorde al aclaramiento de creatinina, 94% de los pacientes recibieron un gramo/día (TFG mayor a 30 ml/minuto) y 6% recibieron 500 miligramos/día (TFG menor a 30 ml/minuto).

Del total de pacientes, 72 presentaban comorbilidades, diabetes mellitus la más frecuente (42%).

Se obtuvo una curación clínica en el 96% de los pacientes, únicamente con tres casos de reconsulta y un segundo ciclo de antibióticos, asociados los tres casos a malformación del aparato urinario. No se documentaron eventos adversos clínicos ni paraclínicos, tampoco flebitis ni infección en el sitio de inyección.

Conclusiones:

La clínica OPAT del Hospital del IGSS de Quetzaltenango, Guatemala, ha resultado en una opción efectiva y segura para el tratamiento de ITU por enterobacterias productoras de BLEE.

Durante los 24 meses del estudio, la clínica OPAT permitió ahorrar 455 días/cama, con una media de 5.90 días/cama ahorrados por paciente.

Tabla 1

Característica	N=77 (% or SD)
Sexo femenino	68 (84%)
Edad en años (media)	55 ± 16.3
<i>E. coli</i>	71 (92%)
<i>Klebsiella</i> spp.	6 (8%)
Dosis 1g/día	72 (94%)
Dosis 0.5g/día	5 (6%)
Ciclo 5 días	41 (53%)
Ciclo 7 días	34(47%)
Recaída	3 (4%)
Año de recolección	
2022	21 (27%)
2023	47 (61%)
2024	9 (12%)

Tabla 2

Año	2022	2023	2024
No. De pacientes	21	47	9
Comorbilidad	20/21	45/47	7/9
Diabetes mellitus	10 (48)	21 (45)	1 (14)
HTA	6 (29)	10 (21)	3 (43)
Enfermedad renal crónica	2 (10)	7 (15)	2 (29)
Cáncer	1 (5)	3 (6)	1 (14)
EPOC		3 (6)	2 (29)
Anormalidad urológica	2 (10)	5 (11)	-
Curación clínica	21 (100)	45 (96)	8 (89)
Días cama/ahorrado	119	281	55

H003 - Epidemiología molecular de *Providencia stuartii* obtenida de diferentes orígenes

Molecular epidemiology of *Providencia stuartii* isolated from different sources

Nayeli Estefania Sánchez-Casiano¹, Nadia Rodríguez-Medina², Alejandro Aguilar-Vera³, Rayo Morfin-Otero⁴, Enrique Jesús Delgado-Suárez⁵, Luisa Maria Sánchez-Zamorano⁶, Carlos Antonio Couh-May⁷, Luis Esaú López-Jacome⁸, María del Consuelo Velázquez-Acosta⁹, Cecilia Padilla-Ibarra¹⁰, Elena Victoria Choy- Chang¹¹, Elvira Garza-González¹², Ulises Garza Ramos¹³

¹ Universidad Nacional Autónoma de México UNAM, México, naysnchez@gmail.com

² Instituto Nacional de Salud Pública INSP, México, nadia_yeli@hotmail.com

³ Universidad Nacional Autónoma de México UNAM, México, aaguilar@ccg.unam.mx

⁴ Unidad Hospitalaria "Fray Antonio Alcalde" Antiguo Hospital de Guadalajara, rayomorfin@gmail.com

⁵ Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Ciudad de México, México; ejds@fmvz.unam.mx

⁶ Instituto Nacional de Salud Pública, Centro de Investigación en Salud Poblacional, Cuernavaca, Morelos, México, szamoran@insp.mx

⁷ Hospital General Dr. Agustin O'Horán, Yucatán, México, xcuyuc@hotmail.com

⁸ Instituto Nacional de Rehabilitación Luis Guillermo Ibarra, Ciudad de México, México, esaulopezjacome@gmail.com

⁹ Instituto Nacional de Cancerología, consueve62@yahoo.com.mx

¹⁰ Hospital General del Estado "Dr. Ernesto Ramos Bours", ceciliapadillaibarra@gmail.com

¹¹ Hospital General De Zona No.1 IMSS Nueva Frontera, victoriachoy21@gmail.com

¹² Hospital Universitario Dr. José E. González, Monterrey, elvira_garza_gzz@yahoo.com

¹³ Instituto Nacional de Salud Pública INSP, México, ulises.garza@insp.mx

Palabras clave: *Providencia stuartii*, MLST, epidemiología molecular

Introducción:

Providencia stuartii ha surgido como un patógeno oportunista relacionado con IAAS, además de su resistencia intrínseca a colistina y tigeciclina se ha reportado un incremento de aislamientos multirresistentes, lo que complica y reduce las opciones de tratamiento.

Objetivo:

Establecer la epidemiología molecular de *Providencia stuartii* y determinar sus características genómicas.

Métodos:

Se colectaron aislamientos clínicos de *P. stuartii* del periodo 2017-2024 de siete instituciones de México. Se caracterizaron los aislamientos mediante CarbaNP, PCR para las principales carbapenemasas, PFGE, Kiesser y conjugaciones bacterianas usando *E. coli* J53Azi^R como receptor. Se seleccionaron 25 aislamientos para secuenciación del genoma completo por Illumina NextSeq. Las lecturas obtenidas se evaluaron mediante FastQC y TrimGalore. El ensamble de genomas se realizó con Unicycler. Se descargaron los genomas de *Providencia* sp. del RefSeq; mediante análisis filogenético de SNPs del core genoma usando Snippy se clasificaron correctamente los genomas de *P. stuartii*. Para establecer la epidemiología molecular se desarrolló el sistema Multilocus Sequence Typing (MLST), basado en siete genes housekeeping obtenidos del análisis del pangenoma mediante Panaroo. El aislamiento 15300 de México fue considerado la Secuencia tipo (ST)1 y la asignación de las siguientes STs se realizó cronológicamente. Se determinaron las características genómicas (resistoma y grupos de incompatibilidad de plásmidos) mediante ResFinder y PlasmidFinder.

Resultados:

Se obtuvieron 70 aislamientos de *P. stuartii* y se identificó la carbapenemasa NDM-1 con un 37.1% (26/70). La mayoría de los aislamientos comparten un plásmido de 160 Kb, que alberga NDM, se obtuvieron transconjugantes en el 100% (26/26) de los ensayos. Se identificaron un total de 248 genomas de *P. stuartii* (226 GenBank y 22 este estudio), estos procedían de diversos países, aislados principalmente de humanos (77.4%), insectos (14.5%), aguas residuales (0.8%), animales (0.8%) y de origen desconocido (6.5%). El esquema MLST diseñado para *P. stuartii* identificó 53 ST entre los 248 genomas. La ST12 fue la más prevalente, presente en 45 genomas distribuidos por China, Bangladesh, USA, Nigeria, India y Perú; seguido por la ST3 en 27 aislamientos entre México, Polonia, China, Afganistán, Bangladesh, Italia y Tanzania. Las carbapenemasas encontradas con mayor frecuencia fueron NDM-1 (24.6%), NDM-7 (6.5%) e IMP-27 (5.2%).

Conclusiones:

La carbapenemasa NDM-1 fue la más prevalente en *P. stuartii*, tanto en los aislamientos clínicos de nuestro estudio como en los genomas analizados. NDM-1, estuvo asociado a diferentes ST, pero principalmente a ST12 y ST3 distribuidas en diversos países, lo que refleja un aumento en su distribución global.

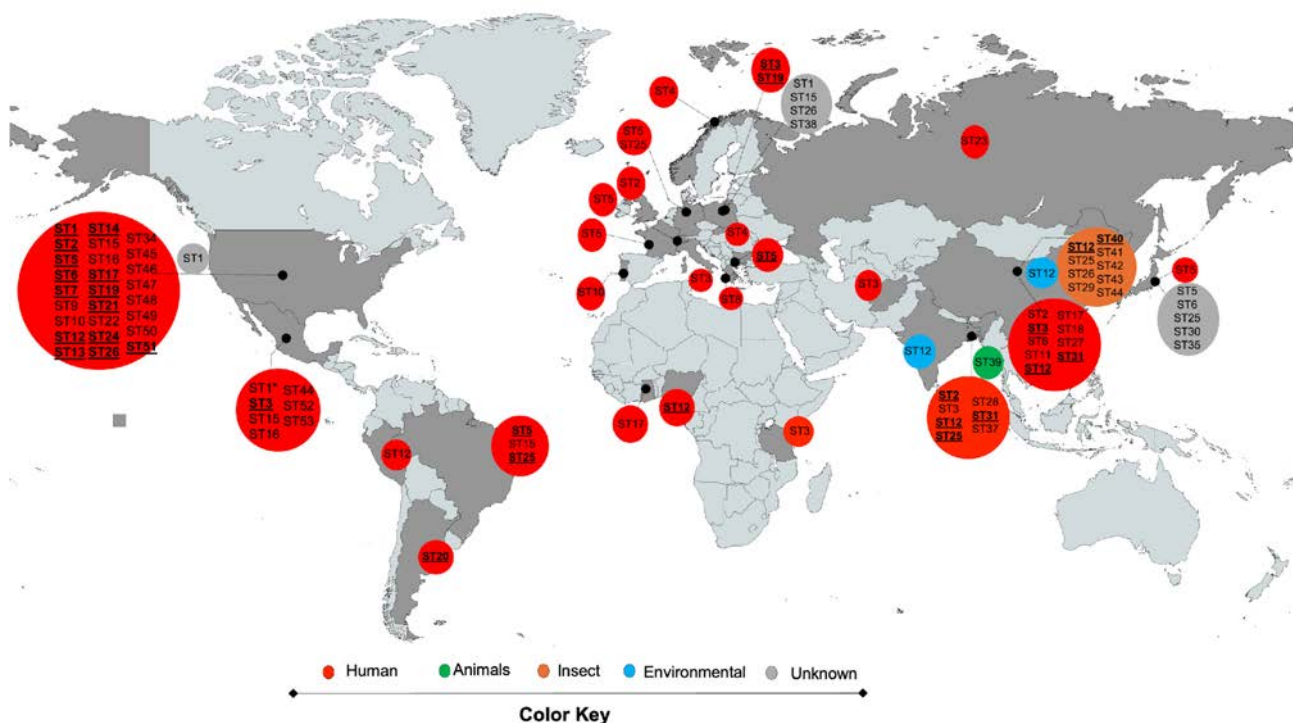


Figura 1. Epidemiología molecular de 248 aislamientos de *P. stuartii*. El mapa muestra la distribución global de cada ST. Los ST subrayado y resaltado corresponden a ST con 2 o más aislamientos. El origen de los aislamientos se muestra con códigos de color. La ST12 presenta el mayor número de aislamientos presentes en Estados Unidos, seguido de China, Bangladesh, Nigeria, India y Perú.

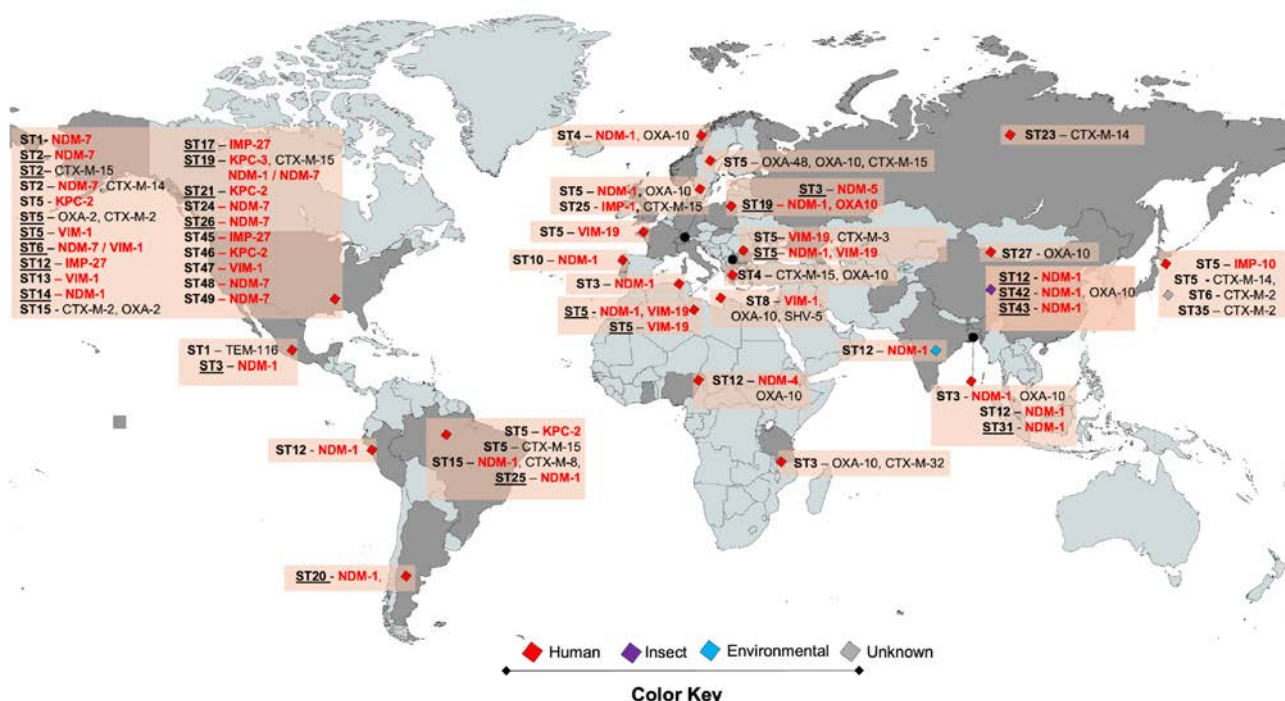


Figura 2. Epidemiología molecular de 141 aislamientos de *P. stuartii* productores de BLEE o carbapenemasas, distribuidos en 31 ST. Los ST subrayado y resaltado corresponde a ST con 2 o más aislamientos. El origen de los aislamientos se muestra con códigos de color. USA, China, Brasil, Japón y Bangladesh presentaron una mayor diversidad de ST con diferentes BLEEs y carbapenemasas.

H008 - Resistoma de *Klebsiella pneumoniae* ST307 y ST45 asociada a sepsis neonatal

Resistome of *Klebsiella pneumoniae* ST307 and ST45 associated with neonatal sepsis

Gauddy Lizeth Manzanares Leal¹, Ninfa Ramírez Durán², Cindy Fabiola Hernández Pérez³, Marlen Flores Huacuja⁴, Felipe Amador Luján⁵, Natalia Castañeda Grisales⁶

¹ Facultad de Medicina, Universidad Autónoma del Estado de México, Toluca, México, glmanzanaresl001@profesor.uaemex.mx

² Facultad de Medicina, Universidad Autónoma del Estado de México, Toluca, México, nramirez@uaemex.mx

³ Centro Nacional de Referencia de Inocuidad y Bioseguridad Agroalimentaria del SENASICA, Tecámac, México, dgiaap.iica44@senasica.gob.mx

⁴ Centro Nacional de Referencia de Inocuidad y Bioseguridad Agroalimentaria del SENASICA, Tecámac, México, dgiaap.iica44@senasica.gob.mx

⁵ Facultad de ciencias de la salud, Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia, Medellín, Colombia, famador@est.colmayor.edu.co

⁶ Facultad de ciencias de la salud, Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia, Medellín, Colombia, ncastaneda@est.colmayor.edu.co

Palabras clave: *Klebsiella pneumoniae*, Multirresistencia, Genómica bacteriana, Sepsis neonatal, Epidemiología molecular

Introducción:

Klebsiella pneumoniae es un patógeno oportunista de alta relevancia en infecciones nosocomiales, especialmente en unidades de cuidados intensivos neonatales (UCIN). En particular, los linajes ST307 y ST45 han sido asociados con brotes epidémicos y alta resistencia a antibióticos, lo que complica el tratamiento y aumenta la morbilidad y mortalidad en recién nacidos. El estudio del resistoma de estos aislamientos es fundamental para comprender la diseminación de los determinantes de resistencia y establecer estrategias de control efectivas.

Objetivo(s):

Analizar el resistoma de aislamientos clínicos de *Klebsiella pneumoniae* obtenidos de casos de sepsis neonatal, con el fin de identificar genes de resistencia, elementos genéticos móviles y su potencial impacto en la terapéutica antimicrobiana.

Métodos:

Se analizaron 21 aislamientos provenientes de neonatos con sepsis en un hospital de tercer nivel, previamente identificados como *Klebsiella pneumoniae* mediante secuenciación del gen 16S rRNA. Los genomas fueron secuenciados con Illumina y ensamblados mediante SPAdes. Para la identificación taxonómica a nivel de género y especie se realizaron análisis empleando las herramientas Kraken2 y KmerFinder. Para la tipificación multilocus de secuencias (MLST), se utilizó el programa string MLST que emplea la base de datos PubMLST (<http://pubmlst.org/>). Se identificaron genes de resistencia y elementos genéticos móviles con ResFinder y PlasmidFinder, respectivamente. La comparación filogenómica se llevó a cabo con Roary y FastTree.

Resultados:

La identificación taxonómica confirmó que todos los aislamientos pertenecen a *Klebsiella pneumoniae*. La tipificación multilocus de secuencias (MLST) permitió clasificar los aislamientos en dos linajes predominantes: ST307 (n=15) y ST45 (n=6), ambos previamente asociados con infecciones hospitalarias y resistencia antimicrobiana. Se identificó un amplio repertorio de genes de resistencia a antibióticos (RAM). Entre los más relevantes se encuentran: β -lactamasas: blaCTX-M-15, blaSHV-106, blaSHV-28, blaTEM-1B, blaOXA-1. Resistencia a quinolonas y aminoglucósidos: aac(6')-Ib-cr, oqxA, oqxB, qnrB1. Otros genes de resistencia: fosA (fosfomicina), sul2 (sulfonamidas), tet(A) (tetraciclinas), dfrA14 (trimetoprima). Además, se detectaron mutaciones en gyrA

(S83I) y en genes de porinas (ompK36, ompK37), lo que sugiere mecanismos adicionales de resistencia a fluoroquinolonas y β -lactámicos.

Conclusiones:

Los aislamientos de *Klebsiella pneumoniae* ST307 y ST45 presentan un resistoma amplio, incluyendo genes de BLEE, resistencia a quinolonas y sulfonamidas, lo que limita las opciones terapéuticas en neonatos. La alta similitud genómica sugiere una diseminación clonal dentro del hospital, lo que resalta la necesidad de fortalecer las estrategias de vigilancia y control de infecciones en UCIN.

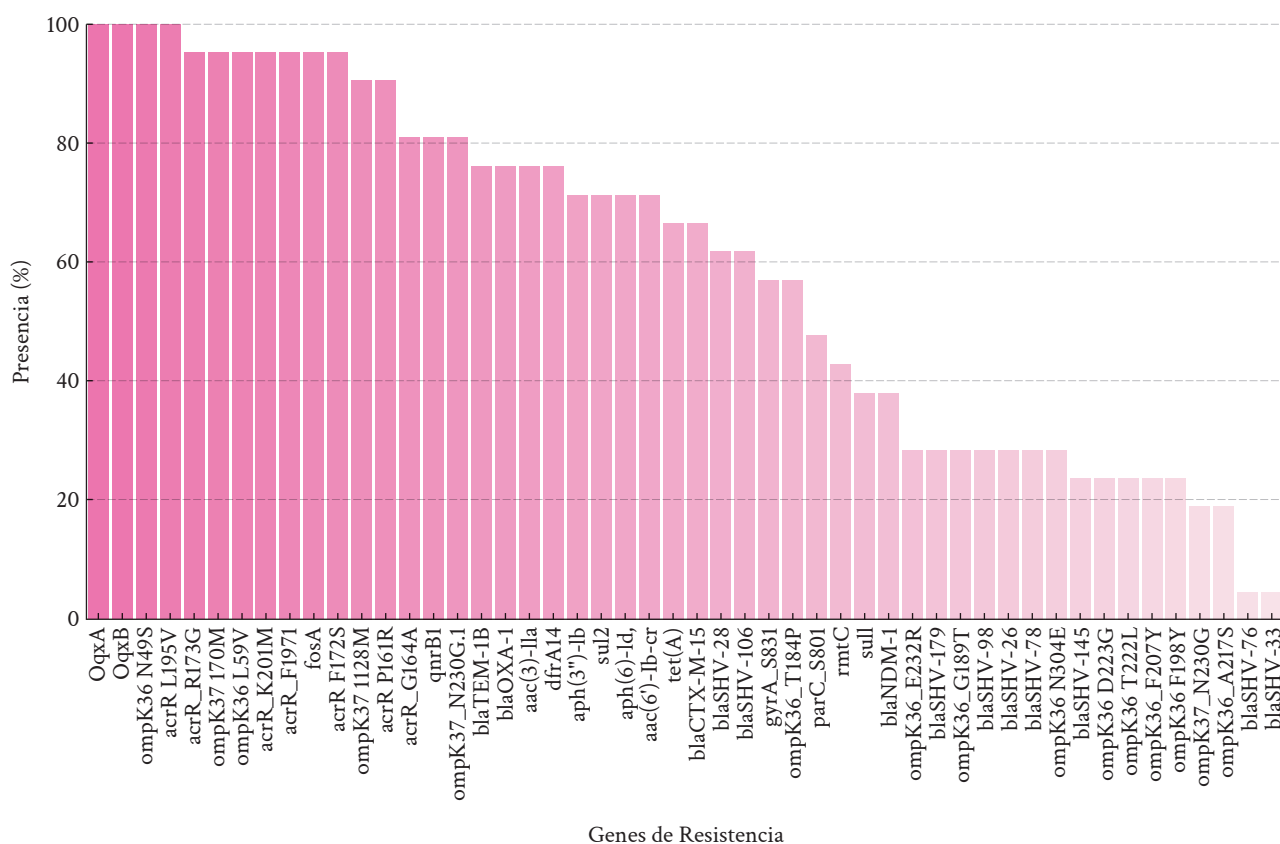


Figura 1. Abundancia de genes de resistencia antimicrobiana en cepas de *Klebsiella pneumoniae* ST307 y ST45 aisladas de casos de sepsis neonatal

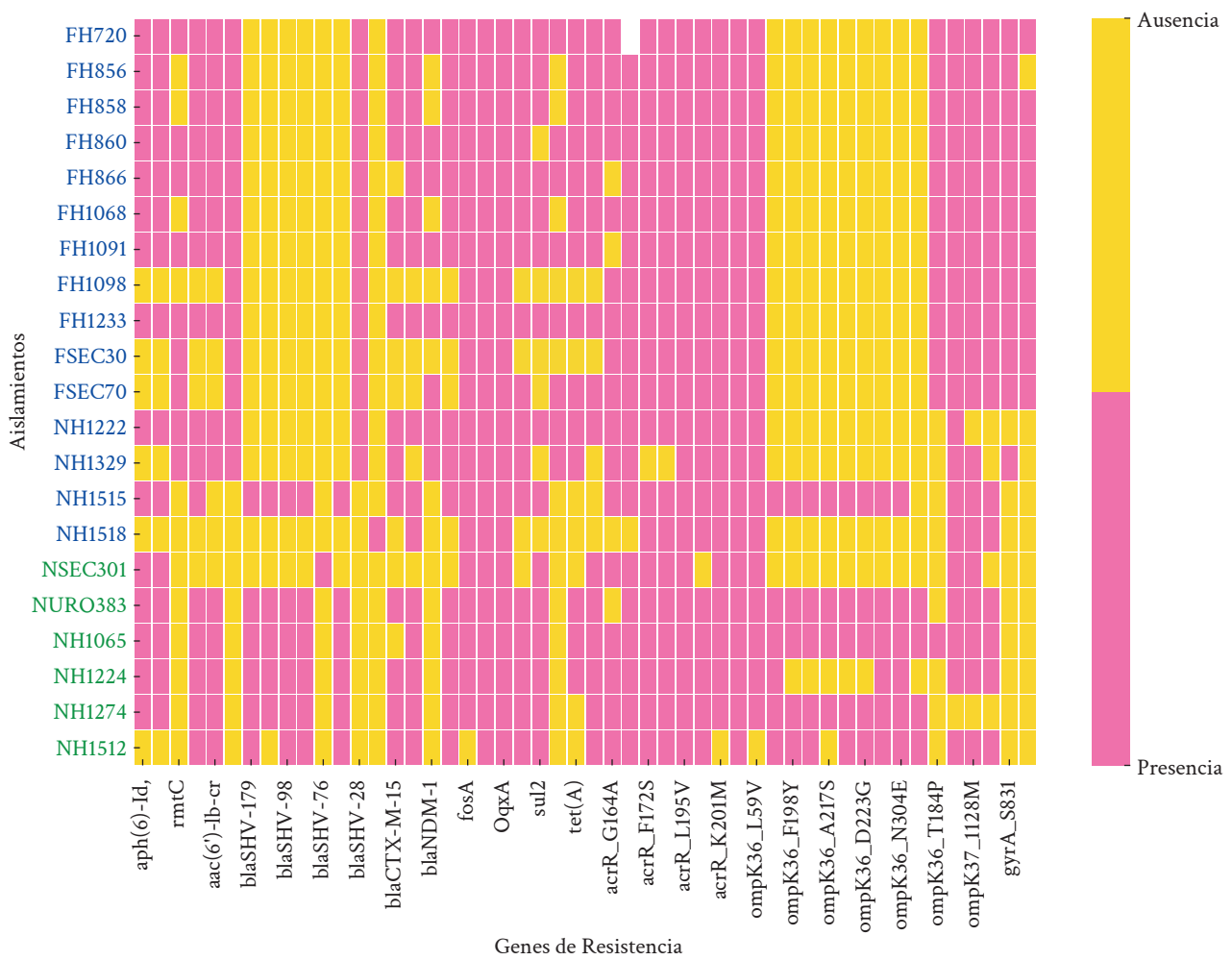


Figura 2. Perfil de genes de resistencia antimicrobiana en linajes ST307 (azul) y ST45 (verde) de cepas de *Klebsiella pneumoniae* aisladas de casos de sepsis neonatal.

Ho09 - Resistoma clínico de *Enterobacter cloacae*, *Escherichia coli* y *Staphylococcus* spp. asociadas a sepsis neonatal

Clinical resistome of *Enterobacter cloacae*, *Escherichia coli*, and *Staphylococcus* spp. associated with neonatal sepsis

Ninfa Ramírez Durán¹, Gaudy Lizeth Manzanares Leal², Cindy Fabiola Hernández Pérez³, Marlen Flores Huacuja⁴, Felipe Amador Luján⁵, Natalia Castañeda Grisales⁶

¹ Facultad de Medicina, Universidad Autónoma del Estado de México, Toluca, México, nramirez@uaemex.mx

² Facultad de Medicina, Universidad Autónoma del Estado de México, Toluca, México, glmanzanaresl001@profesor.uaemex.mx

³ Centro Nacional de Referencia de Inocuidad y Bioseguridad Agroalimentaria del SENASICA, Tecámac, México, dgiaap.iica44@senasica.gob.mx

⁴ Centro Nacional de Referencia de Inocuidad y Bioseguridad Agroalimentaria del SENASICA, Tecámac, México, dgiaap.iica44@senasica.gob.mx

⁵ Facultad de ciencias de la salud, Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia, Medellín, Colombia, famador@est.colmayor.edu.co

⁶ Facultad de ciencias de la salud, Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia, Medellín, Colombia, ncastaneda@est.colmayor.edu.co

Palabras clave: Multirresistencia, RAM, Genómica bacteriana, Sepsis neonatal, Epidemiología molecular

Introducción:

La sepsis neonatal es una de las principales causas de muerte en neonatos. El aumento de la resistencia a antibióticos complica el tratamiento y manejo de estas infecciones. El resistoma clínico de estas bacterias se refiere al conjunto de genes de resistencia que poseen y que pueden transferirse entre bacterias, dificultando aún más el tratamiento adecuado. Este estudio explora los perfiles de resistencia de diversas especies bacterianas asociadas a sepsis neonatal.

Objetivo(s):

Caracterizar el resistoma clínico de *Enterobacter cloacae*, *Escherichia coli* y *Staphylococcus* spp. aisladas de casos de sepsis neonatal.

Métodos:

Se analizaron 16 aislamientos provenientes de neonatos con sepsis en un hospital de tercer nivel, previamente identificados mediante secuenciación del gen 16S rRNA. Los genomas fueron secuenciados con Illumina y ensamblados mediante SPAdes. Para la identificación taxonómica a nivel de género y especie se realizaron análisis empleando las herramientas Kraken2 y KmerFinder. Para la tipificación multilocus de secuencias (MLST), se utilizó el programa stringMLST que emplea la base de datos PubMLST (<http://pubmlst.org/>). Para la fórmula antigénica de *Escherichia* se utilizó SerotypeFinder. Se identificaron genes de resistencia y elementos genéticos móviles con ResFinder y PlasmidFinder, respectivamente.

Resultados:

La identificación taxonómica mostró que los aislamientos pertenecen a las siguientes especies bacterianas asociadas a sepsis neonatal: *Enterobacter cloacae* (n=2), con los linajes ST653 (n=1) y ST316 (n=1); *Escherichia coli* (n=4) con varios serotipos y los linajes ST2973 (n=1), ST167 (n=2), ST657 (n=1); *Staphylococcus hominis* (n=2), linaje ST1 (n=2), *Staphylococcus haemolyticus* (n=6), linajes ST3 (n=4) y ST25 (n=2), y *Staphylococcus epidermidis* (n=2) linajes ST87 (n=1) y ST487 (n=1). Lo que refleja una amplia diversidad genética entre las cepas responsables de sepsis neonatal. El análisis del resistoma mostró que *E. coli* presentó una alta diversidad de genes de resistencia, incluyendo blaCTX-M-15, blaTEM-1B, aadA1, tet(A) y sul1, asociados a resistencia a β -lactámicos, aminoglucósidos, tetraciclinas y sulfonamidas. *Enterobacter cloacae* mostró la presencia de genes como blaNDM-1, blaACT-5 y

oqxA/B, indicando resistencia a carbapenémicos y fluoroquinolonas. En *Staphylococcus* spp., se identificaron genes como erm(C), mecA y blaZ, responsables de resistencia a macrólidos, β -lactámicos y glicopéptidos.

Conclusiones:

Este estudio revela una alta prevalencia de genes de resistencia en bacterias asociadas a sepsis neonatal, lo que subraya la importancia de monitorear el resistoma clínico en este contexto. Los resultados también enfatizan la importancia de la vigilancia microbiológica continua para mejorar la efectividad de los tratamientos y reducir la mortalidad neonatal relacionada con infecciones bacterianas.

Tabla 1. Distribución de Genes de Resistencia en Aislamientos Bacterianos por Especie

Especie	Aislamiento	Genes de resistencia más frecuentes
<i>Enterobacter cloacae</i>	NH1140 (ST653)	aadD, bleO, blaOXA-1, OqxB, OqxA, fosA, blaTEM-1B
	NH1162 (ST316)	aadD, blaOXA-1, OqxB, OqxA, fosA, blaTEM-1B
<i>Escherichia coli</i>	FH1076 (ST2973)	aadA1, aadA2b, aac(3)-IId, blaOXA-1, OqxB, OqxA, fosA, blaTEM-1B
	FSEC66 (ST167)	blaTEM-1B, blaTEM-1C, OqxB, OqxA, fosA
	FURO20 (ST657)	aadA2b, aac(3)-IId, OqxB, fosA, blaTEM-1B
	NH100 (ST167)	aadA1, aadA2b, aac(3)-IId, OqxB, fosA, blaTEM-1B
<i>Staphylococcus hominis</i>	FH1077 (ST1)	aadD, bleO, fosA
	FH1086 (ST1)	aadD, bleO, fosA
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	NH1151 (ST87)	fosA, blaTEM-1B
	NH1093 (ST487)	aadD, blaTEM-1B, fosA
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	NH1161 (ST3)	fosA, blaTEM-1B
	NH1130 (ST3)	fosA, blaTEM-1B
	FH1221 (ST3)	fosA, blaTEM-1B
	FH1403 (ST3)	fosA, blaTEM-1B
	NH1114 (ST25)	fosA, blaTEM-1B
	NH1119 (ST25)	fosA, blaTEM-1B

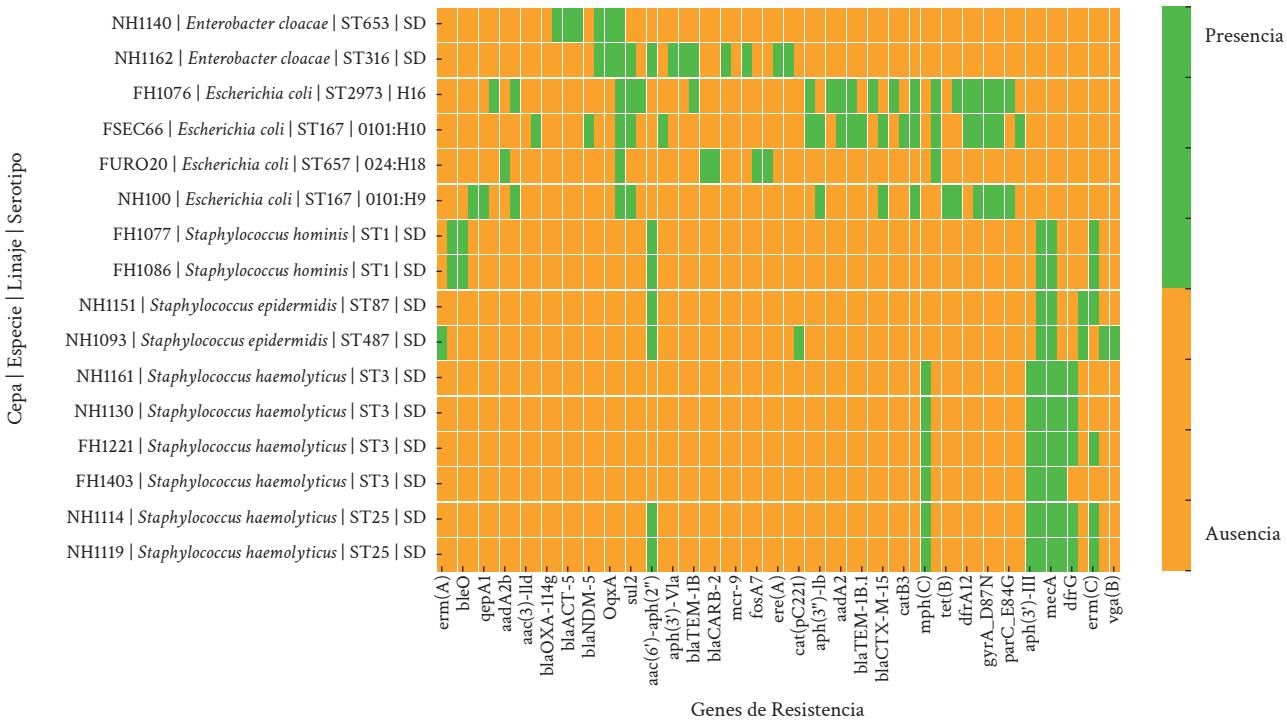


Figura 1. Perfil de genes de resistencia antimicrobiana en especies, linajes y serotipos de cepas bacterianas aisladas de casos de sepsis neonatal.

H012 - CRISPR/Cas9: una herramienta prometedora contra la resistencia antimicrobiana

CRISPR/Cas9: A Promising Tool Against Antimicrobial Resistance

Uribe González Jose Zaid¹, Carolina Sánchez Sánchez²

¹ Universidad de la Salud del Estado de Puebla, zaiduribe2@gmail.com

² Universidad de la Salud del Estado de Puebla, carolina.sanchez9117@gmail.com

Palabras clave: Antimicrobial resistance, CRISPR methods, CAS-9

Introducción:

Para 2050 se estiman 10 millones de muertes si continúa la tendencia actual de la resistencia antimicrobiana, una solución prometedora es el método Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeat (CRISPR) herramienta de edición genómica que actúa con secuencias de ADN en bacterias, reconoce y guarda fragmentos de ADN; aunado al Cas-9 que corta y pone en función este mecanismo para borrar y reparar la secuencia de ADN.

Objetivo:

Recopilar información sobre el método CRISPR CAS-9 y su potencial aplicación contra la resistencia antimicrobiana.

Métodos:

Se buscó en la plataforma Pubmed donde se ingresaron las palabras clave “antimicrobial resistance” y “CRISPR CAS-9” obteniendo un total de 304 resultados a los cuales se les aplicaron criterios de inclusión y de exclusión con el apoyo de research rabbit obteniendo un total de 8 artículos correlacionados entre ellos, mismos que se analizaron.

Resultados:

El mecanismo de CRISPR-Cas9 para combatir la resistencia antimicrobiana consiste en identificar el gen específico que causa la resistencia y diseñar un ARN guía que dirige la proteína Cas9 hacia donde está el gen cortando ese fragmento de ADN, este puede eliminarse o reemplazarse por una versión no resistente, desarmando a la bacteria y evitando la propagación de la resistencia. Su implementación es una innovadora manera de combatir bacterias que ya contienen una resistencia importante, sin embargo hay pocos experimentos donde se ha aplicado, siendo la edición genómica una técnica que podría traer afectaciones para el hospedero o alguna repercusión aún no explorada.

Conclusiones:

Este método puede ser una gran herramienta para la corrección de enfermedades a nivel genético con un gran potencial para usarse contra la resistencia antimicrobiana, creando una nueva generación de tratamientos ultra especializados para los pacientes, ayudando a mejorar las terapias celulares y teniendo prometedores resultados los cuales aún deben ser regulados y verificados.

H013 - Factores de riesgo asociados a la resistencia antimicrobiana en pacientes oncológicos con bacteriemia atendidos en la Clínica Sebastián de Belalcázar durante los años 2016-2023

Risk Factors Associated with Antimicrobial Resistance in Oncologic Patients with Bacteremia Treated at Clínica Sebastián de Belalcázar from 2016 to 2023

Claudia Patricia Cañadas Aragón¹, Fabian Armando Carrera Patiño², Hernán Vergara-Samur³, José Millán Oñate-Gutiérrez⁴

¹ Clínica Sebastián de Belalcázar, Colombia, investigacioncsb@colsanitas.com

² Clínica Sebastián de Belalcázar, Colombia, fabiankra1228@gmail.com

³ Fundación Universitaria Sanitas, Colombia, hdvergarasa@unisanitas.edu.co

⁴ Clínica Sebastián de Belalcázar, Colombia, millanonate@gmail.com

Palabras clave: Drug resistance, Antimicrobial Resistance, Bacteremia, Cancer

Introducción:

La resistencia antimicrobiana es una preocupación creciente en pacientes oncológicos con bacteriemia.

Objetivo(s):

Determinar los factores de riesgo asociados a la resistencia bacteriana en pacientes oncológicos con bacteriemia atendidos en una institución de la ciudad de Cali durante el periodo comprendido entre enero de 2016 y diciembre de 2023.

Objetivos específicos:

- Identificar los microorganismos más frecuentes que causan bacteriemia en pacientes con cáncer de órgano sólido y hematológico.
- Evaluar el perfil de susceptibilidad y resistencia bacteriana de los microorganismos más frecuentes que causan bacteriemia en pacientes con cáncer de órgano sólido y hematológico.
- Identificar los factores de riesgos que generan resistencia bacteriana en pacientes oncológicos con bacteriemia.

Métodos:

Se realizó un estudio de casos y controles no pareado con pacientes oncológicos atendidos en la Clínica Sebastián de Belalcázar de Cali entre enero de 2016 y diciembre de 2023. Se incluyeron pacientes con bacteriemia, clasificándolos en casos (bacteriemia con resistencia) y controles (bacteriemia sensible).

Resultados:

Se incluyeron 213 pacientes, de los cuales 122 (57.28%) eran mujeres. La mediana de edad fue de 71 años (IQR: 50-72). El 57.7% (123) tenía cáncer sólido y el 42.2% (90) cáncer hematológico. Un total de 124 (58.2%) pacientes fueron controles y 89 (41.78%) casos. Los microorganismos más frecuentes fueron *E. coli* (22.7%), *K. pneumoniae* (19.7%) y *P. aeruginosa* (10.33%). Entre los casos, los principales mecanismos de resistencia identificados fueron IRT (35.96%), BLEE (20.22%) y Oxa R (16.85%). El foco infeccioso más común fue la bacteriemia primaria (23.6%) y acceso vascular (21.35%). El OR de infección previa para resistencia fue 2.45 (IC95% 1.31-4.58, p=0.0023). El OR de antibiótico previo para resistencia fue 2.89 (IC95% 1.55-5.44, p=0.0003). El OR de uso de carbapenémico fue 8.89 (IC95% 1.04- 412.16, p=0.0166). El OR de uso de más de dos antibióticos fue 2.93 (IC95% 1.57-5.49).

Conclusiones:

El uso previo de antibióticos, especialmente carbapenémicos, y el uso de múltiples antibióticos se asociaron significativamente con la resistencia bacteriana en pacientes oncológicos con bacteriemia.

H015 - Evaluación de adherencia a guías de profilaxis antimicrobiana quirúrgica: experiencia del PROA Hospital Roosevelt durante 2024

Evaluation of Adherence to Surgical Antimicrobial Prophylaxis Guidelines: Experience of the Antibiotic Stewardship Program at Hospital Roosevelt During 2024

Gabriela Ozaeta Díaz¹, Gabriela Nohemi Reyes Lemus², Karla Fernanda Carrascoza García³, Wendy Yohana Gómez Yal⁴, Nancy Virginia Sandoval Paiz⁵

¹ Hospital Roosevelt, Guatemala, Guatemala, gabyozaetad@gmail.com

² Universidad de San Carlos de Guatemala, Guatemala, gabrielanohemireyes@gmail.com

³ Universidad de San Carlos de Guatemala, Guatemala, fernandacarrascoza@gmail.com

⁴ Hospital Roosevelt, Guatemala, Guatemala, gomezyalyohana@gmail.com

⁵ Hospital Roosevelt, Guatemala, Guatemala, nsandovalpaiz@gmail.com

Palabras clave: PROA, profilaxis quirúrgica, adherencia, antimicrobianos, infección de sitio quirúrgico

Introducción:

La profilaxis antimicrobiana quirúrgica es una estrategia fundamental para prevenir infecciones del sitio quirúrgico. Sin embargo, su efectividad depende de la correcta implementación según parámetros establecidos: selección del antibiótico, dosis, momento de administración y duración. La adherencia subóptima a estas guías puede contribuir al aumento de infecciones postoperatorias y resistencia antimicrobiana. El Programa de Optimización de Antimicrobianos (PROA) del Hospital Roosevelt implementó un sistema de vigilancia e intervención para mejorar la adherencia a las guías de profilaxis quirúrgica.

Objetivo(s):

Evaluar la adherencia a las guías institucionales de profilaxis antimicrobiana quirúrgica en seis servicios quirúrgicos del Hospital Roosevelt durante 2024 e implementar intervenciones para optimizar su cumplimiento.

Métodos:

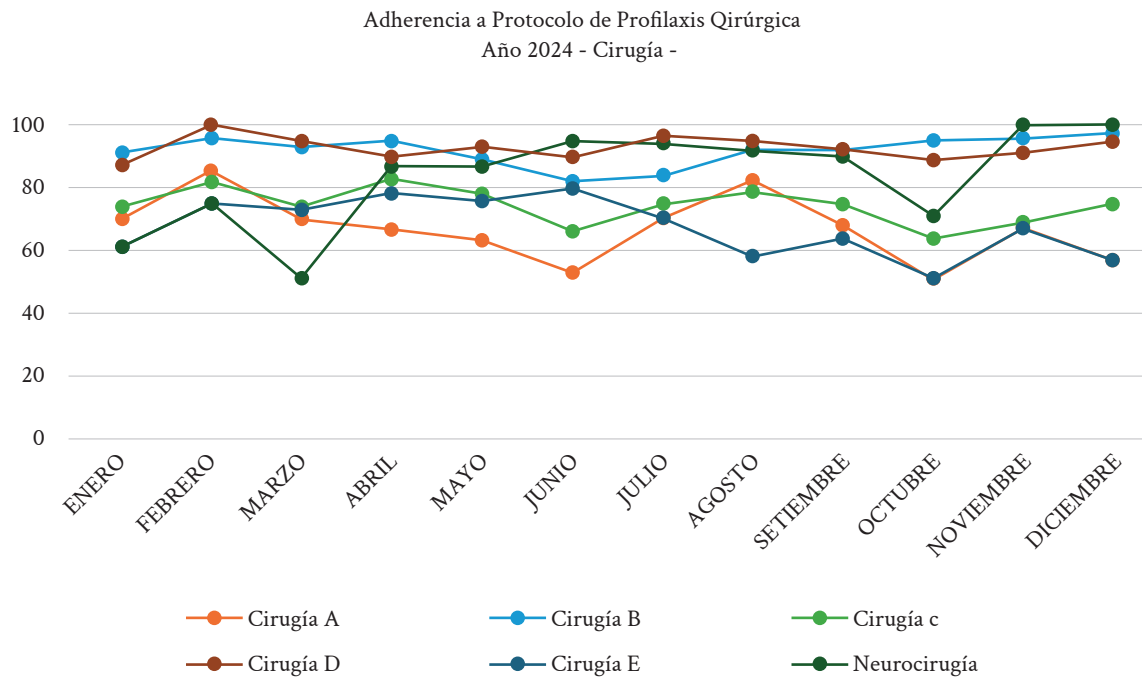
Estudio observacional prospectivo con intervención concurrente realizado de enero a diciembre de 2024. Se evaluaron aproximadamente 4,500 procedimientos quirúrgicos en seis servicios: Cirugía A (Maxilofacial y Ortopedia mixto), Cirugía B (Cirugía General de hombres), Cirugía C (Ortopedia hombres), Cirugía D (Cirugía General mujeres), Cirugía E (Ortopedia mujeres) y Neurocirugía. Se definió adherencia como el cumplimiento simultáneo de cuatro parámetros: selección apropiada del antibiótico, momento de administración, dosis y duración según guías institucionales. Las intervenciones incluyeron retroalimentación en tiempo real a los equipos quirúrgicos ante desviaciones del protocolo y presentaciones periódicas de resultados a los servicios con enfoque en mejora continua. El equipo evaluador estuvo conformado por infectología, farmacéutica de PROA, enfermería y estudiantes de práctica profesional farmacéutica.

Resultados:

Las tasas de adherencia global durante 2024 oscilaron entre 50% y 100% dependiendo del servicio y mes evaluado. Se observó una notable variabilidad entre servicios, con Neurocirugía y Cirugía D mostrando las mejores tendencias de adherencia en el último trimestre (90-100%). Se documentó una tendencia general a la mejora en la mayoría de los servicios durante el segundo semestre, tras la intensificación de intervenciones educativas y retroalimentación personalizada.

Conclusiones:

El programa de vigilancia e intervención para la adherencia a profilaxis antimicrobiana quirúrgica demostró ser una herramienta efectiva para mejorar las prácticas prescriptivas en el entorno quirúrgico. La evaluación de aproximadamente 4,500 procedimientos evidencia un esfuerzo sistemático y sostenido del PROA institucional. La combinación de retroalimentación en tiempo real y la presentación periódica de resultados con enfoque positivo resultaron en una tendencia favorable en la mayoría de los servicios. Este modelo de intervención podría ser replicable en otras instituciones hospitalarias. Se recomienda implementar estrategias focalizadas para abordar específicamente la duración de la profilaxis y el momento de administración para optimizar la adherencia global.



H016 - Auditorías prospectivas de uso de antimicrobianos en unidades de cuidados intensivos: análisis de patrones de prescripción y adherencia a guías clínicas

Prospective Audits of Antimicrobial Use in Intensive Care Units: Analysis of Prescription Patterns and Adherence to Clinical Guidelines

Gabriela Ozaeta Díaz¹, Gabriela Nohemi Reyes Lemus², Karla Fernanda Carrascoza García³, Wendy Yohana Gómez Yal⁴, Nancy Virginia Sandoval Paiz⁵

¹ Hospital Roosevelt, Guatemala, Guatemala, gabyozaetad@gmail.com

² Universidad de San Carlos de Guatemala, Guatemala, gabrielanohemireyes@gmail.com

³ Universidad de San Carlos de Guatemala, Guatemala, fernandacarrascoza@gmail.com

⁴ Hospital Roosevelt, Guatemala, Guatemala, gomezyalyohana@gmail.com

⁵ Hospital Roosevelt, Guatemala, Guatemala, nsandovalpaiz@gmail.com

Palabras clave: PROA, auditoría prospectiva, antimicrobianos, cuidados intensivos, tratamiento dirigido

Introducción:

El uso racional de antimicrobianos en unidades de cuidados intensivos (UCI) representa un desafío constante debido a la gravedad de los pacientes, la alta prevalencia de infecciones y la necesidad de decisiones terapéuticas rápidas. Las auditorías prospectivas constituyen una estrategia clave dentro de los Programas de Optimización de Antimicrobianos (PROA) para evaluar y mejorar las prácticas de prescripción. Este estudio analiza los patrones de prescripción antimicrobiana en cuatro unidades de cuidados intensivos de un hospital de tercer nivel.

Objetivo(s):

Evaluar los patrones de prescripción antimicrobiana en cuatro unidades de cuidados intensivos del Hospital Roosevelt durante el año 2024, clasificando los tratamientos según su naturaleza (dirigido, empírico por guía, empírico puro o profilaxis) e identificando tendencias de optimización.

Métodos:

Estudio observacional prospectivo realizado de enero a diciembre de 2024. Se auditaron aproximadamente 2,600 tratamientos antimicrobianos en cuatro UCI: UTIA 1 (Cirugía), UTIA 2 (Medicina Interna), UTIA 3 (Cardiología y Neurocirugía) y Unidad de Shock (Emergencia). Los tratamientos fueron clasificados en cuatro categorías: dirigido (basado en resultados microbiológicos), empírico según guías, empírico puro (sin adherencia a guías) y profilaxis. El equipo PROA (infectología, farmacia y enfermería) realizó auditorías semanales con retroalimentación inmediata a los equipos tratantes.

Resultados:

Se observaron patrones distintivos según el perfil asistencial de cada unidad. UTIA 1 mostró un incremento sostenido en tratamientos dirigidos durante el segundo semestre (>50% entre junio y noviembre), mientras el tratamiento empírico puro se mantuvo en niveles bajos (<12%). UTIA 2 presentó el patrón más consistente de tratamiento dirigido (51-67%) y empírico según guías (34-47%). UTIA 3 evidenció una alta proporción inicial de profilaxis (60-78%) con una tendencia positiva hacia tratamientos dirigidos en el último trimestre (33-40%). La incorporación de intervención en Unidad de Shock iniciada en abril, mostró un predominio esperado de tratamiento empírico según guías (46-69%), con proporciones significativas de tratamiento dirigido (28-36%) a pesar de su contexto de urgencia. En todas las unidades se observó una disminución progresiva del tratamiento empírico puro, sugiriendo una mejora en la adherencia a protocolos institucionales.

Conclusiones:

Las auditorías prospectivas permitieron identificar patrones específicos de prescripción según el perfil asistencial de cada UCI y documentar una evolución favorable en la calidad de prescripción durante el periodo evaluado. El incremento en tratamientos dirigidos y empíricos según guías, junto con la disminución de tratamientos empíricos puros, refleja el impacto positivo de la retroalimentación continua del equipo PROA. Este enfoque permite una optimización progresiva y personalizada de la terapia antimicrobiana en entornos críticos con distintas características asistenciales.

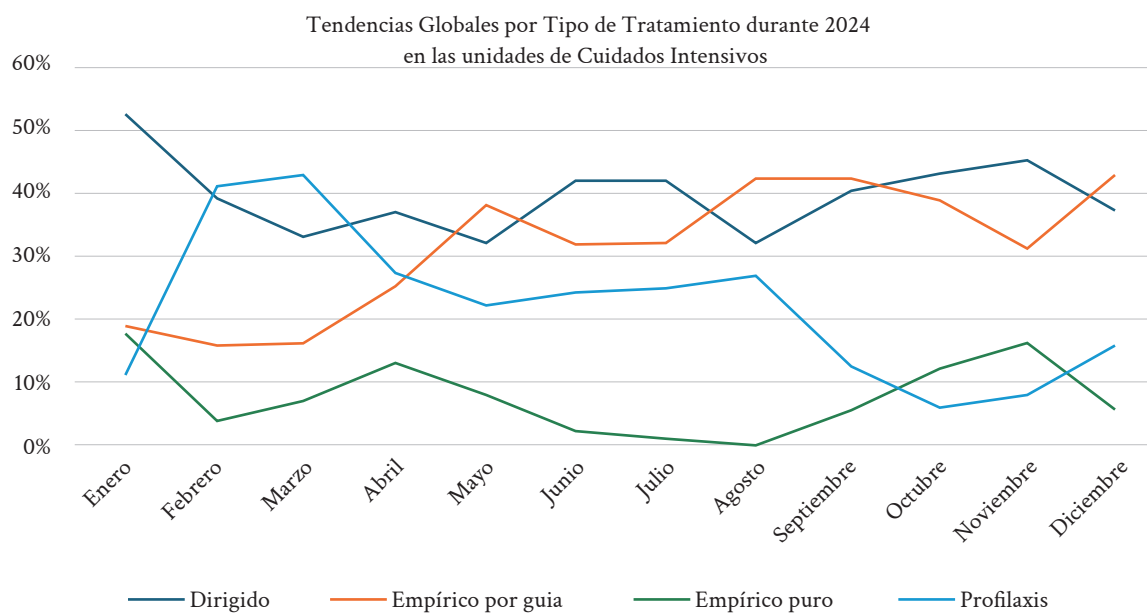


Figura 1.

H019 - Análisis de discrepancias de recomendaciones antimicrobianas en bacteriemias: comparación entre un sistema de soporte de decisiones clínicas y especialistas en enfermedades infecciosas

Analysis of Discrepancies in Antimicrobial Recommendations in Bacteremia: Comparison Between a Clinical Decision Support System and Infectious Diseases Specialists

Juan Carlos Gómez de la Torre Pretell¹, Ari Frenkel², Miguel Hueda-Zavaleta³, Carlos Chavez-Lencinas⁴, Alicia Rendon⁵, José Alonso Cáceres⁶

¹ Laboratorios Roe, Perú, jgomez@labroe.com

² Arkstone Medical Solution, USA, afrenkel@arkstonemedical.com

³ Universidad privada de Tacna, Perú, mighueda@virtual.upt.pe

⁴ Hospital Rebagliati Perú, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú, cchavezl1@unmsm.edu.pe

⁵ Arkstone Medical Solution, USA, arendon@arkstonemedical.com

⁶ Laboratorios Roe, Perú, jcaceres@labroe.com

Palabras clave: Bacteriemia, Sistema de apoyo a decisiones clínicas, Inteligencia Artificial, Infecciones Bacterianas

Introducción:

La bacteriemia es una infección grave del torrente sanguíneo que representa un desafío clínico significativo. Su manejo efectivo depende de un diagnóstico rápido y una terapia antimicrobiana adecuada. Los sistemas de soporte a la decisión clínica (SSDD) emplean inteligencia artificial y aprendizaje automático para mejorar la selección terapéutica.

Objetivos:

Evaluar la precisión de las recomendaciones terapéuticas generadas por el SSDD, basadas en datos moleculares y fenotípicos, en comparación con las recomendaciones de especialistas.

Material y Métodos:

Se realizó un estudio transversal, y analítico, a partir de resultados de bacteriemias en Lima, Perú entre enero y diciembre de 2024. Las recomendaciones terapéuticas fueron analizadas en dos grupos: 1) basadas en datos moleculares de *FilmArray*® (n=206) y, 2) basadas en datos moleculares y fenotípicos (*MALDI-TOF* y *VITEK 2.0*) en combinación (n=206). Estas recomendaciones se compararon entre las generadas mediante el SSDD y los 62 especialistas en enfermedades infecciosas mediante un cuestionario en línea basado en los resultados de hemocultivos.

Resultados:

Se analizaron 412 recomendaciones terapéuticas. Se encontró una concordancia global del 99% entre las recomendaciones del SSDD y al menos una opción de los especialistas. Para la mejor opción, el coeficiente Kappa fue 0.7846 ($p < 0.001$), indicando una concordancia alta. Se identificaron discrepancias en el 22% de los casos con datos moleculares y en el 16% con datos combinados cuando se evaluaron la mejor alternativa terapéutica. Las discrepancias favorecieron al SSDD en un 89.74%.

Las principales discrepancias en datos moleculares incluyeron elección incorrecta del antibiótico (26.32%) y prescripción innecesaria de antibióticos de amplio espectro (36.84%). En datos combinados, se observó elección incorrecta del antibiótico (40.00%), uso innecesario de antibióticos de amplio espectro (26.67%) y uso excesivo

de carbapenémicos (13.33%). Los especialistas con 1-5 años o más de 20 años de experiencia mostraron mayor concordancia con el SSDD.

Conclusiones:

El SSDD mostró una concordancia de hasta 99% con alguna de las recomendaciones de los especialistas, con una precisión del 78% al considerar datos moleculares y del 84% al combinar datos moleculares y fenotípicos. Las discrepancias favorecieron el SSDD en su mayoría, siendo error en la selección del antibiótico y uso innecesario de antimicrobianos de amplio espectro las principales. Los resultados respaldan la integración del SSDD en la optimización de la terapia antimicrobiana en entornos con recursos limitados.

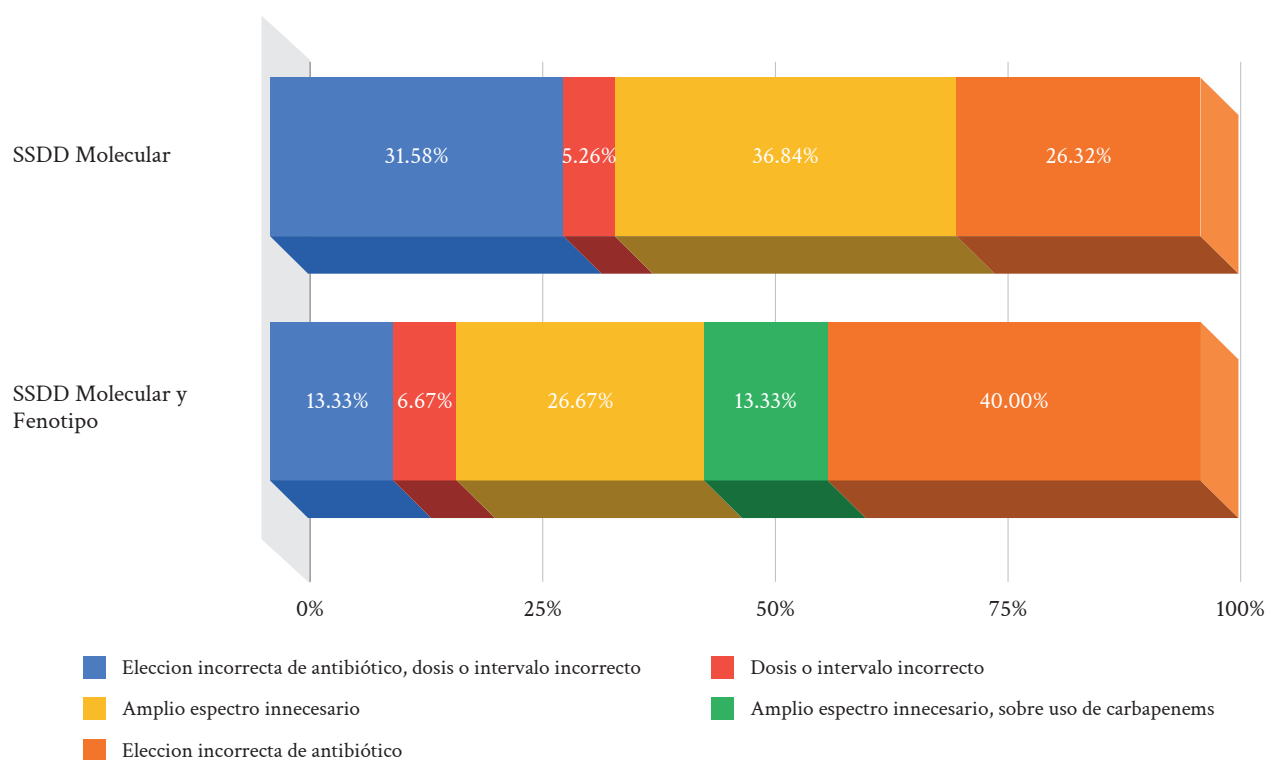


Figura 1. Análisis de discrepancias entre el SSDD y médicos especialistas en Enfermedades Infecciosas y Tropicales

H020 - Guía de terapia antibiótica con *Machine Learning*: utilidad real de un SSDD en el manejo de la bacteriemia

Antibiotic Therapy Guide With Machine Learning: Real-World Utility of a CDSS in the Management of Bacteremia

Juan Carlos Gómez de la Torre Pretell¹, Ari Frenkel², Yoshie Higuchi³, Miguel Hueda-Zavaleta⁴, Carlos Chavez-Lencinas⁵, Alicia Rendon⁶, José Alonso Cáceres⁷

¹ Laboratorios Roe, Perú, jgomez@labroe.com

² Arkstone Medical Solution, USA, afrenkel@arkstonemedical.com

³ Laboratorios Roe, Perú, yoshie.higuchi@labroe.com

⁴ Universidad Privada de Tacna, Perú, mighueda@virtual.upd.edu.pe

⁵ Hospital Rebagliati Perú, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú, cchavezl1@unmsm.edu.pe

⁶ Arkstone Medical Solution, USA, arendon@arkstonemedical.com

⁷ Laboratorios Roe, Perú, jcaceres@labroe.com

Palabras clave: Inteligencia Artificial, Bacteriemias, SSDD

Introducción:

La selección óptima de antibióticos en casos de bacteriemia es crucial para mejorar los resultados clínicos y combatir la creciente resistencia antimicrobiana. A pesar de la disponibilidad de herramientas diagnósticas avanzadas, aún existe una brecha en la integración de soluciones rápidas, precisas y fáciles de usar en la práctica clínica. Este estudio evalúa la utilidad clínica percibida de un Sistema de Soporte a la Decisión Clínica (SSDD) basado en inteligencia artificial, *OneChoice*, que proporciona recomendaciones tempranas de terapia antimicrobiana basadas en resultados moleculares de hemocultivos, y su versión mejorada, *OneChoice Fusion*, basada en resultados moleculares y cultivos convencionales.

Métodos:

Se realizó una encuesta transversal a médicos especialistas que recibieron resultados positivos de hemocultivo. Los participantes fueron expuestos a los resultados moleculares iniciales acompañados de *OneChoice* (SSDD) y a los resultados convencionales de susceptibilidad con recomendaciones terapéuticas *OneChoice Fusion* (SSDD). Se evaluó la utilidad y aceptabilidad de la información, su influencia en la toma de decisiones terapéuticas, la concordancia con las recomendaciones médicas y los cambios en el tratamiento derivados del uso del sistema.

Resultados:

Se obtuvieron 54 encuestas, 44% corresponden a Medicina Interna. Los patógenos prevalentes incluyeron *Escherichia coli* (44.8%), *Pseudomonas aeruginosa* (6.9%) y *Salmonella typhi* (6.9%), con un 34.5% de aislamientos productores de beta-lactamasas de espectro extendido (CTX-M).

El 100% de los encuestados revisó la información y consideró útil al SSDD. Un 95.9% reportó que la herramienta facilitó la toma de decisiones terapéuticas, con una tasa de concordancia del 91.8% entre las recomendaciones del SSDD y las decisiones médicas. Se implementaron cambios en el tratamiento en el 65.3% de los casos basándose en los datos proporcionados. Un 58.2% de los participantes mostró preferencia por *OneChoice* sobre *OneChoice Fusion*, aunque solo el 47.6% utilizó la función de código QR para interactuar con el informe.

Conclusiones:

El estudio destaca el valor de un SSDD (*OneChoice/Fusion*) en la toma de decisiones clínicas para el manejo de bacteriemias, con el potencial de reducir el uso innecesario de antimicrobianos de amplio espectro. Se recomienda su adopción para optimizar la terapia antimicrobiana. Investigaciones futuras deben evaluar su impacto en los

resultados clínicos y explorar estrategias para su integración en los flujos de trabajo clínicos. Mejorar la accesibilidad a funciones adicionales, como la interacción mediante código QR, podría maximizar sus beneficios. Estos hallazgos respaldan el uso de *Machine Learning* en la gestión antibiótica y enfatizan la necesidad de innovación continua en tecnologías diagnósticas.

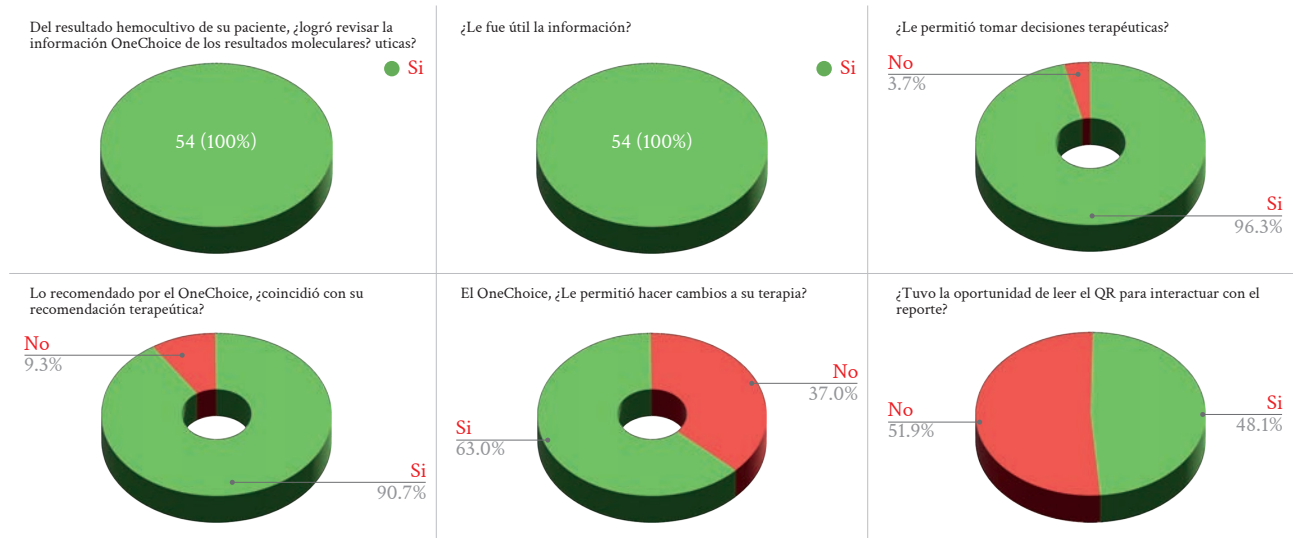


Figura 1. Preguntas realizadas a médicos especialistas que recibieron resultados moleculares o convencionales de hemocultivos positivos acompañadas de Onechoice y OneChoice Fusion (SSDD)

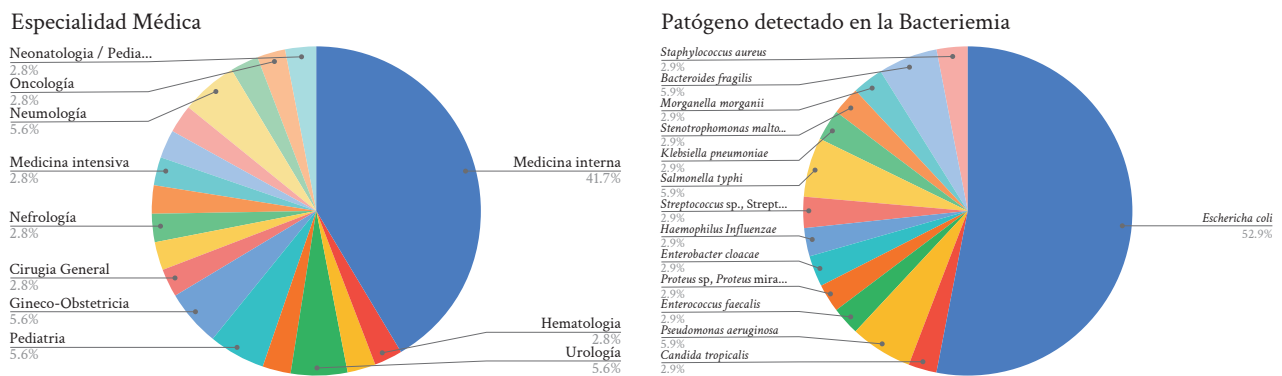


Figura 2. Especialidades Médicas de los participantes y patógenos detectados en los episodios de bacteriemia

H021 - Impacto de la inteligencia artificial en el tiempo de respuesta y la exactitud diagnóstica en bacteriemia: un estudio comparativo de datos fenotípicos y moleculares

Impact of Artificial Intelligence on Response Time and Diagnostic Accuracy in Bacteremia: A Comparative Study of Phenotypic and Molecular Data

Juan Carlos Gómez de la Torre Pretell¹, Ari Frenkel², Luis Alvarado³, Miguel Hueda-Zavaleta⁴, Carlos Chavez-Lencinas⁵, Alicia Rendon⁶, José Alonso Cáceres⁷

¹ Laboratorios Roe, Perú, jgomez@labroe.com

² Arkstone Medical Solution, USA, afrenkel@arkstonemedical.com

³ Laboratorios Roe, Perú, lalvarado@labroe.com

⁴ Universidad privada de Tacna, Perú, mighueda@virtual.upt.pe

⁵ Hospital Rebagliati Perú, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú, cchavezl1@unmsm.edu.pe

⁶ Arkstone Medical Solution, USA, arendon@arkstonemedical.com

⁷ Laboratorios Roe, Perú, jcaceres@labroe.com

Palabras clave: Bacteriemia; Inteligencia artificial; Sistemas de apoyo a la toma de decisiones clínicas; Diagnóstico molecular; Pruebas de diagnóstico rápido.

Introducción:

Las bacteriemias representan un grave problema de salud pública debido a su alta morbilidad y mortalidad, agravadas por la resistencia antimicrobiana. A pesar de los avances diagnósticos, el tratamiento oportuno sigue limitado por la demora en los resultados de cultivos. La inteligencia artificial (IA) y los sistemas de apoyo a la toma de decisiones clínicas (SSDD) ofrecen soluciones prometedoras, pero la efectividad de recomendaciones basadas solo en datos moleculares frente a aquellas que integran datos fenotípicos no ha sido suficientemente evaluada.

Objetivos:

Comparar la precisión y diferencia de tiempo en horas de las recomendaciones terapéuticas basadas en IA utilizando únicamente datos moleculares frente a aquellas que combinan datos moleculares y fenotípicos en el manejo de bacteriemia.

Métodos:

Se realizó un estudio prospectivo en Lima, Perú. La identificación molecular se efectuó con FilmArray/GeneXpert y la fenotípica con MALDI-TOF/VITEK 2.0. Un SSDD basado en IA generó recomendaciones terapéuticas en dos formatos: Molecular (Onechoice) y Molecular + Fenotipo (Onechoice Fusion). Se evaluó la certeza terapéutica, concordancia y el tiempo de respuesta de las recomendaciones de ambos formatos, bajo la evaluación de especialistas en Enfermedades Infecciosas y Tropicales.

Resultados:

Se incluyeron 117 casos de bacteriemias. Las recomendaciones terapéuticas basadas en los resultados fueron correctas en el 100% de los casos, concordantes en un 80.34%, y concordantes en el 86.32% en identificación microbiana y resistencia, respectivamente entre los dos formatos (molecular vs molecular + fenotipo). Las recomendaciones basadas únicamente en datos moleculares fueron emitidas 29 horas antes que aquellas que

incluían datos fenotípicos. *Escherichia coli* fue el patógeno más identificado, con una concordancia del 95% en las recomendaciones. El análisis estadístico mostró una alta consistencia en el tratamiento (Kappa=0.80).

Conclusiones:

La IA aplicada al diagnóstico molecular reduce significativamente el tiempo hasta la obtención de recomendaciones terapéuticas, mejorando la gestión antimicrobiana y los desenlaces clínicos. La integración de herramientas de IA en la práctica clínica podría optimizar la toma de decisiones en bacteriemia. Se requieren estudios adicionales para evaluar su aplicabilidad en distintos entornos y su impacto en la resistencia antimicrobiana.

Tabla 1. Características demográficas, clínicas, bacteriológicas, y análisis del tiempo hasta el resultado en pacientes con bacteriemias según la Concordancia de las Recomendaciones Terapéuticas entre el Informe Molecular (OneChoice) y el Informe Molecular + Fenotipo (Onechoice Fusion).

Variable	Total (n = 117)	No concordancia (n = 23)	Concordancia (n = 94)	Valor p
Edad (años)	67 (45 - 79)	69 (45 - 79)	65.5 (46 - 80)	0.898 ^a
Género masculino (%)	68 (58.12)	13 (56.52)	55 (58.51)	0.862 ^b
Frascos de hemocultivo recolectados por paciente	2 (2 - 4)	2 (2 - 4)	2 (2 - 4)	0.999 ^a
Frascos de hemocultivo positivos por paciente	2 (1 - 2)	2 (1-2)	2 (1 -2)	0.822 ^a
Tiempo hasta la primera alerta (horas)	13 (11 - 16)	13 (12 - 16)	13 (11 - 16)	0.439 ^a
Bacterias detectadas por método molecular (%)	117 (100.0)	23 (100.0)	94 (100.0)	
Bacterias detectadas por cultivo convencional (%)	117 (100.0)	23 (100.0)	94 (100.0)	
Concordancia en identificación bacteriana (%)	101 (86.32)	16 (69.56)	85 (90.42)	0.027 ^b
Concordancia en identificación de resistencia bacteriana (%)	101 (86.32)	16 (69.56)	85 (90.42)	0.011 ^b
Tiempo de SSDD OneChoice Molecular (horas)	16.81 (14.38 - 20.58)	18.02 (15.98 - 20.33)	16.62 (14.17 - 20.68)	0.434 ^a
Tiempo de SSDD OneChoice Fusion (horas)	46.32 (40.41 - 55.69)	47.83 (42.92 - 66.95)	45.84 (39.85 - 54.25)	0.111 ^a
Diferencia de tiempo (horas)	28.43 (22.93 - 34.89)	29.57 (23.85 - 43.68)	28.09 (22.61 - 34.42)	0.246 ^a
Concordancia en la recomendación primaria (%)	94 (80.34)	-	-	-
Concordancia en la recomendación alternativa (%)	57 (48.71)	4 (17.39)	53 (56.38)	0.002 ^b

* mediana rango intercuartil, a = U-Mann Whitney test, b = chi-squared test

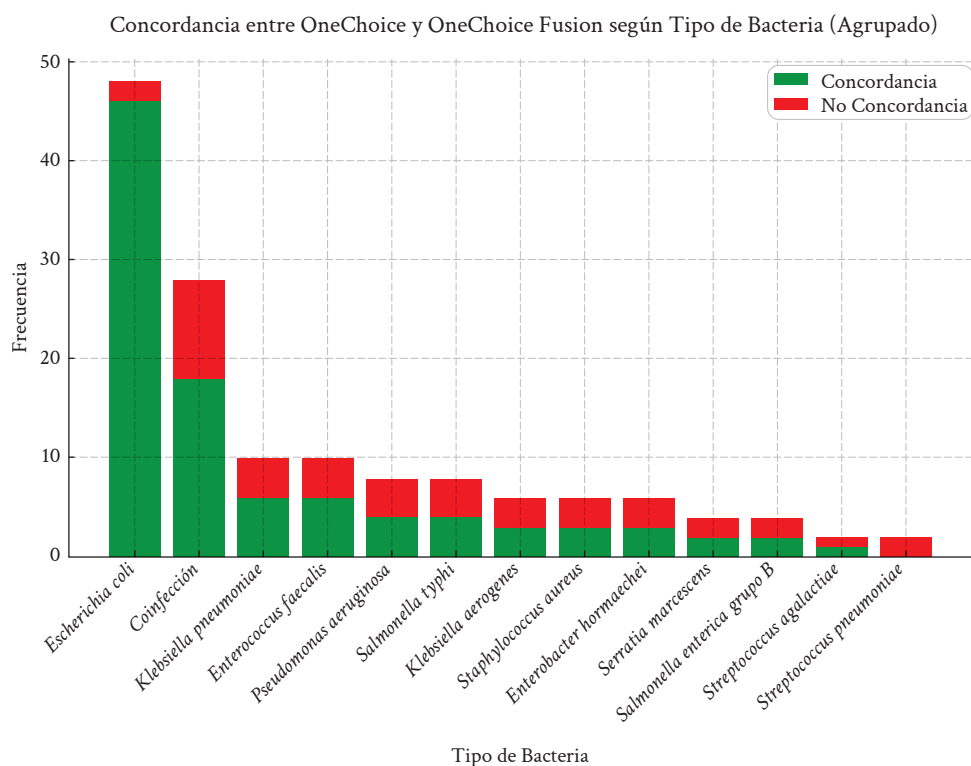
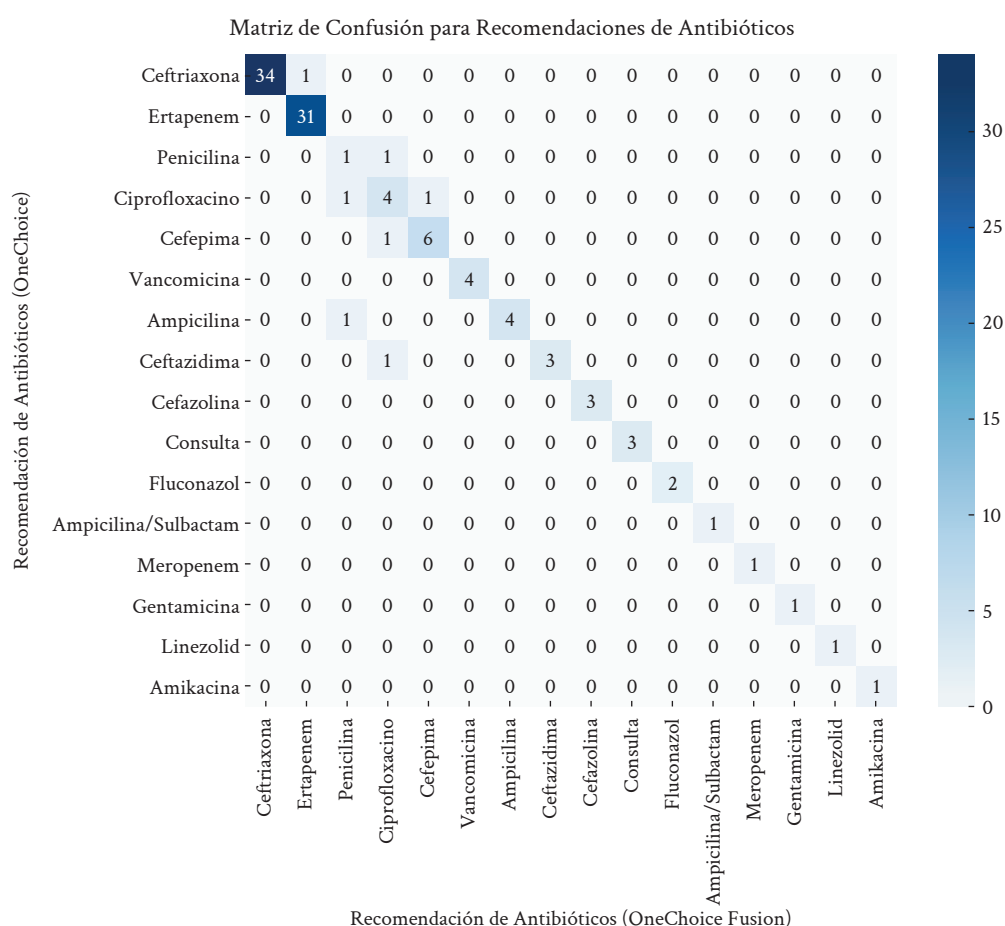


Figura 1. a) Matriz de confusión para las recomendaciones de antibióticos entre las SDD OneChoice y OneChoice Fusion, b) Concordancia en las recomendaciones terapéuticas entre las SSDD OneChoice y OneChoice Fusion agrupadas por bacteria.

H022 - Caracterización de genes carbapenemasas de *Escherichia coli* provenientes de pacientes con COVID-19 del Hospital Nacional Hipólito Unanue en el 2022

Characterization of Carbapenemase Genes in *Escherichia Coli* Isolates from COVID-19 Patients at Hospital Nacional Hipólito Unanue in 2022

Marcela. S López Briceño¹, Maribel Riveros Ramírez², Jackelin Quispe³, Luciano Palomino Kobayashi⁴, Alonso Soto Tarazona⁵, Theresa Ochoa Woodell⁶, Joaquim Ruiz⁷

¹ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, marcela.lopez@upch.pe

² Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, maribel.riveros@upch.pe

³ Universidad Nacional Federico Villarreal, Perú, jackelinqh1@gmail.com

⁴ Universidad Científica del Sur, Perú, lpalominokobayashi@gmail.com

⁵ Hospital Nacional Hipólito Unanue, Peru, sotosolari@yahoo.com

⁶ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, theresa.ochoa@upch.pe

⁷ Universidad Científica del Sur, Perú, joruiz.trabajo@gmail.com

Palabras clave: Resistencia Antimicrobiana, Covid-19, *Escherichia coli*, Carbapenemasas

Introducción:

La pandemia de COVID-19 ha incrementado la resistencia antimicrobiana generando un aumento de bacterias resistentes a múltiples fármacos. La falta de agua y saneamiento, han permitido una rápida aparición y diseminación de enterobacterias resistentes a carbapenémicos. *Escherichia coli* es una bacteria con una gran capacidad para coleccionar genes de resistencia y transferirlos, asegurando su diseminación. Además, el aumento de esta bacteria resistente a carbapenémicos es un tema de preocupación, en especial por su papel relevante como patógeno involucrado en infecciones adquiridas en hospital. Debido a esto, planteamos la pregunta de investigación, existen genes de carbapenemasa de *E. coli* proveniente de pacientes con COVID-19.

Objetivo:

Identificar los genes carbapenemasas de *E. coli* provenientes de pacientes con COVID-19 en el Hospital Nacional Hipólito Unanue durante 2022.

Métodos:

El diseño de estudio fue descriptivo, prospectivo y de corte transversal. Los aislamientos de *E. coli* desde el laboratorio de microbiología del hospital Hipólito Unanue durante el año 2022 de diferentes muestras y áreas. Se identificaron por microbiología y confirmados por PCR convencional. La susceptibilidad a antibióticos para 13 agentes antimicrobianos se determinó por difusión en disco, mientras la de colistina, se realizó por microdilución. La amplificación génica se realizó por PCR convencional para identificar los genes *blaKPC*, *blaNDM*, *blaIMP*, *blaIMI*, *blaGES* y *blaOXA-48*. La evaluación de clonalidad se desarrolló utilizando REP-PCR y elaborando un dendrograma. El análisis estadístico fue realizado utilizando el software STATA.

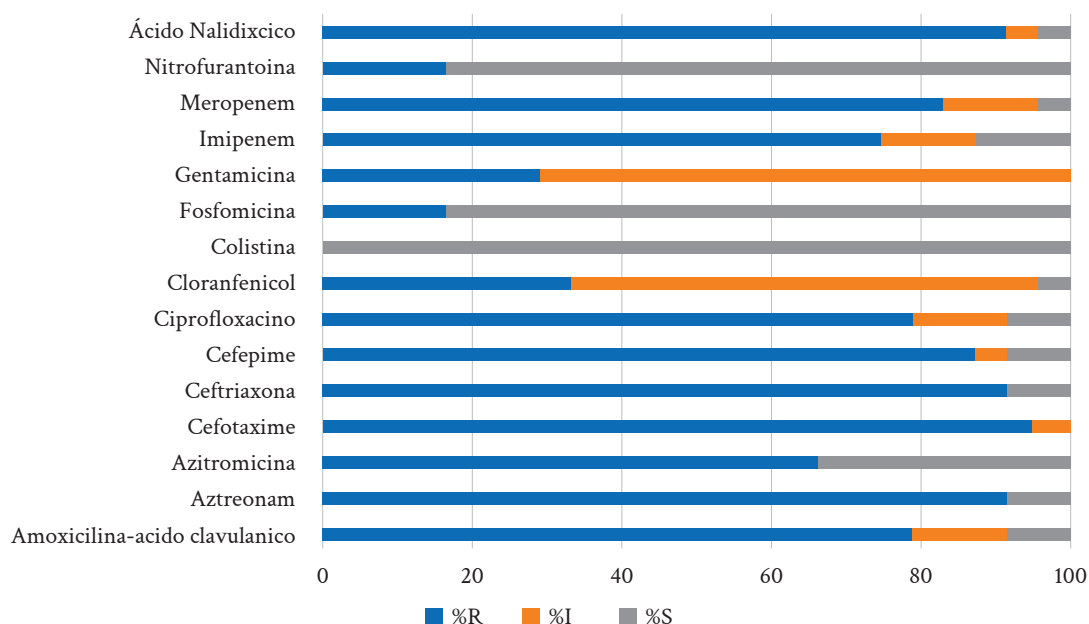
Resultados:

De 33 aislamientos, solo el 72% (24/33) fueron identificados como *E. coli*. La evaluación de susceptibilidad antimicrobiana correspondiente a carbapenémicos mostró resistencia a meropenem (83.3%) e imipenem (75%) (Figura 1). Dieciocho (75%) aislamientos poseían el gen *blaNDM* y un aislado fue positivo para *blaKPC*. El gen *blaNDM* fue identificado en 55.6% (10/18) de los aislamientos del área de medicina interna y con una frecuencia

del 44.4% (8/18) en muestras de orina. La evaluación de clonalidad por en un dendrograma, identificó cuatro grupos clonales con un 95% de similitud (Figura 2).

Conclusiones:

Existe la presencia de *E. coli* portadora de carbapenemasas tipo NDM que circulan en mayor proporción en el área de medicina interna en pacientes con COVID-19 durante el año 2022 con una similitud de clonalidad del 95%.



Nota. Evaluación de la susceptibilidad de aislados positivos a *E. coli* en 15 antibióticos. R, resistente. I, intermedio. S, sensible.

Figura 1. Susceptibilidad antibiótica de *E. coli*

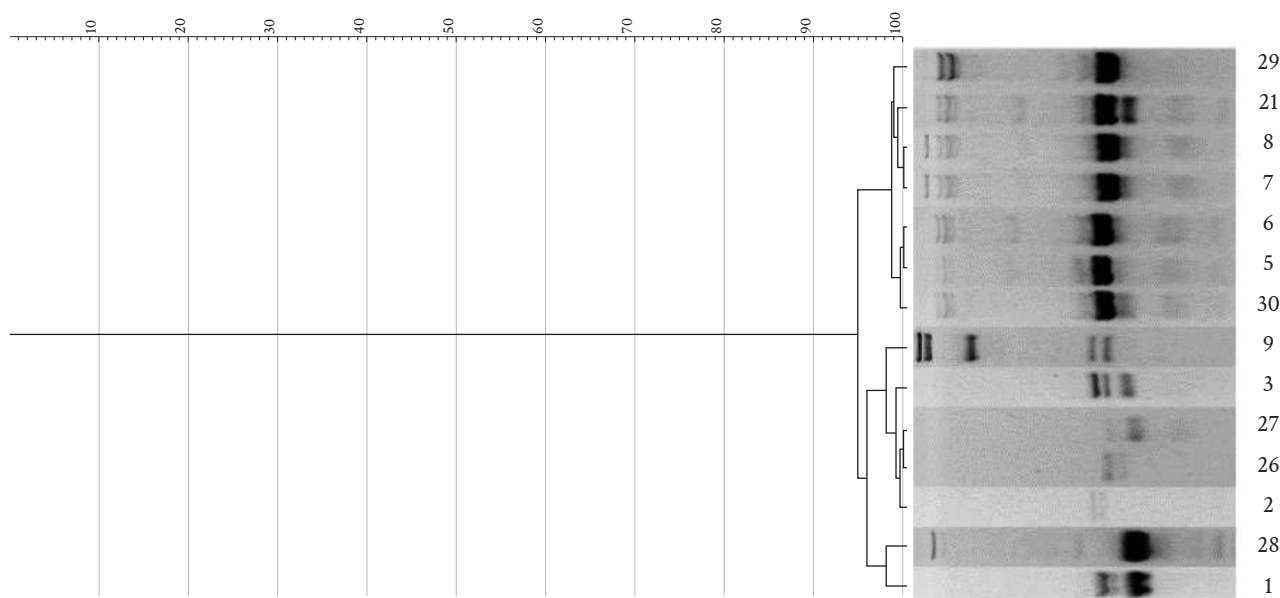


Figura 2. Agrupamiento de clonas de REP-PCR en dendrograma de aislamientos de *E. coli*

H023 - Impacto de la microbiología molecular en la optimización de la terapia antibiótica y resultados clínicos: un análisis retrospectivo

Impact of Molecular Microbiology on Antibiotic Therapy Optimization and Clinical Outcomes: A Retrospective Analysis

Juan Carlos Gómez de la Torre Pretell¹, Ari Frenkel², Miguel Hueda-Zavaleta³, Carlos Chavez-Lencinas⁴, Alicia Rendon⁵, José Alonso Cáceres⁶, Carolina Castilla Montes⁷

¹ Laboratorios Roe, Perú, jgomez@labroe.com

² Arkstone Medical Solution, USA, afrenkel@arkstonemedical.com

³ Universidad privada de Tacna, Perú, mighueda@virtual.upt.pe

⁴ Hospital Rebagliati Perú, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú, cchavezl1@unmsm.edu.pe

⁵ Arkstone Medical Solution, USA, arendon@arkstonemedical.com

⁶ Laboratorios Roe, Perú, jcaceres@labroe.com

⁷ TSI-Lean Salud Consultores, Perú, dra.carolinacastilla@outlook.com

Palabras clave: Infecciones bacterianas, farmacoresistencia microbiana, programas de monitoreo de medicamentos recetados, tratamiento farmacológico, efectos de los fármacos.

Introducción:

Según la Organización Mundial de la Salud (OMS), la resistencia antimicrobiana es una de las principales amenazas para la salud pública; debido al uso empírico inadecuado de antibióticos y a los patógenos multirresistentes que comprometen la eficacia terapéutica. Ha incrementado la morbilidad y elevado los costos hospitalarios. La implementación de herramientas diagnósticas de microbiología molecular (MM) permite la identificación rápida y precisa de patógenos y sus mecanismos de resistencia, posibilitando el ajuste oportuno del tratamiento antibiótico en infecciones graves, como bacteriemias y sepsis.

Objetivos:

El objetivo primario fue evaluar el rol de la MM en la mejora de la terapia antibiótica y los resultados clínicos en pacientes con bacteriemia.

Métodos:

Estudio de cohorte retrospectivo en pacientes adultos con bacteriemia en una clínica privada de Lima, Perú. Se extrajeron datos demográficos y clínicos, los pacientes fueron estratificados en dos grupos según la antibioticoterapia (ATB) apropiada y guiada según el resultado molecular (FilmArray® Blood Culture Identification (BCID) Panel y Xpert® MRSA/SA Blood Culture), evaluada según las guías de la IDSA y determinada por un experto en enfermedades infecciosas. La distribución se evaluó con la prueba de Kolmogórov-Smirnov, se usaron pruebas de Chi-cuadrado de independencia y U de Mann-Whitney. Se realizaron análisis de regresión de Poisson para determinar los riesgos relativos y curvas de supervivencia de Kaplan Meier.

Resultados:

Se evaluaron 215 pacientes, 56 (26.05%) recibieron antibioticoterapia apropiada y guiada según el resultado molecular y 159 (73.95%) no guiaron la ATB según el resultado molecular. La mortalidad fue de 17.21%, siendo de 7.14% en los que recibieron ATB apropiada y guiada según el resultado molecular, y de 20.75% en los que no ($p=0.020$). No se observó diferencias estadísticamente significativas en las tasas de ingreso a UCI, estancia

hospitalaria, ni tampoco en los costos asociados. Finalmente, el riesgo relativo de mortalidad de recibir ATB apropiada y guiada según el resultado molecular fue de 0.344 (IC 95%: 0.127 - 0.930; $p=0.035$).

Conclusiones:

La microbiología molecular para guiar la terapia antibiótica en bacteriemias se asoció con una reducción significativa de la mortalidad y como un predictor de riesgo. La terapia empírica inadecuada se correlacionó con un aumento en los costos hospitalarios. Estos hallazgos respaldan la implementación de programas de optimización de antimicrobianos (PROA) y sistemas de soporte a las decisiones clínicas para optimizar la terapia antibiótica.

Tabla 1. Características clínicas y costos asociados a la antibioticoterapia apropiada y guiada según el resultado molecular

Variable	Total (n=215)	ATB apropiada y guiada según resultado molecular		Valor de p
		Sí (n=56)	No (n=159)	
Edad *	67 (51-81)	65.5 (51-78.5)	67 (51-82)	0.746 ^a
Sexo masculino (%)	132 (61.39)	37 (66.07)	95 (59.74)	0.403 ^b
Inicial ATB adecuada (%)	96 (44.65)	30 (53.57)	66 (41.50)	0.118 ^b
Efectos adversos a ATB (%)	19 (8.83)	5 (8.92)	14 (8.80)	0.610 ^b
Estancia hospitalaria *	15 (8 - 35)	14.5 (7 - 34.5)	16 (8 - 35)	0.734 ^a
Ingreso a UCI (%)	67 (31.16)	17 (30.35)	50 (31.44)	0.880 ^b
Estancia hospitalaria en UCI *	14 (10 - 23)	11 (10 - 17)	16 (10 - 23)	0.691 ^a
Costo de ATB (S/.) *	72.3 (15.4 - 170.49)	67.34 (18.18 - 140.55)	79.35 (14.57 - 174.57)	0.579 ^a
Costo estancia hospitalaria (S/.) *	853.8 (455.36 - 4,549.18)	825.34 (398.44 - 4,893.89)	910.72 (455.36 - 4,292.06)	0.694 ^a
Costo estancia y ATB (S/.) *	1,039.31 (514.04 - 5,681.2)	963.71 (490.31 - 5,755.23)	1,058.82 (514.04 - 5,572.95)	0.946 ^a
Mortalidad (%)	37 (17.21)	4 (7.14)	33 (20.75)	0.020 ^b

* Mediana y rango intercuartílico; ATB: antibióticos; S/.: Soles Peruanos; ^a: U de Mann-Whitney; ^b: chi2

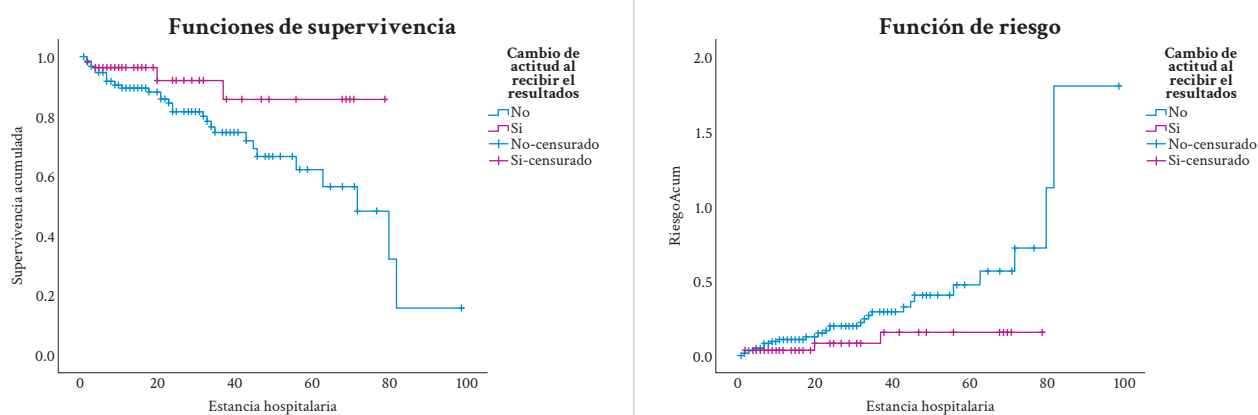


Figura 1. Supervivencia y riesgo respecto de modificar la actitud acorde a los resultados de Microbiología Molecular.

H024 - Caracterización de bacteriemias por *Staphylococcus aureus* en pacientes adultos del hospital del IGSS de Quetzaltenango, Guatemala

Characterization of *Staphylococcus aureus* Bacteremia in Adult Patients at the IGSS Hospital in Quetzaltenango, Guatemala

Leonel González de León¹, Daniel Castillo², Pablo Jesús Arreaga³, Marta Aymé Ortiz⁴

¹ Servicio de Infectología de adultos, Instituto Guatemalteco de Seguridad Social, Quetzaltenango, Guatemala, leogdl0301@gmail.com

² Servicio de Infectología de adultos, Instituto Guatemalteco de Seguridad Social, Quetzaltenango, Guatemala, dan_8castillo@hotmail.com

³ Universidad de San Carlos, Quetzaltenango, Guatemala, jesusarreaga543@hotmail.com

⁴ Laboratorio clínico, IGSS Quetzaltenango, Guatemala, aymeeortiz_2310@hotmail.com

Palabras clave: Bacteriemia, *Staphylococcus aureus*, sensibilidad y resistencia a meticilina, hemodiálisis.

Introducción:

Staphylococcus aureus es el segundo microorganismo causante de bacteriemia a nivel global, solo superado por *E. coli*, con altas tasas de complicaciones y mortalidad, especialmente en usuarios de catéteres endovasculares de larga data. *S. aureus* se clasifica según su sensibilidad a meticilina (SASM) o resistencia (SARM), con tasas de resistencia hasta 50% en algunas regiones. La tendencia global apunta a la disminución de dicha tasa, gracias a los comités reguladores del uso de antibióticos.

Objetivos:

Caracterizar las bacteriemias por *S. aureus* en pacientes adultos del hospital del Instituto Guatemalteco de Seguridad Social (IGSS) de Quetzaltenango, Guatemala,

Estimar la cantidad de bacteriemias por *S. aureus* que sean complicadas, así como los principales factores de riesgo para desarrollarla.

Métodos:

Análisis retrospectivo de 367 hemocultivos positivos para *S. aureus* entre enero 2022 y agosto 2024. Después de eliminar a los pacientes repetidos por hemocultivos de seguimiento, quedaron 125 episodios de bacteriemia, 81 en hombres (64.8%) y 44 en mujeres (35.2%). 99 episodios (79.2%) se debieron a *S. aureus* sensible a meticilina (SASM) y 26 (20.8%) a *S. aureus* resistente a meticilina (SARM); 86 aislamientos (68.8%) se obtuvieron de hemocultivo periférico y 39 (31.2%) de hemocultivo central.

120 episodios (95%) se consideraron como bacteriemias complicadas, 116 por uso catéteres de hemodiálisis, 2 desarrollaron endocarditis y 2 con fenómenos sépticos metastásicos. 8 pacientes (6.4%) tuvieron un nuevo episodio de bacteriemia en menos de 90 días y 99 pacientes (79.2%) tenían enfermedad renal crónica con hemodiálisis como factor predisponente.

Conclusiones:

La incidencia de bacteriemias por SASM es mayor que SARM en pacientes adultos del IGSS de Quetzaltenango, en una relación de 4 a 1, es más frecuente en hombres que en mujeres, y con un mayor rendimiento microbiológico en hemocultivos periféricos que centrales.

La mayor causa de bacteriemias complicadas es el uso de catéter de hemodiálisis y la enfermedad renal crónica avanzada es el principal factor de riesgo para definirla como tal.

Tabla 1. Caracterización de los pacientes adultos con bacteriemia por *S. aureus* en el hospital del IGSS en Quetzaltenango, Guatemala.

	SASM	SARM	Total (n=125)
Sexo Femenino	36	8	44 (35.2%)
Sexo Masculino	63	18	81 (64.8%)
Hemocultivo			
Central	31	8	39 (31.2%)
Periférico	68	18	86 (68.8%)
Bacteriemia complicada			
No	3	2	5 (4%)
Si	96	24	120 (96%)
Recaída /nueva infección			
No	92	25	117 (93.6%)
Si	7	1	8 (6.4%)
Enfermedad renal			
No tiene	12	5	17 (13.6%)
Lesión renal aguda	5	4	9 (7.2%)
ERC en hemodiálisis	82	17	99 (79.2%)

H025 - Precisión de las recomendaciones terapéuticas de un sistema de apoyo a la decisión clínica, por *Machine Learning* (*One Choice report* y *One Choice report fusion*) basado en resultados genotípicos y fenotípicos en relación con médicos especialistas no infectólogos en el tratamiento de bacteremias diagnosticada en Lima-Perú

Accuracy of Therapeutic Recommendations From a Clinical Decision Support System Using Machine Learning (OneChoice Report and OneChoice Report Fusion) Based on Genotypic and Phenotypic Results Compared to Non-Infectious Disease Specialists in the Treatment of Bacteremia Diagnosed in Lima, Peru

Carlos Chavez^{3,4}, Juan Carlos Gómez de la Torre^{1,2}, Ari Frenkel²; Miguel Hueda^{2,5}

¹ Laboratorios Roe

² Arkstone Medical Solution

³ Hospital Nacional Edgardo Rebagliati Martins

⁴ Universidad Nacional Mayor de San Marcos

⁵ Diagnóstico, tratamiento e investigación de enfermedades infecciosas y tropicales, UPT

Palabras clave: Machine Learning, resistencia antimicrobiana, bacteremias

Introducción:

La bacteriemia representa un desafío clínico significativo debido a su alta morbi-mortalidad. La selección apropiada, oportuna y precisa de antimicrobianos es crucial para mejorar los resultados clínicos y reducir el uso indiscriminado de antimicrobianos. Los sistemas de soporte a la decisión clínica (SSDD) emplean inteligencia artificial y aprendizaje automático para mejorar la selección terapéutica.

Objetivos:

Evaluar la precisión de las recomendaciones terapéuticas generadas por el SSDD, basadas en datos moleculares y fenotípicos, en comparación con las recomendaciones de médicos Especialistas NO infectólogos

Métodos:

Se realizó un estudio transversal, y analítico. Se diseñaron casos clínicos (En Google Forms) a partir de Hemocultivos positivos reportados en julio de 2024 en un laboratorio privado (reportando como preliminar los resultados moleculares, con las recomendaciones terapéutica en Onechoice® y el OneChoice Report Fusion® (molecular y antibiograma). Debiendo los profesionales elegir una terapia antimicrobiana de elección y una alternativa para ambos reportes. Evaluándose la precisión y concordancia entre las respuestas de médicos especialistas que usualmente tratan bacteremias.

Resultados:

Participaron 36 Médicos internistas y 38 de otras especialidades (Uciólogos, Hematólogos, Nefrólogos, entre otros). Quienes analizaron 79 casos clínicos con 158 recomendaciones terapéuticas. Se encontró una concordancia global del 94% entre las recomendaciones del SSDD y al menos una opción de los médicos especialistas NO infectólogos. Pero si lo disgregamos entre médicos Internistas 97% vs 90% otras especialidades. Con un coeficiente de correlación del 0.358. Se identificaron discrepancias en el 25.7% de los casos con datos moleculares y en el 25.1% con datos combinados.

Las principales discrepancias en datos moleculares incluyeron elección incorrecta del antibiótico (83.3%) y dosificación inadecuada (58.3%) prescripción innecesaria de antibióticos de amplio espectro (29.1%). En datos combinados, se observó elección incorrecta del antibiótico (53.3%) y uso innecesario de antibióticos de amplio espectro (33.3%).

Conclusiones:

El SSDD mostró una concordancia de hasta 94% con alguna de las recomendaciones de los especialistas NO infectólogos. Llegando al 97% en Médicos internistas y del 90% en Otras especialidades. Las discrepancias favorecieron el SSDD en su mayoría, siendo error en la selección del antibiótico y uso innecesario de antimicrobianos de amplio espectro las principales. El estudio destaca el potencial uso de esta herramienta para optimizar la terapia antimicrobiana.

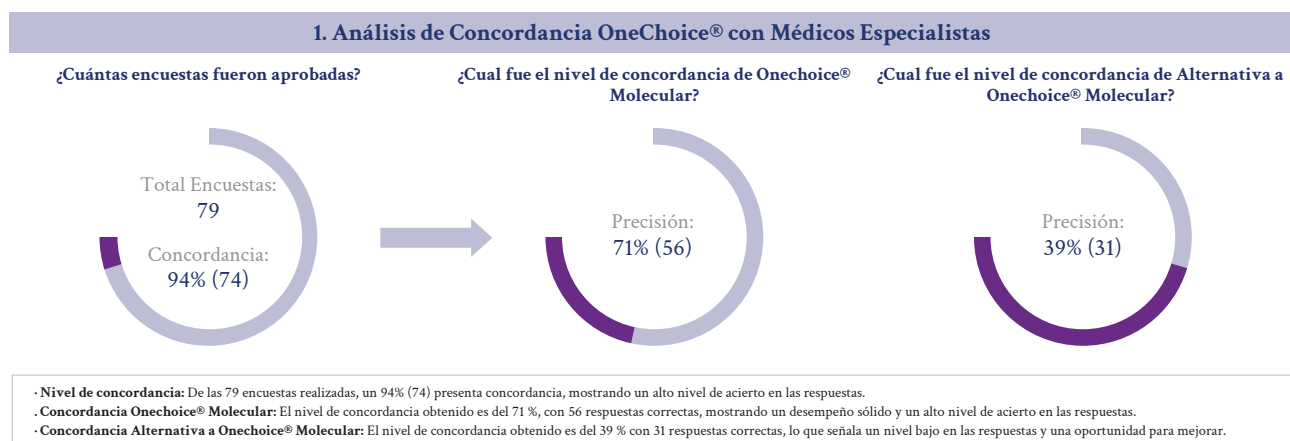


Figura 1

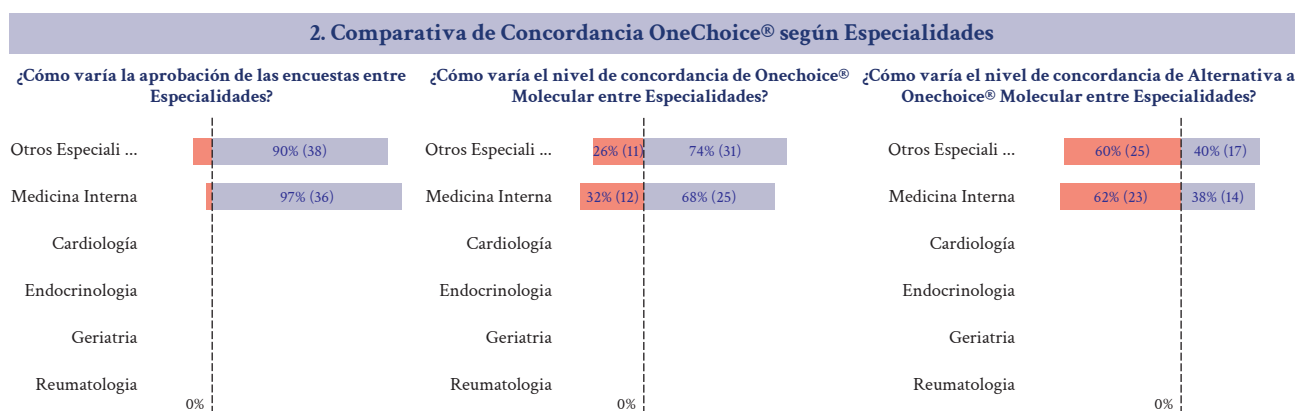


Figura 2

H028 - Prevalencia y factores de riesgo asociados a infección por microorganismos resistentes en pacientes quemados en un Hospital en Nicaragua

Prevalence and Risk Factors Associated With Infection by Resistant Microorganisms in Burn Patients at a Hospital in Nicaragua

Marvin Castro Averruz¹, Kevin Gavarrete Rivas², Sunaya Marengo Avilés³, Guillermo Porras Cortés⁴, Kevin Sandoval Rojas⁵

¹ Hospital Dr. Fernando Vélez Paiz, Nicaragua, mjca72@hotmail.com

² Hospital Dr. Fernando Vélez Paiz, Nicaragua, kgavarrete80@gmail.com

³ Hospital Dr. Fernando Vélez Paiz, Nicaragua, sunayamarengoaviles@gmail.com

⁴ Hospital Dr. Fernando Vélez Paiz, Nicaragua, memopo2002@yahoo.com

⁵ Hospital Dr. Fernando Vélez Paiz, Nicaragua, kevinsandovalrojas@yahoo.es

Palabras clave: Quemaduras, resistencia bacteriana, organismos drogo resistente

Introducción:

La infección sigue siendo la causa más común de muerte en pacientes con quemaduras. La participación de microorganismos resistentes en pacientes quemados ha incrementado. Conocer los factores asociados a este aumento puede servir como piedra angular para establecer medidas de contención ante esta problemática mundial.

Objetivo(s):

Determinar la prevalencia y factores de riesgo asociado a infección por microorganismos resistentes en pacientes con quemaduras.

Identificar el perfil de resistencia bacteriana.

Métodos:

Estudio analítico, casos y controles, de corte transversal. Se incluyeron 100 pacientes con quemaduras infectadas, clasificándolos en dos grupos: Los casos fueron pacientes con quemaduras infectadas por organismos drogo resistentes (ODR), y controles pacientes infectados por organismos no drogo resistentes (ONDR). Se realizó en la unidad de quemados de un Hospital de referencia en Nicaragua durante enero 2021 a diciembre 2024. Análisis estadístico de medidas de asociación (razón de momios con su respectivo intervalo de confianza) y Chi2 para establecer significancia estadística ($p < 0.05$). Investigación aprobada por comité de investigación con fines científicos.

Resultados:

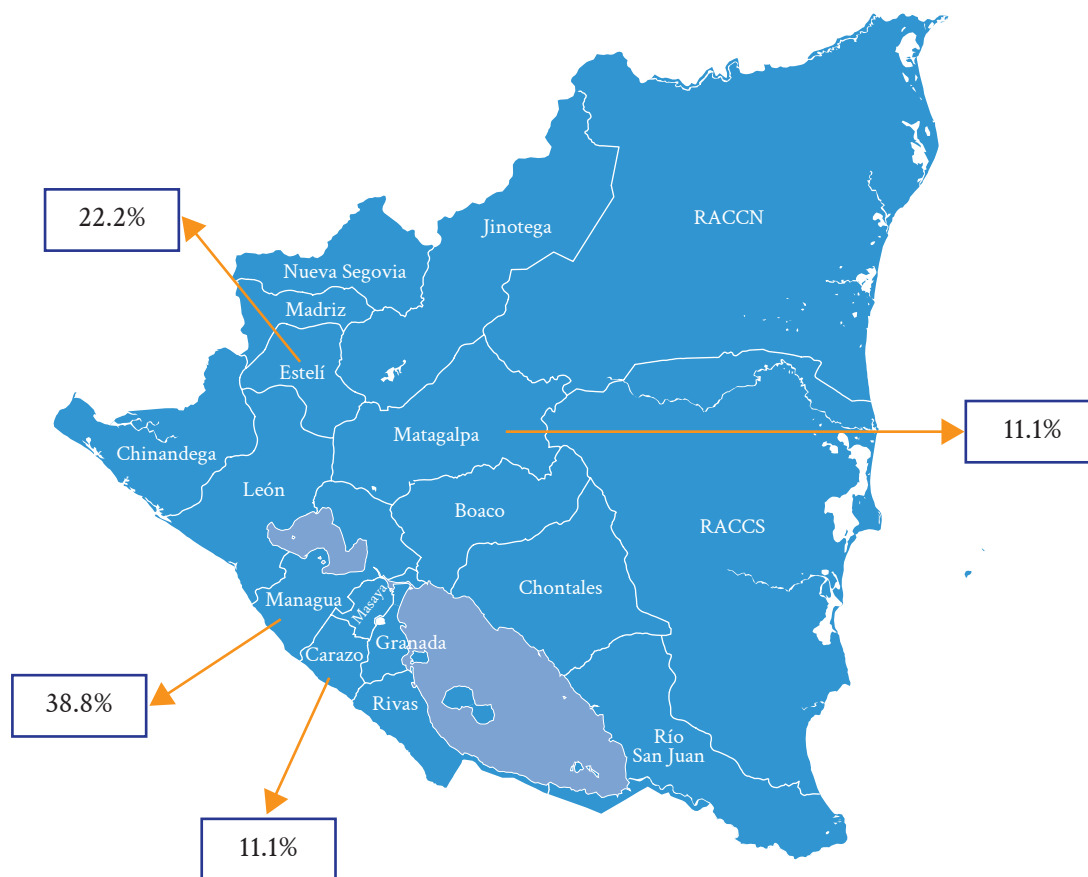
Se identificaron 161 aislamientos bacterianos, predominando los Gram negativos con *Pseudomonas aeruginosa* (21.1%). La resistencia a quinolonas fue del 60.2%, a carbapenémicos del 27.3%. La proporción de organismos multidrogoresistente (OMDR) fue del 47.2%. Se encontró una asociación significativa entre ODR y uso de catéter venoso central (CVC) (RM: 7.7) y con el uso previo de antibióticos (RM: 4.2). En relación al desenlace clínico se encontró una asociación significativa entre ODR y estancia hospitalaria > 18 días (RM: 5.4) e intervenciones quirúrgicas ≥ 4 (RM: 3.3).

Conclusiones:

Entre los microorganismos resistentes, las bacterias Gram negativas resistente a quinolonas y productoras de Beta-lactamasas fueron las más frecuentes. El uso previo de antibióticos y colocación de CVC condiciona infección por ODR. La participación de ODR condiciona aumento en el número de intervenciones quirúrgicas y mayores días de estancia intrahospitalaria.

Tabla 1. Factores de riesgo asociados a infección por organismos drogo resistentes

Característica	ONDR (n=34)	ODR (n=66)	OR (IC 95%)	P
Uso de antibióticos previos (%)	10 (29.4)	42 (63.6)	4.2 (2.3-7.6)	<0.01
Catéter venos central (%)	3 (8.8)	27 (40.9%)	7.7 (3.3-17.6)	<0.01
Traslado de otra unidad (%)	11 (32.4)	45 (68.2)	4.5 (2.5-8.3)	<0.01
Índice de neutrófilo/linfocitos >5	16 (47)	56 (84.8)	4.88 (2-11.8)	<0.01

**Figura 1.** Mapa de Nicaragua mostrando la distribución de la prevalencia de infecciones por organismos multidrogoresistente en pacientes quemados trasladados al Hospital Dr. Fernando Vélez Paiz.

H029 - *Klebsiella pneumoniae* y *Enterobacterales* resistentes a carbapenémicos en hospitales de Lima: un estudio de vigilancia prospectivo SHERLOCK

Carbapenem-Resistant *Klebsiella Pneumoniae* and *Enterobacterales* in Hospitals of Lima: A Prospective Surveillance Study SHERLOCK

Sara Gavidia Verastegui¹, Jean Patrick Buteau Tapia², Carolina Cucho Espinoza³, Manuel Melo Espinoza⁴, Elizett Sierra Chavez⁵, Gladys Patiño Soto⁶, Gladys Jannet Quispe Marroquín⁷, Ruth Giovanna Ugarte Silva⁸, Yelinda Victoria Reyes Quevedo⁹, Lizeth Astocondor Gamarra¹⁰, Noemí Hinostrroza Sacsi¹¹, David Roach¹², Fiorella Krapp¹³

¹ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima Perú, sara.gavidia@upch.pe

² Facultad de Medicina Alberto Hurtado, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima Perú, jean.buteau.t@upch.pe

³ Departamento de Patología Clínica y Anatomía Patológica, Hospital Nacional Dos de Mayo, Lima Perú, carolinacucho1@hotmail.com

⁴ Departamento de Patología Clínica y Anatomía Patológica, Hospital Nacional Dos de Mayo, Lima Perú, manuelmeloe@yahoo.com

⁵ Departamento de Patología Clínica y Anatomía Patológica, Hospital Nacional Hipólito Unanue, Lima, Perú, elicett_b@hotmail.com

⁶ Departamento de Patología Clínica y Anatomía Patológica, Hospital Nacional Hipólito Unanue, Lima, Perú, gladys.patinos@hnhu.gob.pe

⁷ Departamento de Patología Clínica y Anatomía Patológica, Hospital Nacional Hipólito Unanue, Lima, Perú, jannetquispemarroquin@gmail.com

⁸ Servicio de Microbiología, Instituto Nacional de Salud del Niño, Breña, Lima, Perú, ruth.ugarte.s@upch.pe

⁹ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú, yelinda.reyes.q@upch.pe

¹⁰ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú, astocondor.lizeth@gmail.com

¹¹ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú, noemi.hinostrroza.s@upch.pe

¹² Harvard Medical School, Massachusetts General Brigham Hospital, Harvard University, DJROACH@mgh.harvard.edu

¹³ Facultad de Medicina Alberto Hurtado, Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima Perú, fiorella.krapp@upch.pe

Palabras clave: *Klebsiella pneumoniae*, Enterobacteriaceae Resistentes a los Carbapenémico.

Introducción:

Klebsiella pneumoniae es un patógeno prioritario para la salud pública, debido a su alta morbilidad, rápido incremento de resistencia a carbapenémicos y su capacidad de transferir genes de resistencia a otros *Enterobacterales*. Por ello, es clave establecer la epidemiología local de infecciones por *K. pneumoniae* y otros *Enterobacterales* resistentes a carbapenémicos (CRE) y monitorizar sus patrones de resistencia.

Objetivo:

Describir las características epidemiológicas y fenotipos de resistencia antimicrobiana de aislados clínicos únicos de *K. pneumoniae* y de CRE recuperados en 3 hospitales de Lima, Perú.

Métodos:

Estudio prospectivo de vigilancia basada en laboratorio, realizado entre mayo y octubre de 2023 en 3 hospitales de Lima (Hospital Nacional Dos de Mayo, Hospital Nacional Hipólito Unanue e Instituto Nacional de Salud del Niño- Breña). Se recolectaron todos los aislamientos clínicos consecutivos de *K. pneumoniae* y aislamientos con resistencia a carbapenémicos de cualquier otra especie de *Enterobacterales*. Adicionalmente, se recolectó en REDCap información anonimizada de estos aislamientos, incluyendo el servicio de procedencia, edad del paciente y fuente del cultivo; así como los resultados de susceptibilidad antibiótica. Se estimó la frecuencia absoluta y relativa de las características epidemiológicas y fenotipos de resistencia de los aislados clínicos, utilizando R studio.

Resultados:

De un total de 493 aislamientos de *K. pneumoniae*, 74 (15%) fueron resistentes a carbapenémicos, con gran variabilidad entre hospitales (1.9%-17.3%). El servicio de procedencia más frecuente fue hospitalización (37.5%), seguido de emergencia (23.9%), mientras que para aislamientos con resistencia a carbapenémicos, fueron hospitalización (47.3%) y UCI (18.9%). La edad promedio de pacientes con aislamiento de *K. pneumoniae* fue 49.9 años (DE: ± 26.3) y la fuente más frecuente fue la orina (54.4%).

De un total de 101 aislamientos de CRE, *K. pneumoniae* fue el más frecuente (74, 73.3%), seguido de *E. coli* (16, 15.8%). Las otras especies de CRE fueron *Enterobacter cloacae*, *Proteus mirabilis*, *Providencia stuartii*, *Klebsiella aerogenes* y *Klebsiella oxytoca*, las cuales fueron en total 11 (10.9%).

Más del 70% de aislamientos de *K. pneumoniae* carbapenem-resistente presentaban resistencia a ciprofloxacina, gentamicina y trimetoprim-sulfametoxazol y el 58.1% presentaba co-resistencia simultánea a estos tres antibióticos, siendo el perfil de resistencia más frecuente. En el caso de *E. coli* carbapenem-resistente, el 100% presentó resistencia a ciprofloxacina. El perfil de resistencia más frecuente fue la co-resistencia simultánea a ciprofloxacina y trimetoprim-sulfametoxazol, presente en 56.3% de los aislados.

Conclusiones:

Klebsiella pneumoniae presenta una alta proporción de resistencia a carbapenémicos en hospitales de Lima, siendo la CRE más prevalente, especialmente en hospitalización y UCI de adultos. La frecuente co-resistencia a antibióticos no betalactámicos clave refleja la complejidad de su tratamiento y control actual.

Tabla 1. Características epidemiológicas de los pacientes con aislamiento clínico de *Klebsiella pneumoniae* en tres hospitales de Lima entre mayo y octubre del 2023.

Características epidemiológicas	Total (N=493)	<i>K. pneumoniae</i> carbapenem resistente (N=74)	<i>K. pneumoniae</i> carbapenem sensible (N=419)
Servicio			
Adultos			
UCI	44	14	30
Hospitalización	185	35	150
Consultorio externo	83	2	81
Emergencia	118	13	105
Hemodiálisis	1		1
Neonatología	7	2	5
Pediatría			
UCI	4	1	3
Emergencia	19	2	17
Hospitalización	23	5	18
Consultorio externo	9		9
Edad promedio (DE)	49.9 (± 26.3)	48.9 (± 25.1)	49.9 (± 26.6)
Fuente*			
Invasiva	70	27	43
No invasiva	423	47	376

*Invasiva: Fluido corporal normalmente estéril como sangre, líquido cefalorraquídeo, líquido pleural, vegetación en válvula mitral; No invasiva: Fluido corporal no estéril como orina, semen, fluidos respiratorios, muestras del tracto digestivo, fluidos de piel y/o tejido celular subcutáneo

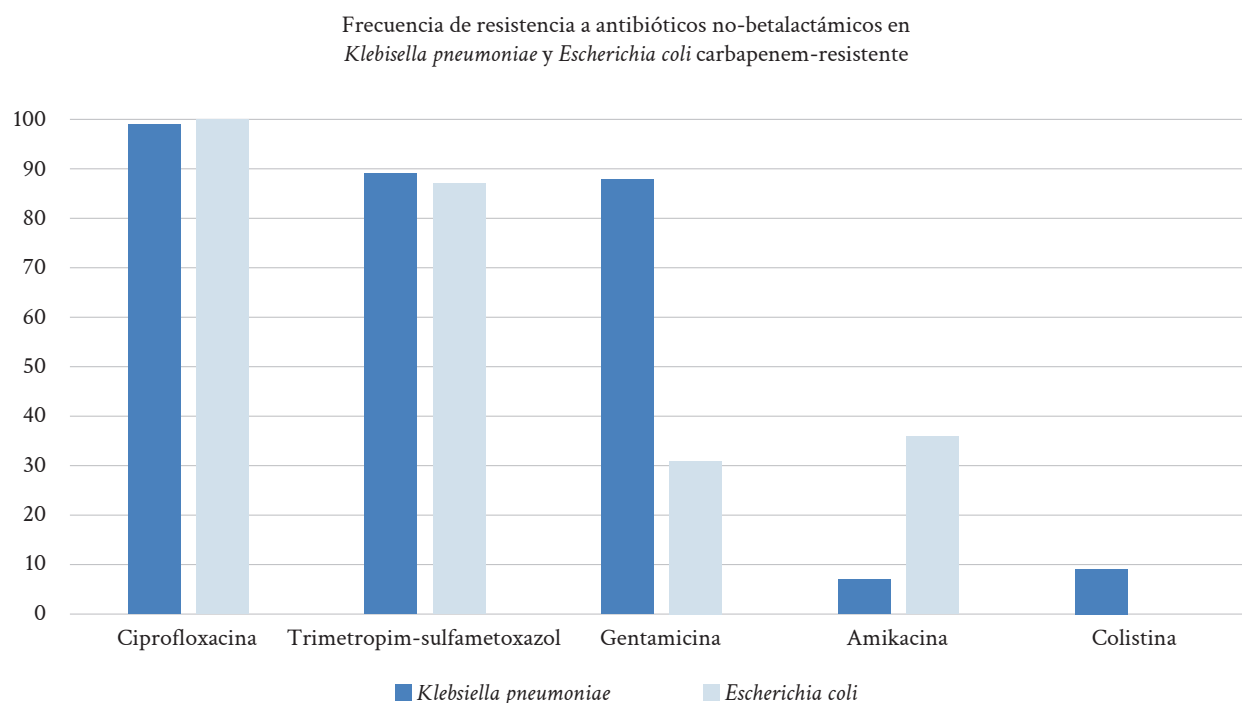


Figura 1. Patrones de corresponsencia en aislados carbapenem resistente de los dos Enterobacteriales más comunes: *Klebsiella pneumoniae* y *Escherichia coli*

H030 - Epidemiología de las infecciones por *Stenotrophomonas maltophilia* en adultos hospitalizados en un hospital de referencia en Nicaragua. Hospital Dr. Fernando Vélez Paiz. Managua, Nicaragua. Abril 2018 – Diciembre 2024

Epidemiology of *Stenotrophomonas maltophilia* Infections in Hospitalized Adults at a Referral Hospital in Nicaragua: Dr. Fernando Vélez Paiz Hospital, Managua, Nicaragua, April 2018 – December 2024

Omar Gutiérrez-Zúniga¹, Kevin Gavarrete-Rivas², Sunaya Marenco-Avilés³, Guillermo Porras-Cortés⁴

¹ Hospital Dr. Fernando Vélez Paiz. Managua, Nicaragua, antoniozuniga000112@gmail.com

² Hospital Dr. Fernando Vélez Paiz. Managua, Nicaragua, kgavarrete80@gmail.com

³ Hospital Vivian Pellas. Managua, Nicaragua, sunayamarencoaviles@gmail.com

⁴ Hospital Dr. Fernando Vélez Paiz. Managua, Nicaragua, memopo2002@yahoo.com

Palabras clave: *Stenotrophomonas maltophilia* Resistencia bacteriana, Infecciones asociadas atención en salud

Introducción:

La *Stenotrophomonas maltophilia* es un patógeno cuya relevancia está en aumento tanto por el número de casos como por el patrón de resistencia emergente que posee. El comportamiento de las infecciones por este microorganismo en cada institución debe ser estudiado y analizado. En el Hospital Dr. Fernando Vélez Paiz se ha observado un aumento de los casos de infección por *S. maltophilia* por lo que el abordaje analítico de tal situación es importante.

Objetivo(s):

Analizar el comportamiento epidemiológico de las infecciones por *S. maltophilia* en adultos admitidos en un hospital de referencia nacional en Managua, Nicaragua. Describir el patrón de resistencia de las cepas de *S. maltophilia* identificadas e identificar factores de riesgo para mortalidad en pacientes con infección por este organismo.

Métodos:

Estudio observacional, retrospectivo, transversal, realizado entre abril 2018 y diciembre de 2024. Un total de 54 pacientes con infección documentada por *S. maltophilia* fue identificado en ese período pero 10 fueron excluidos del análisis. Se estableció las proporciones de las variables cualitativas y la media con desviación estándar de las variables cuantitativas. Al realizar un análisis de factores de riesgo para mortalidad se hizo un análisis de razones de momio e intervalo de confianza de 95%.

Resultados:

Un total de 44 pacientes fueron estudiados de los cuales 13 fallecieron (29.5%). Los casos de infecciones por *S. maltophilia* ascendieron de 3 en el año 2018 a 13 en el año 2024. La media de edad de la población fue 53.1 ± 19.5 años. Las comorbilidades más frecuentes fueron diabetes (43.2%) e hipertensión arterial (27.3%). La infección más frecuente en la que se identificó el patógeno fue neumonía asociada a ventilador (NAV) seguido de infección de sitio quirúrgico y la infección de piel y estructuras cutáneas. La NAV fue más frecuente en los pacientes que fallecieron; estos pacientes presentaban 9.37 mayor riesgo de fallecer. Otros factores de riesgo para mortalidad fueron una puntuación mayor a 4 en escala NEWS2 y estancia en UCI mayor a 5 días (Tabla 1). Se encontró alta

tasa de resistencia a ceftazidima, y la tasa de resistencia a trimetoprim-sulfametoxazol y levofloxacina fue 25% y 18% respectivamente. (Tabla 2).

Conclusiones:

La mayoría de las infecciones por *Stenotrophomonas maltophilia* están relacionadas a neumonía asociada al ventilador. Los factores asociados a mortalidad fueron tener un puntaje mayor a 4 en la escala NEWS2, estancia en UCI mayor a 5 días y NAV.

Tabla 1. Factores de riesgo asociados a mortalidad en pacientes con infección por *Stenotrophomonas maltophilia*

Factores de riesgo para mortalidad	Vivos n: 31 (%)	Fallecidos n: 13 (%)	RM (IC95%)	p
NEWS2 ≥ 4 puntos	10 (32.2)	12 (92.3)	29.33 (3.30-26.01)	0.03
Días en UCI > 5 días	9 (29.0)	11 (84.6)	13.40 (2.46-73.1)	0.01
NAV	6 (19.4)	9 (69.2)	9.37 (2.14-41.05)	0.001

Tabla 2. Tasa de resistencia de *Stenotrophomonas maltophilia* a diversos antibióticos

Antibióticos	n=44
Cefepime	65.9%
Ceftazidima	63.3%
Minociclina	31.8%
Trimetoprim-Sulfametoxazol	25.0%
Levofloxacina	18.2%

H031 - Impacto de la implementación de un modelo de programa de optimización de uso de antibióticos en la unidad de cuidados intensivos en un hospital de enseñanza en Nicaragua. Hospital Dr. Fernando Velez Paíz. Julio 2022-Junio 2023

Impact of Implementing an Antibiotic Stewardship Program Model in the Intensive Care Unit of a Teaching Hospital in Nicaragua: Dr. Fernando Vélez Paiz Hospital, July 2022 – June 2023

Irene Díaz-Blanco¹, Guillermo Porras-Cortés²

⁵ Hospital Dr. Fernando Vélez Paiz. Managua, Nicaragua, isabeldiaz1997@gmail.com

⁶ Hospital Dr. Fernando Vélez Paiz. Managua, Nicaragua, memopo2002@yahoo.com

Palabras clave: PROA, Resistencia bacteriana, Optimización de antibióticos, Cuidados Intensivos

Introducción:

La resistencia antimicrobiana constituye un problema de salud pública, con impacto económico y social significativo. Para mitigarla, la OMS ha impulsado los Programas de Optimización de Antimicrobianos (PROA) que deben ser implementados en las Unidades de Cuidados Intensivos (UCI).

Objetivo(s):

Evaluar el impacto de la implementación de un PROA en la UCI de un hospital de enseñanza en Nicaragua.

Métodos:

Estudio analítico, observacional, de cohorte, ambispectivo. Realizado en la UCI del Hospital Dr. Fernando Vélez Paiz de Managua, Nicaragua. Fueron incluidos 96 pacientes, divididos en: 64 pacientes en el período de julio a diciembre de 2022 (período I o pre-intervención) y 32 pacientes en el período enero a junio 2023 (período II o de intervención) en el cual se implementa un PROA sistemático y dirigido en UCI. Las actividades del PROA fueron visitas diarias por el staff de infectología entre las 5:50 a.m. y las 7:00 a.m. para toma de decisiones terapéuticas iniciales. Entre las 8 a.m. y 10 a.m. visita microbiológica y revisión de cultivos con los respectivos ajustes de tratamiento. Por la tarde, noche y fines de semana se realizaba aprobación o cambio de antimicrobianos por valoraciones en físico y/o telemedicina. Se analizó el consumo de antibiótico por dosis diaria definida (DDD), el gasto de antibióticos en US dólares, y la tasa de mortalidad en cada período.

Resultados:

En el período I el diagnóstico más frecuente fue infección del tracto urinario y en el período II la infección intra-abdominal. Se observó una disminución del consumo de antibióticos medido por DDD en 12 de 22 antimicrobianos (54.4%). Entre los antimicrobianos que registraron disminución en el consumo estaban: vancomicina, ceftazidima y ciprofloxacina con reducción de 76.32%, 73.62% y 59.94% respectivamente (Tabla 1). El gasto en US dólares disminuyó en 15 de 22 antimicrobianos (68.2%). En el período del PROA hubo un incremento en el consumo de colistina, minociclina y tigeciclina explicado por un aumento de infecciones por Enterobacterales resistente a carbapenémicos expresando NDM en pacientes con infecciones intra-abdominales y en estado de choque lo cual explicaría mayor tasa de mortalidad en el período II.

Conclusiones:

Con el PROA se observó una reducción de la DDD en más de la mitad de los antibióticos utilizados y se observó una reducción de los costos en más de dos tercios de dichos fármacos. La mortalidad fue mayor en el período de intervención, pero explicable por mayor proporción de infecciones resistentes a carbapenémicos.

Tabla 1. Consumo de antibióticos medido en DDD (gramos) en período I (pre- intervención) y período II (PROA) en UCI del Hospital Dr. Fernando Vélez Paiz.

Antibiótico	Período I (g) n= 64	Período II (g) n= 32	Diferencia relativa (%)
Ampicilina	88.17	0	-100
Amoxicilina + ácido clavulánico	11.47	72.41	+84.15
Piperacilina + tazobactam	34.56	48.96	+29.4
Ceftriaxona	283.73	162.92	-42.5
Ceftazidima	23.66	6.24	-73.62
Imipenem	309.68	283.43	-8.47
Meropenem	137.28	243.32	+43.36
Ertapenem	77.42	136.70	+43.36
Amikacina	269.73	149.18	-44.69
Gentamicina	14.34	0	-100
Levofloxacino	108.60	219.10	+50.43
Ciprofloxacino	172.04	68.91	-59.94
Trimetoprim + sulfametoxazol	137.42	104.87	-23.68
Azitromicina	10.75	37.45	+71.3
Clindamicina	136.29	61.80	-54.65
Vancomicina	117.83	27.90	-76.32
Colistin	0.52	4.53	+88.5
Metronidazol	163.44	0	-100
Linezolid	5.38	182.90	+97.0
Doxiciclina	322.58	134.83	-58.20
Minociclina	8.60	78.65	+89.0
Tigeciclina	19.35	112.36	+82.77

H032 - Antimicrobial susceptibility testing of *Clostridium perfringens* isolated from tissue and bone at a specialized Trauma hospital in Costa Rica

Pruebas de Susceptibilidad Antimicrobiana de *Clostridium perfringens* Aislado de Tejido y Hueso en un Hospital Especializado en Trauma en Costa Rica

Mariela Alvarado Rodríguez¹, Stefany Lozada Alvarado², Carlos Quesada Gómez³

¹ Universidad de Costa Rica, Costa Rica, mariela.alvarado_r@ucr.ac.cr

² Universidad de Costa Rica, Costa Rica, betty.lozada@ucr.ac.cr

³ Universidad de Costa Rica, Costa Rica, carlos.quesada@ucr.ac.cr

Keywords: Antimicrobial resistance, Anaerobe, Clostridium

Introduction:

Clostridium perfringens is part of the normal microbiota of the skin and mucosa, this microorganism can cause infections such as soft tissue, skin and bone infections. There have been multiple reports of complicated infections after trauma, surgery, and other procedures. An increase in antimicrobial resistance has been observed in recent decades, but there aren't many reports locally and regionally.

Objectives:

The main purpose of this study was to determinate the presence of antimicrobial resistance in the isolates obtained from clinical samples.

Methods:

The strains were isolated from different clinical samples between 2020 and 2022 at the Clinical laboratory and blood bank of the University of Costa Rica. The identification was performed by mass spectrometry (MALDI-TOF MS). Antimicrobial susceptibility testing was performed using epsilometric method with gradient strip (E-test®) and the interpretations of the breakpoints were performed according to the guidelines of the Clinical and Laboratory Standards institute (CLSI) M100 and EUCAST guidelines.

Results:

In total, 22 isolates were collected and analyzed. All isolates were sensible to amoxicillin + clavulanic acid and metronidazole. The isolates showed greater percentage of resistance:

18.2 % resistance to vancomycin and 13.6% to clindamycin. Additionally, they showed MIC50 of 1.5 µg/mL and MIC90 of 4 µg/mL to doxycycline. Regarding linezolid, they showed a MIC50 of 1 µg/mL and MIC90 of 1.5 µg/mL.

Conclusions:

Clostridium perfringens susceptibility patterns in Costa Rica showed high resistance to the antimicrobials recommended for treating the infections of soft tissue and bones, such as vancomycin and clindamycin, this high percentage is concerning. Previous studies of antimicrobial resistance have detected different mechanisms of resistance for linezolid, clindamycin, amoxicillin + clavulanic acid and metronidazole. This study highlights the importance of carrying out epidemiological studies in each country and medical center, to generate region-specific treatment guidelines.

Table 1. Results of susceptibility testing of 6 antimicrobials against *C. perfringens*

Antimicrobial agent	MIC ($\mu\text{g/mL}$)			Percentage of isolates (%)
	MIC50	MIC90	Range	R
Doxycycline	1.5	4	0.03-12	NA
Linezolid	1	1.5	0.75-1.5	NA
Vancomycin	2	3	1-3	18.2
Amoxicillin + clavulanic acid	0.032	0.094	0.016-0.64	0
Metronidazole	0.75	1.5	0.38-2	0
Clindamycin	1.5	6	0,190- >256	13.6

H033 - *Steatoda nobilis* en Chile y Sudamérica como fuente de bacterias multirresistentes y generación de resistencia a antibióticos: ¿El problema es el veneno o los quelíceros?

Steatoda Nobilis in Chile and South America as a Source of Multidrug-Resistant Bacteria and Antibiotic Resistance Development: Is the Problem the Venom or the Chelicerae?

César Alcamán Oyarzo¹, Joaquín Olivares Muñoz², Leiner Suárez Martínez³, Daniela Carrillo Rojas⁴

¹ Universidad San Sebastián, Concepción, Chile, alcaman.sin.correo@gmail.com

² Universidad de Concepción, Concepción, Chile, joax1811@gmail.com

³ Universidad de Córdoba, Montería, Colombia, leinersuarezmtz8legs@gmail.com

⁴ Universidad San Sebastián, Concepción, Chile, daniela.carrillo@uss.cl

Palabras clave: Resistencia, Sinantropismo, Antibióticos, Farmacia Clínica, Microbiología

Introducción:

Steatoda nobilis, araña invasora ponzoñosa introducida a Chile y Sudamérica el 2016, emancipándose hasta Colombia, es conocida como noble falsa viuda negra. Nacionalmente, puede ser hallada desde el Norte Chico a la Zona Sur. Posee un distintivo opistosoma con manchas blancas cuyo patrón cambia entre machos y hembras.

Como 3° especie responsable de más mordeduras en Chile, no solo causa doloroso steatodismo, sino que además entraña un riesgo de ulceraciones, necrosis, sepsis, y shock séptico por Bacterias Multirresistentes presentes en su microbioma, lo que es problemático considerando la epidemiología, así como el sinantropismo de la especie y coexistencia con mutantes selectivos.

Objetivos:

- Caracterización del microbioma de arañas vivas *Steatoda nobilis* desde 4 matrices: opistosoma, quelíceros, mordedura, veneno.
- Realizar pruebas de susceptibilidad a antibióticos y determinar CIM, comparando antibiogramas con cepas wild type.
- Evaluar posible transmisión de genes de resistencia al ambiente.

Metodología:

Amparados en la Declaración AMM de Helsinki y Ley N°20.380, se colectan *Steatoda nobilis* en Concepción. 15 arañas caminan sobre 9 agaros selectivos y no selectivos para caracterizar microbioma opistosómico. Los quelíceros se frotan y se realiza siembra en medios idénticos. Se seda a los arácnidos con CO₂ por 1 minuto, electroestimulándolos con 1.5 V, mordiendo así los agaros. Se les anestesia con CO₂ por 150 segundos, electroestimulando con 2.0 V, extrayendo veneno asépticamente con microcapilares; se almacena en nitrógeno líquido, y luego se hacen los inóculos. Se diluyen UFC y caracterizar molecularmente los aislamientos con ARNr 16 S y primers en Colony PCR, purificando carriles con Wizard Gel SV Promega. Se reconocen especies por alineación BLAST. Se realizan antibiogramas a aislados patógenos. Se hacen comparativos e induce conjugación plasmídica. Se empleó CLSI M100 2024. Todas las arañas sobreviven; los procedimientos fueron hechos por triplicado.

Resultados:

Considerando:

n= 540 para siembras totales entre agares y diluciones. n= 180 para antibiogramas.

Se identificaron 26 bacterias; 11 eran patógenas, eminentemente en los quelíceros.

Buena parte es sensible a ciprofloxacino, pero hay *Pseudomonas aeruginosa*, *P. putida*, y *Kluyvera intermedia* resistentes a amikacina, piperacilina/tazobactam, ertapenem, aztreonam, colistina, ceftolozano/tazobactam, y ceftazidima/avibactam.

Mediante plásmidos puede transmitirse resistencia a colistina.

Conclusiones

Steatoda nobilis representa no solo un riesgo local de presión selectiva ambiental en la era de la multirresistencia, sino una grave amenaza epidemiológica que amenaza ya la salud de otros países sudamericanos, debiendo educarse a la población, Servicios de Urgencia, UPC, y equipos PROA, respecto a actuaciones frente a probables mordeduras del arácnido.

Tabla 1.

Bacteria	Patogenicidad
<i>Pseudomonas putida</i>	+
<i>Kluyvera intermedia</i>	+
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	+
<i>Rothia mucilaginosa</i>	+
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	+
<i>Staphylococcus capitis</i>	+
<i>Staphylococcus edaphicus</i>	+
<i>Serratia</i>	+
<i>Streptococcus spp</i>	+
<i>Bacillus spp</i>	+
<i>Dietzia</i>	+
Otras 15 bacterias	-



Figura 1.

1002 - Bacteriemias asociadas a dispositivos centrales en pacientes con cáncer: incremento asociado en el costo en la atención en salud

Central Line-Associated Bloodstream Infections in Cancer Patients: Increased Healthcare Costs Associated With Their Management

Sandra Juliana Galeano Acevedo^{1,6}, Maria Jose Lopez Mora^{2,6}, Camilo Andres Buitrago Bahamon^{2,6}, Ayda Milena Carvajal Ochoa^{1,6}, Johana Paola Pinzón Torres³, Christian José Pallares^{4, 5}

¹ Servicio de Epidemiología hospitalaria y control de infecciones, Centro de Tratamiento e Investigación sobre Cáncer Luis Carlos Sarmiento Angulo (CTIC), Bogotá D.C, Colombia, sgaleano@fctic.org, savigila@fctic.org

² Servicio de Infectología, Centro de Tratamiento e Investigación sobre Cáncer Luis Carlos Sarmiento Angulo (CTIC), Bogotá D.C, Colombia, mlopez@fctic.org, camilo.buitrago2000@gmail.com

³ Inteligencia de negocios, Centro de Tratamiento e Investigación sobre Cáncer Luis Carlos Sarmiento Angulo (CTIC), Bogotá D.C, Colombia, ppinzon@fctic.org

⁴ Grupo de Investigación en Resistencia Antimicrobiana y Epidemiología Hospitalaria, Universidad El Bosque, icako@gmail.com

⁵ Comité de Infecciones y Vigilancia Epidemiológica, Centro Médico Imbanaco, Cali 760031, Colombia.

⁶ Grupo de Investigación GIGA, CTIC/Universidad El Bosque, Bogotá, Colombia.

Palabras clave: central venous catheter, bacteremia, cost and cost analysis

Introducción:

Las bacteriemias asociadas a dispositivo central (ITS-AC) son una de las infecciones asociadas a la atención en salud más prevalentes y con mayor impacto en morbilidad y estancia hospitalaria. La población oncológica es especialmente susceptible y el costo económico que generan para el sistema de salud es susceptible de cambio en el tiempo. Evaluar el costo directo y total comparado con los pacientes que no desarrollan esta complicación, podría ayudar a comprender el ahorro derivado de aquellas que se evitan.

Objetivo:

Evaluar el costo de las ITS-AC en una institución hospitalaria oncológica de referencia.

Metodología:

En un centro oncológico de Bogotá, Colombia, con capacidad de 112 camas de hospitalización y 35 de UCI, se realizó un estudio de casos y controles, los casos fueron todos los pacientes que desarrollaron una bacteriemia asociada a catéter durante el año 2023 y los controles fueron pacientes sin bacteriemia, pareados con relación 1 a 2 por diagnóstico oncológico, sexo y edad.

Resultados:

Se analizaron 21 casos y 42 controles (en 20 y 40 pacientes respectivamente). La mediana del costo directamente atribuible a la ITS AC (ayudas diagnósticas, interconsulta, tratamiento antibiótico, reintervenciones, días de estancia adicionales) fue de US\$ 2,500.15 (RIC \$1,993.52 – \$4,833.96) por evento, y la mediana del costo total de la hospitalización en el grupo de los casos fue de US 15,358.11 (RIC \$10,577.97 – \$26,053.51) y de los controles fue de US\$ 5,428.42 (RIC \$3,065.26 – \$16,126.27), con una diferencia estadísticamente significativa ($p<0.001$). La mediana de los días de estancia hospitalaria fue 43 días (RIC 30 – 55) para los casos y 12.5 días (RIC 6-31.75) para los controles, con una diferencia estadísticamente significativa ($p<0.001$). No encontramos diferencia significativa en el costo de la ITS-AC, el costo de la estancia total, ni los días de estancia en el análisis por tipo de microorganismo (Gram positivo o Gram negativo, enterobacteria resistente a carbapenémicos o *Staphylococcus aureus*), tipo de acceso (corto o de inserción periférica) y tipo de tumor (hematológico o sólido). Tampoco encontramos diferencia en la mortalidad intrahospitalaria entre los casos y los controles (33.3% vs 16% $p=0.134$), probablemente por el tamaño de la muestra.

Conclusiones:

El costo atribuible a la ITS-AC y la diferencia encontrada en el costo total de hospitalización y días de estancia muestran que los esfuerzos por prevenir las ITS-AC generan, además de un beneficio para los pacientes, una reducción de la carga económica para cualquier sistema de salud.

Tabla 1. Características de casos y controles

Variable		Casos (n=20)	Controles (n=40)	p
Edad (años) mediana (RIC)		67.5 (55-71)	64 (49.75 - 70)	0.46
Sexo masculino [n(%)]		13 (65%)	26 (65%)	1.000
Diagnóstico oncológico agrupado [n(%)]	Solidos	17 (85%)	34 (85%)	1.000
	Hematologicos	3 (15%)	6 (15%)	
Estadio oncológico	1-11	5 (25.0 %)	13 (32.5 %)	0.824
	III-IV	12 (60.0 %)	21 (52.5 %)	
	Desconocido	1 (5.0 %)	2 (5.0 %)	
	No aplica	2 (10.0%)	4 (10.0%)	
Días de estancia Mediana (RIC)		43 (30 -55)	12.5 (6 - 31.75)	<0.001
Mortalidad intrahospitalaria		7 (33.3%)	7 (16.66%)	0.134
Mortalidad asociada		3 (15 %)	-	-

Diferencia en costo de hospitalización y días de estancia

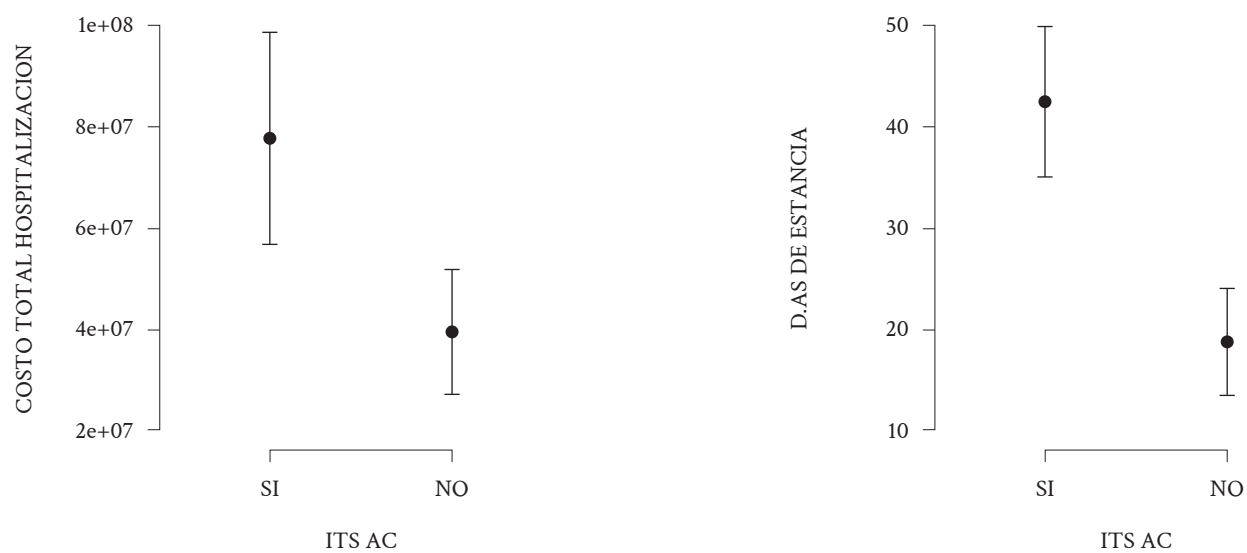


Figura 1.

Jo02 - Frequency and age distribution patterns of invasive pneumococcal disease in Chile: a retrospective analysis from 2007 to 2023

Frecuencia y Patrones de Distribución por Edad de la Enfermedad Neumocócica Invasiva en Chile: Un Análisis Retrospectivo de 2007 a 2023

Luciana Hirata¹, Cecilia Gonzalez², Wolfrang Henríquez Luhr³, Claudia P. Cortes⁴, Diana Buitrago⁵, Constanza Otero⁶, Juan Urrego-Reyes⁷, Cristián Iribarren⁸, Cintia I. Parellada⁹

¹ MSD Brazil, São Paulo, Brazil, luciana_hirata@merck.com

² ICIM, Facultad de Medicina- Clínica Alemana - Universidad del Desarrollo, Santiago, Chile, ceciliaigonzalez@gmail.com

³ CADI-UMAG, Punta Arenas, Chile, wolfgangklev@hotmail.com

⁴ Clínica Santa María, Santiago de Chile, Chile, claudia.cortes@clnicasantamaria.cl, claucom@gmail.com

⁵ IQVIA, Bogotá, Colombia, dianacamila.buitrago@iqvia.com

⁶ IQVIA, Santiago, Chile, constanza.otero@iqvia.com

⁷ MSD Colombia, Bogotá D.C, Colombia, juan.camilo.urrego.reyes@merck.com

⁸ MSD Chile, Santiago de Chile, Chile, cristian.iribarren@merck.com

⁹ MSD Brazil, São Paulo, Brazil, cintia.parellada@merck.com

Keywords: *Streptococcus pneumoniae*; invasive pneumococcal disease; COVID-19; pneumococcal vaccines; epidemiology.

Introductions:

In Chile, pneumococcal vaccines have been included in the National Immunization Program since 2011 for infants and 2009 for adults aged ≥ 65 years. The vaccination coverage rate (VCR) has consistently been $\geq 90\%$ for infants since 2014, while for older adults, it has varied between 30.8% and 60.5%. Since 2004, all cases of invasive pneumococcal disease (IPD) require mandatory notification to Chilean Instituto de Salud Pública (ISP).

Objectives:

This study assessed the frequency and age distribution patterns of IPD cases from 2007-2023.

Methods:

Utilizing a retrospective database from the Chilean ISP, all confirmed laboratory IPD cases were analyzed and stratified by age groups.

Results:

Over a 17-year period, a total of 12,198 IPD cases were reported, averaging 717 cases annually. Age information was available for 11,809 cases, revealing significant demographic shifts in IPD incidence across different age groups. For children under 12 months and 12-23 months, the proportion of cases declined from 18.1% (n=139) and 13.5%

(n=104) in 2007 to 2.5% (n=23) and 3.4% (n=31) in 2023, respectively. The age groups 24-59 months and 15-49 years remained relatively stable, starting at 10.5% (n=81) and 17.8% (n=137) in 2007 and ending at 8.4% (n=78) and 22.6% (n=209) in 2023. Notably, the IPD distribution for children aged 5-14 years showed a progressive reduction from 10.9% in 2011 to 4.1% in 2019, followed by an abrupt increase to 9.0% in 2023. In contrast, the proportion of cases in the 50-64 years age group increased from 11.5% (n=88) in 2007 to 24.5% (n=226) in 2023. Additionally, the proportion in the ≥ 65 years age group rose from 19.4% (n=149) in 2007 to 29.7% (n=274) in 2023. The COVID-19 pandemic had a notable impact on IPD, with a marked decline in cases during 2020, where only 276 cases (64.5% decrease compared to 2019) were reported compared to 777 in 2019. However, as pandemic-related restrictions were lifted, there was a resurgence in IPD cases, with 395 cases in 2021 (49.2% decrease compared to 2019), 671 cases in 2022 (13.6% decrease compared to 2019), and 924 cases in 2023 (18.9% increase compared to 2019).

Conclusions:

The data indicates an age group shift in IPD cases over the years, with a notable increase among adults with 50-64 and ≥ 65 years and a decline among young children. The IPD cases were reduced during COVID-19 pandemic with a progressive resurgence from 2021 to 2023, returning to pre-pandemic levels.

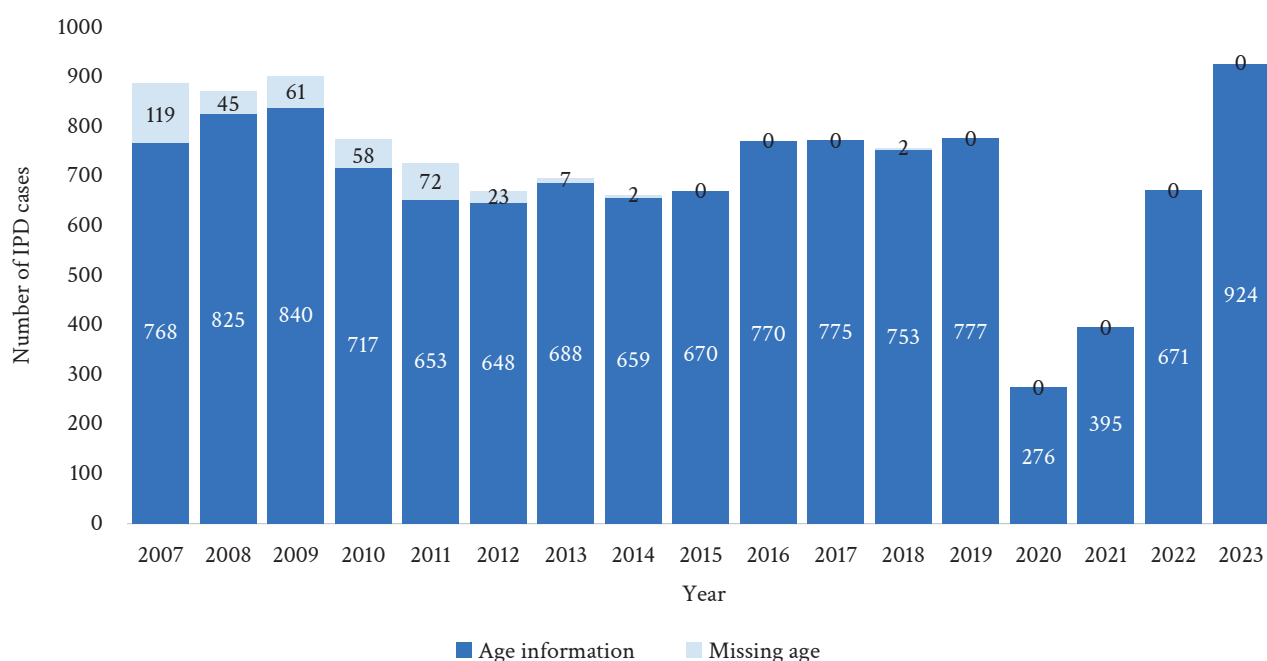


Figure 1. Number of IPD cases reported by ISP during the study period. Chile, 2007-2023

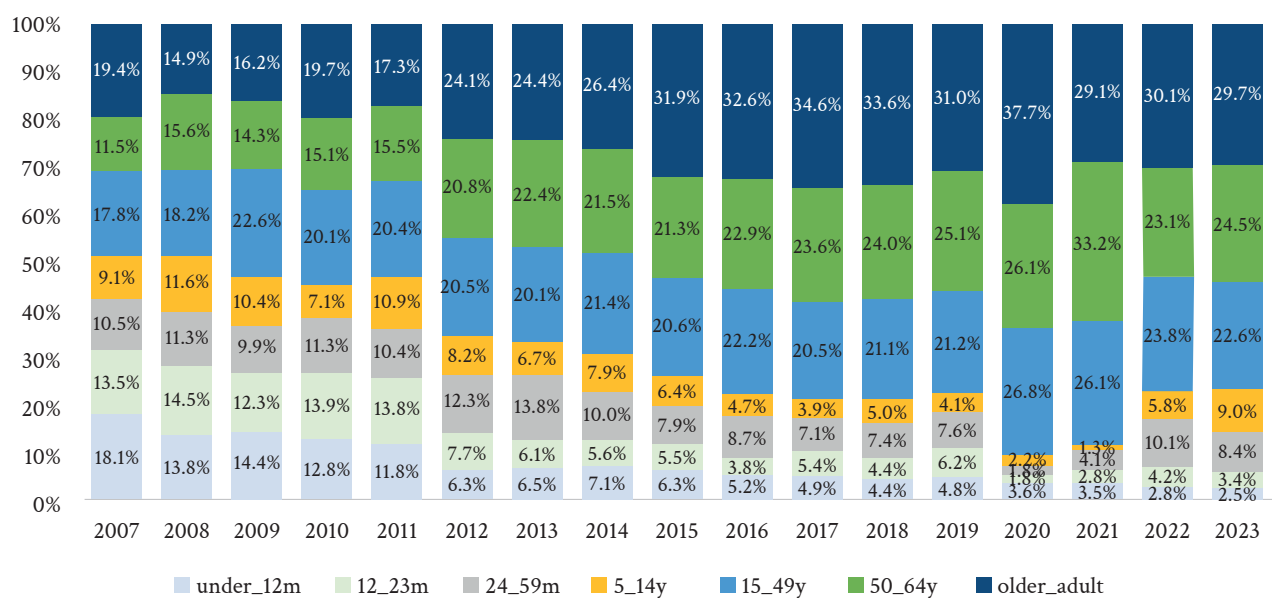


Figure 2. Distribution of IPD cases per year and age group. Chile, 2007-2023.

Jo03 - Características clínicas en torno a la vacunación frente al meningococo en un hospital local de complejidad alta

Clinical Characteristics Related to Meningococcal Vaccination in a High-Complexity Local Hospital

Jaime Antonio Collins Camones¹, Lizbeth Janeth Gutiérrez Tellez², Renato Andree Moran Villacorta³

¹ Vicerrectorado de Investigación, Universidad Nacional Federico Villarreal. Lima, Perú. Servicio de Infectología, Departamento de Medicina Interna, Hospital G. Almenara, EsSalud. Lima, Perú, jcollinslp@gmail.com

² Médica residente de Enfermedades Infecciosas y Tropicales, Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú. Servicio de Infectología, Departamento de Medicina Interna, Hospital G. Almenara, EsSalud. Lima, Perú, lizbethgt5@gmail.com

³ Interno de Medicina, Hospital G. Almenara, EsSalud. Lima, Perú. Escuela de Medicina, Universidad Nacional Federico Villarreal. Lima, Perú, renatomoran38@gmail.com

Palabras clave: Meningitis meningocócica, vacunación, persona VIH-positiva, trasplante de órgano, Perú

Introducción:

Se conoce poco sobre el empleo de las vacunas frente al meningococo en entornos hospitalarios de complejidad alta de nuestro medio.

Objetivos:

Determinar las características clínicas entorno a la vacunación frente al meningococo en un hospital local de complejidad alta.

Métodos:

Estudio observacional y retrospectivo de todos los pacientes que recibieron la vacuna conjugada y tetravalente frente a los serogrupos A, C, W-135 e Y de meningococo en el Hospital Guillermo Almenara, EsSalud, entre los años 2019 y 2023.

Resultados:

Fueron evaluados 393 pacientes, quienes recibieron 498 dosis de la vacuna. Del total de pacientes, 148 fueron mujeres (38%) y 122 niños o adolescentes (≤ 15 años, 31%).

Los pacientes vacunados por año fueron 148 (38%) en 2019, 75 (19%) en 2020, 45 (11%) en 2021, 40 (10%) en 2022 y 85 (22%) en 2023. Más vacunas se administraron en pacientes VIH-positivos (128, 33%), trasplantados de hígado o riñón (62, 16%) y candidatos a trasplante de estos órganos (77, 20%). El 90% (56/62) de los trasplantados fue vacunado antes del trasplante, en o después del 2019. Esto no ocurrió antes de este año en el 10% restante (6/62, en seis trasplantados de hígado). La media de la edad de los pacientes al momento de la vacunación inicial en VIH-positivos fue de 36 años (DE:10), mientras que la mediana de edad en los trasplantados fue de 16 años (RIC: 13 a 49 años). Un 40% (51/128) de pacientes VIH-positivos recibió una segunda dosis de la vacuna mientras que esto ocurrió en 8% tanto en trasplantados (5/62) como en candidatos a trasplante (6/77). La mediana del tiempo entre la primera y la segunda dosis de la vacuna en los pacientes VIH-positivos fue de 3 meses (RIC: 2 a 5).

Conclusiones:

En el Hospital Almenara la vacunación frente a los serogrupos A, C, W-135 e Y de meningococo disminuyó durante la pandemia de la covid-19, sobre todo durante los años 2021 y 2022. La vacunación se concentró entre pacientes VIH-positivos y trasplantados de hígado o riñón o candidatos a trasplante de estos órganos. Menos de la mitad de los pacientes VIH-positivos y menos de la décima parte de los pacientes trasplantados o candidatos a trasplante recibieron una segunda dosis de la vacuna, respectivamente. El tiempo entre la primera y segunda dosis de la vacuna en la mayoría de los pacientes VIH-positivos excedió el tiempo recomendado de dos meses.

J004 - A critical analysis of the trends in low immunisation coverage of under-1-year olds against diphtheria, tetanus, and pertussis in Venezuela, 1995-2023

Análisis Crítico de las Tendencias en la Baja Cobertura de Inmunización Contra Difteria, Tétanos y Tos Ferina en Menores de 1 Año en Venezuela, 1995-2023

Alfonso J. Rodriguez-Morales^{1,2}, Jaime A. Cardona-Ospina³, Rima Moghnieh⁴, Rola Husni⁴, German Camacho-Moreno^{5,6}, Carlos Torres-Martinez⁷, Jose Brea⁸, Rolando Ulloa Gutierrez^{9,10,11}

¹ Grupo de Investigación Biomedicina, Faculty of Medicine, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas-Institución Universitaria Visión de las Américas, Pereira, Risaralda 660003, Colombia, alfonso.rodriguez@uam.edu.co

² Faculty of Health Sciences, Universidad Científica del Sur, Lima, 4861, Peru.

³ Division of Infectious Diseases and Vaccinology, School of Public Health, University of California, Berkeley, Berkeley, CA, USA, jaime.cardona@uam.edu.co

⁴ Division of Infectious Diseases, Department of Internal Medicine, Gilbert and Rose-Marie Chagoury School of Medicine, Lebanese American University, Beirut, 1102, Lebanon, rola.husni@lau.edu.lb, rima.moghnieh@lau.edu.lb

⁵ HOMI, Fundación Hospital pediátrico de la Misericordia, Bogotá, Colombia, gcamachom@unal.edu.co

⁶ Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.

⁷ Department of Pediatrics, Universidad El Bosque, Cafettor Médica SAS, Bogotá, Colombia, catorres@uniandes.edu.co

⁸ Facultad de Ciencias de La Salud, Instituto Tecnológico de Santo Domingo, Santo Domingo, Dominican Republic, drbrea@gmail.com

⁹ Servicio de Aislamiento, Hospital Nacional de Niños "Dr. Carlos Sáenz Herrera", Centro de Ciencias Médicas, Caja Costarricense de Seguro Social (CCSS), San José, Costa Rica, rolandoug@gmail.com

¹⁰ Instituto de Investigación en Ciencias Médicas UCIMED (IICIMED), San José, Costa Rica.

¹¹ Cátedra de Pediatría, Facultad de Medicina, Universidad de Ciencias Médicas (UCIMED), San José, Costa Rica.

Keywords: Diphtheria, tetanus, pertussis, vaccines, Venezuela.

Introduction:

In recent years, diphtheria, tetanus, and pertussis cases have been reported in Latin American children, particularly in countries with low vaccination coverage rates or political and socioeconomic instability. Although diphtheria is considered a core vaccine in global public health efforts, its coverage in some countries is far below the ideal rates.

Objectives:

To assess diphtheria, tetanus, and pertussis vaccine trends and indicators in Venezuela.

Methods:

Using PAHO, the WHO/UNICEF Joint Reporting Form on Immunization, and the WHO/UNICEF Estimates of National Immunisation Coverage (WUENIC) data from the Venezuelan Ministry of Health, a trend analysis of immunisation coverage of under-1-year olds against DTP in Venezuela, 1995-2023 (% who have received three doses), with an ecological approach, was done. Also, cases of DTP infections were considered and analysed. Variations in rates and other analyses were made.

Results:

Immunisation coverage of under-1-year-olds varied from 68% in 1995 to a maximum of 87% in 2005 and 2015. Since 2015, a significant reduction trend ($r^2=0.7641$, $p=0.0045$, linear regression) reached 54% in 2023. Especially from 2010 to 2018, low DTP vaccine coverage was significantly associated with the increase in diphtheria and pertussis cases (1592 and 185 cases in the period, respectively) ($r^2=0.8391$, $p=0.0005$, linear regression), diphtheria rates ($r^2=0.8440$, $p=0.0005$, linear regression), pertussis cases ($r^2=0.6508$, $p=0.0086$, linear regression), and

pertussis rates ($r^2=0.6467$, $p=0.0090$, linear regression). No significant associations were observed with tetanus cases and incidence rates ($p\geq 0.05$).

Conclusions:

Venezuela's economic and political crises have severely weakened its healthcare system, resulting in low vaccination coverage against DTP. This under-vaccination leaves populations vulnerable, leading to increased disease incidence and outbreaks, as significantly associated in this analysis. Venezuela's healthcare vulnerabilities and its low vaccination rates for DTP and other vaccine-preventable diseases have multiple national and international implications.

Jo05 - A critical analysis of the trends in low immunisation coverage of under-1-year olds against Polio in Venezuela, 1995-2023

Análisis Crítico de las Tendencias en la Baja Cobertura de Inmunización Contra la Poliomiélitis en Menores de 1 Año en Venezuela, 1995-2023

Alfonso J. Rodríguez-Morales^{1,2}, Jaime A. Cardona-Ospina³, Rima Moghnieh⁴, Rola Husni⁴, German Camacho-Moreno^{5,6}, Carlos Torres-Martínez⁷, Jose Brea⁸, Rolando Ulloa Gutierrez^{9,10,11}

¹ Grupo de Investigación Biomedicina, Faculty of Medicine, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas-Institución Universitaria Visión de las Américas, Pereira, Risaralda 660003, Colombia, alfonso.rodriguez@uam.edu.co

² Faculty of Health Sciences, Universidad Científica del Sur, Lima, 4861, Peru.

³ Division of Infectious Diseases and Vaccinology, School of Public Health, University of California, Berkeley, Berkeley, CA, USA, jaime.cardona@uam.edu.co

⁴ Division of Infectious Diseases, Department of Internal Medicine, Gilbert and Rose-Marie Chagoury School of Medicine, Lebanese American University, Beirut, 1102, Lebanon. rousla.husni@lau.edu.lb, rima.moghnieh@lau.edu.lb

⁵ HOMI, Fundación Hospital pediátrico de la Misericordia, Bogotá, Colombia, gcamachom@unal.edu.co

⁶ Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.

⁷ Department of Pediatrics, Universidad El Bosque, Cafetor Médica SAS, Bogotá, Colombia, catorres@uniandes.edu.co

⁸ Facultad de Ciencias de La Salud, Instituto Tecnológico de Santo Domingo, Santo Domingo, Dominican Republic, drbrea@gmail.com

⁹ Servicio de Aislamiento, Hospital Nacional de Niños "Dr. Carlos Sáenz Herrera", Centro de Ciencias Médicas, Caja Costarricense de Seguro Social (CCSS), San José, Costa Rica, rolandoug@gmail.com

¹⁰ Instituto de Investigación en Ciencias Médicas UCIMED (IICIMED), San José, Costa Rica.

¹¹ Cátedra de Pediatría, Facultad de Medicina, Universidad de Ciencias Médicas (UCIMED), San José, Costa Rica.

Keywords: Polio, coverage, vaccines, crisis, Venezuela.

Introduction:

Polio vaccination is essential worldwide for the prevention of poliovirus. Global vaccination efforts have nearly eradicated polio, reducing cases by over 99%. However, some countries still face wild poliovirus 1 (WPV1) (e.g., Afghanistan and Pakistan, 2024) and vaccine associated paralytic poliomyelitis (VAPP), as recently reported in Venezuela (2024). Continued efforts are crucial to complete eradication, ensuring a polio-free world and preventing the virus's resurgence.

Objectives:

To assess the trends in low immunisation coverage of under-1-year-olds against Polio in Venezuela, 1995-2023.

Methods:

A trend analysis of immunisation coverage of under-1-year-olds against Polio in Venezuela, 1995-2023 (% who have received three doses), with an ecological approach, was done using PAHO, the WHO/UNICEF Joint Reporting Form on Immunization and the WHO/UNICEF Estimates of National Immunisation Coverage (WUENIC) data, from the Venezuelan Ministry of Health. Variations in rates and other analyses were made.

Results:

Immunisation coverage of under-1-year-olds (%) varied from 85% in 1995 to a maximum of 87% in 2015. Since 2015, a significant reduction trend ($r^2=0.5657$, $p=0.0314$, linear regression) reached 50% in 2021. In 2023, for the inactivated polio-containing vaccine, the first dose was 68%, the second was 60%, and the third was 62%.

Conclusions:

The situation in Venezuela underscores the fragility of immunisation programs in the context of economic, social, and political instability, which has potential implications for regional health. Addressing the underlying barriers to immunisation will be essential to restoring adequate vaccination coverage and protecting children from preventable diseases like polio in Venezuela and Latin America.

Joo8 - Evaluación de madurez y desafíos para el fortalecimiento del Consejo Nacional de Prácticas de Inmunizaciones (CONAPI) de Guatemala, 2023 y 2024

Assessment of Maturity and Challenges for Strengthening the National Immunization Practices Advisory Committee (CONAPI) of Guatemala, 2023 and 2024

Herberth Maldonado Briones¹, Claudia Camel², Eduardo Catú³, Ericka Gaitán Soto⁴, Evelyn Karina Sicán Olivares⁵, Grethel Alvarado⁶, José Enrique Zelaya⁷, Marc Rondy⁸, María Andrea Gatica Escobar⁹, María Olga Bautista Amézquita¹⁰, Mariana Landa¹¹, Mónica Rodríguez¹², Nancy Sandoval Paiz¹³, Reyna Dardón Abarca¹⁴, Rudy López y López¹⁵, Vivian Salomón¹⁶, Mario Augusto Melgar Toledo¹⁷

¹ Unidad de Cirugía Cardiovascular de Guatemala, Universidad del Valle de Guatemala, Guatemala, hgmaldonado@uvg.edu.gt

² Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, Guatemala, claucamel@gmail.com

³ Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, ecatu@msp.as.gob.gt

⁴ Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, egsoto@msp.as.gob.gt

⁵ Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, Guatemala, evelynsican@yahoo.com

⁶ OPS-Guatemala, alvaradgre@paho.org

⁷ Club Rotario Guatemala, zelayaen@yahoo.com

⁸ OPS-WDC, rondymar@paho.org

⁹ Hospital Infantil Juan Pablo II, dragatica88@gmail.com

¹⁰ Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, mbautista@msp.as.gob.gt

¹¹ OPS-Guatemala, landamar@paho.org

¹² Instituto Guatemalteco de Seguridad Social, mrodriguez@igss.org.gt

¹³ Hospital Roosevelt, Universidad Rafael Landívar, Guatemala, nsandoval_paiz@hotmail.com

¹⁴ Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, mariceldardon@yahoo.com

¹⁵ Instituto Guatemalteco de Seguridad Social, Guatemala, rudyvolley@hotmail.com

¹⁶ UNICEF, vsalomon@unicef.org

¹⁷ Hospital Roosevelt, Guatemala, mariomelgart@gmail.com

Palabras clave: Política de Inmunización NITAG. Recomendaciones basadas en evidencia

Introducción:

Los Grupos Nacionales de Asesoramiento Técnico sobre Inmunización (NITAG) son grupos multidisciplinarios integrados por expertos nacionales responsables de brindar recomendaciones independientes y basadas en evidencia sobre vacunas e inmunización a las autoridades sanitarias nacionales y a los programas de inmunizaciones. El NITAG de Guatemala está activo desde el año 2013 y busca mejorar su desempeño, especialmente ante los desafíos luego de la pandemia, bajas coberturas y reticencia a la vacunación.

Objetivo(s):

Evaluar el avance en la mejora de las capacidades de CONAPI de 2023 a 2024

Métodos:

Estudio cualitativo, participantes miembros del Consejo Nacional de Prácticas de Inmunizaciones (CONAPI). Se usó la herramienta de evaluación de la madurez de los NITAG (NMAT) elaborada por los Centros para el Control de Enfermedades (CDC), la Red Global de NITAG (GNN), Task Force for Global Health (TFGH) y la OPS/OMS. Esta herramienta evalúa siete indicadores y provee un marco para organizar y priorizar acciones tangibles y alcanzables para las actividades de fortalecimiento del NITAG. Ética: estudio de riesgo mínimo, no requiere evaluación ética por tratarse de evaluación de un programa de salud pública.

Resultados:

Se realizaron 2 evaluaciones (10 agosto 2023 y 7 de noviembre 2024). El porcentaje de cumplimiento de criterios fue de 35% y 43% respectivamente, correspondiendo a un nivel básico para todos los indicadores. En la primera evaluación, el menor porcentaje de cumplimiento se identificó en los indicadores de Independencia e imparcialidad (8%), formulación de recomendaciones (25%) e integración en el proceso de formulación de políticas (25%). Encontramos avances en cumplimiento de criterio en tres de siete indicadores (Independencia e imparcialidad, operaciones y formulación de recomendaciones). Se identificaron acciones concretas para el fortalecimiento y desarrollo de la madurez de CONAPI en los indicadores evaluados (tabla 1).

Conclusiones:

El NITAG de Guatemala ha mostrado avances en su madurez y se posiciona ante el Ministerio de Salud de Guatemala como un recurso valioso en asesoría técnica y científica en materia de inmunizaciones, bajo el marco legal de la recién aprobada Ley de Vacunación (Decreto Número 25-2025). Se identificaron desafíos y acciones concretas para mejorar las capacidades de CONAPI para la formulación de recomendaciones en inmunizaciones basado en evidencia

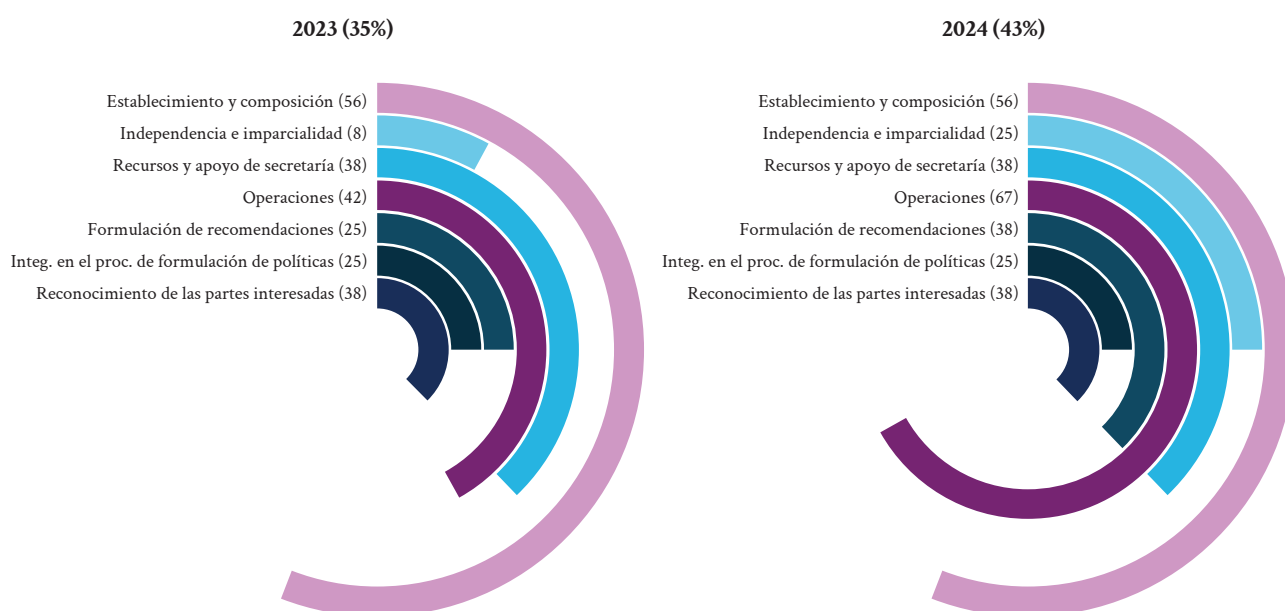


Figura 1. Evaluación de madurez NITAG Guatemala, 2023-2024

Tabla 1. Acciones identificadas para la madurez de CONAPI en la evaluación NMAT

Indicador	Acciones de mejora
Establecimiento y composición	Implementación de Reglamento Interno de CONAPI incluyendo términos de referencia (TdR) y procedimientos de regulación de la membresía (tiempo, escalonamiento, suspensión). Se fortalecerá la composición con la especialidad de inmunología.
Independencia y imparcialidad	Formalización de política de declaración de conflicto de intereses y no promoción de intereses. Publicación de informes y dictámenes en sitio web del Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social (MSPAS)
Recursos y apoyo de secretaría	Fortalecimiento de la secretaría (a cargo del Programa de Inmunizaciones) Gestión de gastos de operación y logística, capacitación y reuniones.
Operaciones	Elaboración de Procedimientos operativos estándar (POEs) Seguimiento semestral de avances de Plan de mejora y autoevaluación anual
Formulación de recomendaciones	Formalización de uso sistemático del marco de evidencia a la recomendación (EtR) Presentación formal de la recomendación con los tomadores de decisiones
Integración en el proceso de formulación de políticas	POE para seguimiento de adopción/rechazo a recomendaciones
Reconocimiento partes interesadas	Publicación de composición de CONAPI en la página del MSPAS, de los dictámenes y actas de las sesiones

Joog - Estudio de gastroenteritis agudas pre y post aplicación de la vacuna contra el rotavirus

study of Acute Gastroenteritis Before and After the Introduction of the Rotavirus Vaccine

Paula Abril Sepúlveda Acuña^{1,2}, Graciela Cabral^{1,2}

¹ Sección de Virología, Hospital Nacional "Profesor Alejandro Posadas", Morón, Buenos Aires, Argentina, paulasepulvedaac@gmail.com

² Cátedra de Bioquímica Clínica II, Escuela de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Morón, Morón, Buenos Aires, Argentina, gracielaacabral@yahoo.com.ar

Palabras clave: gastroenteritis aguda, rotavirus, vacunación

Introducción:

La gastroenteritis aguda tiene una morbimortalidad significativa en niños, siendo principalmente de etiología viral. Prevacunación contra rotavirus (RoV), dicho virus causaba más de 450,000 muertes anuales en <5 años de todo el mundo; por esto, en 2009 se recomienda la incorporación de una vacuna a los calendarios nacionales de inmunización; en Argentina se incorporó el 01/01/2015. La importancia de vigilar las cepas de RoV antes y después de la introducción de la vacuna, permite evaluar cambios en los patrones de virus circulantes.

Objetivo(s):

Evaluar la distribución etiológica de las gastroenteritis agudas virales confirmadas por el laboratorio en el periodo prevacunal y compararla con el periodo posvacunal.

Métodos:

Estudio descriptivo, transversal. Utilizando la base de datos del laboratorio se estudiaron los agentes virales RoV, Adenovirus (ADV) serotipo 40-41, Astrovirus (AST) y Norovirus (NoV), en muestras de materia fecal (del 01/06/2009 al 31/07/2024), excluyendo 2015 (año transicional); en pacientes <5 años con cuadro de gastroenteritis aguda según definición de la OMS. Se compararon los datos de 2009 a 2014 (prevacunal) con el periodo posvacunal (2016 a 2024). Para el análisis de datos se utilizó el test de ², considerando significativo un $p < 0.05$.

Resultados:

En la era prevacunal se estudiaron 2013 muestras, siendo positivas para RoV 16.9% y postvacunal 5.9% de un total de 956 muestras. Evidenciando una disminución significativa (DS) de los casos ($p < 0.001$).

Al analizar por rango de edad se encontró DS al comparar ambos periodos dentro de cada rango.

Desde 2016 se observó un aplanamiento del pico estacional esperado y la detección de positivos durante todo el año. La positividad para ADV y AST entre ambos periodos se mantuvo estable. Se evidenció en los años 2016 a 2019 un incremento en la detección de NoV (68%) respecto al trienio previo, coincidente con el descenso de RoV (72%).

Conclusiones:

El periodo posvacunal mostró una DS en las diarreas agudas por RoV en comparación al periodo prevacunal en < 5 años y principalmente en <1 año; lo cual coincide con lo publicado a nivel nacional e internacional. Paralelamente a la disminución de casos positivos por RoV hay un incremento en los casos de NoV, mientras ADV y AST no varían. Con el trabajo se evidenció la importancia de la vacunación universal contra RoV, mostrando que impacta en todas las edades y reduce todas las gastroenteritis agudas.

Jo10 - Desempeño e impacto del Consejo Nacional de Prácticas de Inmunizaciones (CONAPI) de Guatemala, 2021 a 2024

Performance and Impact of the National Immunization Practices Advisory Committee (CONAPI) of Guatemala, 2021 to 2024

Herberth Maldonado Briones¹, Claudia Camel², Eduardo Catú³, Ericka Gaitán Soto⁴, Evelyn Karina Sicán Olivares⁵, Grethel Alvarado⁶, José Enrique Zelaya⁷, Marc Rondy⁸, María Andrea Gatica Escobar⁹, Mariana Landa¹⁰, Mónica Rodríguez¹¹, Nancy Sandoval Paiz¹², Reyna Dardón Abarca¹³, Rudy López y López¹⁴, Vivian Salomón¹⁵, Mario Augusto Melgar Toledo¹⁶

¹ Unidad de Cirugía Cardiovascular de Guatemala, Universidad del Valle de Guatemala, Guatemala, hgmaldonado@uvg.edu.gt

² Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, Guatemala, claucamel@gmail.com

³ Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, ecatu@msp.gov.gt

⁴ Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, eggsoto@msp.gov.gt

⁵ Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, Guatemala, evelynsican@yahoo.com

⁶ OPS-Guatemala, alvaradgre@paho.org

⁷ Club Rotario Guatemala, zelayaen@yahoo.com

⁸ OPS-WDC, rondymar@paho.org

⁹ Hospital Infantil Juan Pablo II, dragatica88@gmail.com María Olga Bautista Amézquita, Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, mbautista@msp.gov.gt

¹⁰ OPS-Guatemala, landamar@paho.org

¹¹ Instituto Guatemalteco de Seguridad Social, mrodriguez@igss.org.gt

¹² Hospital Roosevelt, Universidad Rafael Landívar, Guatemala, nsandoval_paiz@hotmail.com

¹³ Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, mariceldardon@yahoo.com

¹⁴ Instituto Guatemalteco de Seguridad Social, Guatemala, rudyvolley@hotmail.com

¹⁵ UNICEF, vsalomon@unicef.org

¹⁶ Hospital Roosevelt, Guatemala, mariomelgart@gmail.com

Palabras clave: Política de Inmunización NITAG, Recomendaciones basadas en evidencia

Introducción:

Los Grupos Nacionales de Asesoramiento Técnico sobre Inmunización (NITAG) son conformados por expertos nacionales que proporcionan recomendaciones independientes y basadas en evidencia sobre vacunas e inmunización a las autoridades sanitarias y a los programas de inmunizaciones. Durante la pandemia COVID-19, el Consejo Nacional de Prácticas de Inmunizaciones de Guatemala (CONAPI) enfrentó desafíos para proveer recomendaciones debido a la rápida evolución de la situación con nuevas vacunas disponibles en un corto período de tiempo y datos limitados de seguridad y efectividad.

Objetivo(s):

Describir el impacto y desempeño del NITAG de Guatemala durante la pandemia y post- pandemia

Métodos:

Estudio cualitativo, se resumieron el número y contenido de reuniones, recomendaciones y su estado de implementación. Se estimó el tiempo transcurrido entre la solicitud y la recomendación. Ética: estudio de riesgo mínimo, no requiere evaluación ética por tratarse de evaluación de un programa de salud pública.

Resultados:

Se registraron 44 oficios solicitando recomendaciones, de las cuales el 68% del Programa de Inmunizaciones, 18 de Viceministros y 11% del despacho del Ministro. Se reportan 56 reuniones de CONAPI, el 68% de forma extraordinaria. Se registraron 77 recomendaciones incluidas en dictámenes o comunicación oficial, de las cuales

55 fueron sobre vacunación contra COVID-19 y 20 para otras vacunas. De las recomendaciones COVID-19 las más frecuentes fueron: uso en poblaciones especiales (embarazo, niños, comorbilidades e inmunosupresión) (24%), uso de vacunas COVID-19 (22%), dosis de refuerzo (18%), formulaciones bivalentes o actualizadas (13%) y uso de esquemas heterólogos (9%). De estas recomendaciones se implementaron el 58% y de forma parcial el 29%. Para otras vacunas se realizaron 20 recomendaciones siendo: uso en poblaciones especiales (35%), introducción de una nueva vacuna (20%), expansión de grupos de edad (15%), evaluación de un lineamiento de vacunación (15%), reducción o incremento en número de dosis (10%). Fueron implementadas el 30% y de forma parcial el 25%. Se analizó el tiempo entre solicitud y emisión de la recomendación escrita para vacunas COVID-19, siendo la mediana de 14 días [1-82], RIC (6, 35), mientras que para otras vacunas la mediana fue de 70 días [1-893], RIC (41, 176).

Conclusiones:

El grupo de expertos del NITAG de Guatemala realizó una inversión de tiempo extensa para revisar y debatir la evidencia de vacunas contra COVID-19, elaborando recomendaciones basadas en evidencia y entregarlas de forma oportuna, alcanzando una alta tasa de implementación de las recomendaciones. Para otras vacunas se encontró una menor tasa de implementación con mayores tiempos de entrega, lo que sugiere mayores desafíos

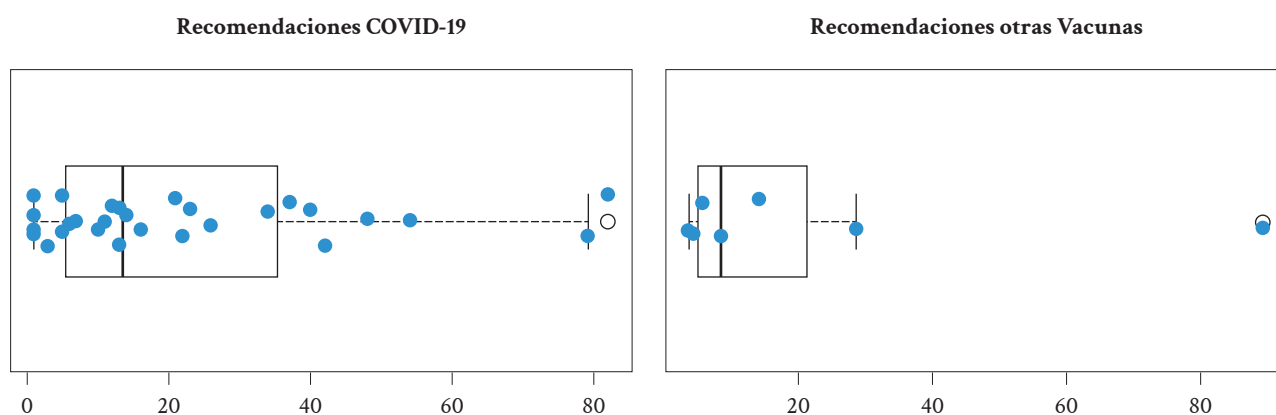


Figura 1: Tiempo en días entre solicitud y recomendaciones del NITAG

Tabla 1. Resumen de recomendaciones por el NITAG de Guatemala

Recomendación vacunas COVID-19	f	%
Recomendación para grupos objetivo y priorización de uso de vacuna COVID-19	2	4%
Recomendación para uso de vacunas contra COVID-19	12	22%
Expansión de grupos de edad	2	4%
Dosis de refuerzo	10	18%
Reducción o extensión de intervalo de dosis	3	5%
Uso en poblaciones especiales (niño, embarazada, inmunosupresión, comorbilidades)	13	24%
Uso de esquemas heterólogos	5	9%
Uso de formulaciones bivalentes o monovalentes actualizadas	7	13%
Otras recomendaciones	1	2%
Total COVID-19	55	100%
Recomendación otras vacunas	f	%
Introducción de nueva vacuna	4	20%
Sustitución de una vacuna por otra combinación	1	5%
Expansión de grupos de edad	3	15%
Reducción o incremento en número de dosis	2	10%
Evaluación de lineamiento de vacunación	3	15%
Uso en poblaciones especiales (niño, embarazada, inmunosupresión, comorbilidades)	7	35%
Total otras	20	100%

J011 - Healthcare resource utilization in varicella in Latin America: a systematic literature review

Utilización de Recursos en Salud por Varicela en América Latina: Una Revisión Sistemática de la Literatura

Luciana Hirata¹, Emilia Prieto², Maria Luisa Ávila-Agüero³, Carlos Torres-Martínez⁴, Maria Catalina Pírez⁵, Mario Melgar⁶, Giovanna Azevedo Nascimento⁷, Cintia Parellada⁸

¹ MSD Brazil, São Paulo, Brazil, luciana_hirata@merck.com

² MSD Colombia, Bogotá, Colombia, emilia.prieto@merck.com

³ Hospital Nacional de Niños, San José, Costa Rica, avilaaguero@gmail.com

⁴ Universidad El bosque, Bogotá, Colombia, catorres@uniandes.edu.com

⁵ Universidad de la República, Montevideo, Uruguay, mcpirez@yahoo.com

⁶ Centro de Estudios Clínicos Salud Avanzada/ Hospital Roosevelt, Ciudad de Guatemala, Guatemala, mariomelgar@ceclisa.org

⁷ MSD Brazil, São Paulo, Brazil, giovanna.azevedo.nascimento@merck.com

⁸ MSD Brazil, São Paulo, Brazil, cintia.parellada@merck.com

Keywords: varicella, chickenpox, Latin America, Health Resources

Introduction:

Varicella, a highly contagious disease often perceived as a benign childhood illness, can lead to significant complications and substantial healthcare resource utilization (HCRU). Understanding varicella HCRU is crucial for optimizing resource allocation, improving patient outcomes, and supporting the introduction and expansion of two-dose universal varicella vaccination (UVV) programs in Latin America and the Caribbean (LAC) (Fig 1).

Objective:

This systematic review assessed varicella HCRU across LAC.

Methods:

We conducted searches in six databases from 1999-2025. Full-text articles reporting HCRU related to varicella in LAC were included. Two reviewers independently screened and assessed articles, with a third reviewer resolving any discrepancies. Results were synthesized narratively.

Results:

Out of 2,853 records screened, 30 studies were included, primarily from Brazil (n=9), followed by Argentina (n=4), Colombia, Mexico, and Peru (n=3 each), Chile and Panama (n=2 each), Costa Rica, Honduras, Guatemala, and Uruguay (n=1 each). Nineteen (63%) studies were conducted before UVV, with 11 (36%) also extended into the post-UVV period (Table 1). Twenty-six studies focused on pediatric population, while four studies included all ages. Pre-UVV, hospitalization rates ranged from 1.2% for children who acquired varicella in daycare centers to 4.9% among children seeking outpatient care prior to hospitalization. Hospitalizations predominantly occurred in immunocompetent children (in general less than 10% was immunosuppressed population), mainly due to bacterial infection complications. Average length of stay was 4.0- 9.4 days, with ICU admission from 0.6% to 21.8%. Higher length of stay and ICU admission were seen in studies reporting nosocomial infections and with a higher proportion of immunosuppressed populations. Prescription medication use ranged from 44.0%-94.9% for inpatients and 26.7%-94.7% for outpatients, while over-the-counter medications ranged from 71.4%-89.7% and 55.6%-89.0%, respectively. Nine post-one-dose UVV studies showed significant decrease in hospitalizations (Argentina, Brazil, Costa Rica, Uruguay), nosocomial varicella outbreaks (Argentina) and outpatient consultations (Uruguay) in eligible and non-eligible populations for vaccination, although the proportion of hospitalizations

and causes for admission by age group remained relatively consistent. Two studies evaluating post-two-dose periods (Brazil and Colombia) showed greater reduction in hospitalizations compared to pre-UVV and one-dose UVV periods.

Conclusions:

This review highlights the substantial varicella associated HCRU, primarily driven by hospitalization and prescription medication in immunocompetent children. The introduction of UVV programs, especially the two-dose schedule, has notably reduced HCRU, underscoring the need to continue expansion and optimization of UVV programs to reduce the healthcare burden of varicella in LAC.

Table 1. Summary of Key Outcomes in Varicella Healthcare Resource Utilization Studies by country in Latin America and the Caribbean

Country	Study period		Inpatients						Outpatients			
	pre-UVV period	pre and post-UVV period	Mean length of Stay (days)	% ICU admission	% prescribed medications	% of antibiotics	% of a cyclovir or antiviral	OTC	% prescribed medications	% of antibiotics	% of a cyclovir or antiviral	OTC
Argentina	3	1	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
Brazil	3	6	✓	✓	✓	✓	✓	✗	✓	✓	✗	✓
Chile	2	NA	✓	✓	✓	✓	✓	✗	✓	✓	✓	✓
Colombia	2	1	✓	✓	✓	✓	✗	✓	✓	✓	✗	✗
Costa Rica	0	1	✓	✗	✗	✗	✗	✗	✗	✗	✗	✗
Guatemala	1	NA	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✗	✗	✗	✗
Honduras	1	NA	✓	✗	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✗
Mexico	3	NA	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
Panama	1	1	✓	✗	✗	✓	✓	✓	✗	✗	✗	✗
Peru	3	NA	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
Uruguay	NA	1	✓	✗	✗	✗	✗	✗	✗	✗	✗	✗

NA- not available, ICU- intensive care unit, OTC- over the counter, UVV- universal varicella vaccination *No studies described only post-UVV period.



Country	Vaccine Type	Doses	Introduction Year 1st dose, 2nd dose
Antigua and Barbuda	Monovalent	1	2017
Argentina	Monovalent	2	2015, 2022
Bahamas	Monovalent	2	2012
Barbados	Monovalent	1	2012
Brazil	Monovalent/ Quadrivalent	2	2013, 2018
Chile	Monovalent	2	2020, 2022
Colombia	Monovalent	2	2015, 2019
Costa Rica	Monovalent	2	2007*
Ecuador	Monovalent	1	211
El Salvador	Monovalent	2	2023*
Panama	Monovalent	2	2014, 2018
Paraguay	Monovalent	2	2013, 2020
Peru	Monovalent	1	2018
Trinidad & Tobago	Monovalent	2	2012, 2022
Uruguay	Monovalent	2	1999, 2014

* Second dose approved but not yet implemented

Figure 1. Universal varicella vaccination programs in Latin America and the Caribbean, as of January 2025

K001 - Epidemiología de la supuración pleuropulmonar en un hospital pediátrico de alta complejidad: 2022-2024

Epidemiology of pleuropulmonary suppuration in a high-complexity pediatric hospital: 2022–2024

María José Romero¹, Adela Isasmendi¹, Sofía Abel¹, María Elena Venuta¹, Vanesa Reijtman¹,
Fernando Berrondo¹, José Luis Pinheiro¹, Alejandra Mastroianni¹, Daniela Borgnia¹, Diana Viale¹,
Andrea Mangano¹, Guadalupe Pérez²

¹ Servicio de Microbiología, Hospital de Pediatría Prof. Dr. Juan P Garrahan, mariajoseromero.c19@gmail.com, adelaisasmendi@gmail.com, sofiaabel641@gmail.com, mariaelenavenuta@gmail.com, rvreijtman@gmail.com, fernando.berrondo89@gmail.com, joselpinheiro@yahoo.com.ar, ale5378@yahoo.com.ar, md_borgnia@yahoo.com.ar, Dviale@garrahan.gov.ar, andreammangano@gmail.com

² Servicio de Epidemiología e Infectología, Hospital de Pediatría Prof. Dr. Juan P. Garrahan, guaperez@gmail.com

Introducción:

La supuración pleuropulmonar constituye una de las principales complicaciones de la neumonía aguda de la comunidad (NAC) en la edad pediátrica. *Streptococcus pneumoniae* (Spn) es el principal agente etiológico; sin embargo el aumento de las infecciones por *Staphylococcus aureus* (SAU) y la pandemia COVID-19 han modificado la epidemiología de esta enfermedad.

Objetivo(s):

Describir las características clínicas y epidemiológicas de los pacientes con NAC y derrame pleural con confirmación microbiológica.

Métodos:

Se incluyeron 26 pacientes menores de 18 años, admitidos desde enero de 2022 hasta abril de 2024, con NAC y derrame pleural con cultivo bacteriológico y/o PCR para el gen *lytA* positivos en muestras estériles.

Resultados:

Trece pacientes (50%) eran niñas. La mediana (Me) de edad fue 36 meses (RIC 23–69). Cuatro pacientes presentaban enfermedad de base. Se identificaron coinfecciones virales en 10 pacientes (38%) (n:3 Virus sincicial respiratorio, n:3 Rhinovirus, n:2 Influenza A, n:1 Pancoronavirus y n:1 Enterovirus). La Me de leucocitos fue de 19.000/mm³ (RIC 12.000–23.000) y la de proteína C reactiva fue 263 UI/L (RIC 177–307). Todos los pacientes recibieron tratamiento empírico. Los antibióticos indicados fueron: ceftriaxona 77%, ampicilina 19% y ampicilina-sulbactam 4%. Se combinó con vancomicina en 11% y clindamicina en 27%. La Me de duración en días del antibiótico parenteral fueron 10 días. Spn fue el agente etiológico más frecuente (n:15, 58%), con detección en hemocultivos (n:5) y en líquido pleural (LP) (n:10). Mediante PCR, Spn fue identificado en 10/10 muestras de LP, y en 2/10 también por métodos convencionales. Además, se identificaron SAU en 19% (n:5, 3 resistentes a meticilina), *Streptococcus*

pyogenes en 11% (n:3) y *Streptococcus intermedius* en 4% (n:1). En el 8% (n:2) el cultivo fue polimicrobiano. El 31% (n:8) de los casos presentó bacteriemia.

Conclusiones:

En esta cohorte de niños con NAC y derrame pleural, predominaron los niños sin comorbilidad previa, con leucocitosis y elevación de proteína C reactiva. Las coinfecciones virales fueron frecuentes. Spn predominó como agente etiológico. La PCR se destaca como la técnica más sensible y específica para su detección.

K002 - Caracterización clínica epidemiológica de pacientes pediátricos del Hospital Roosevelt de Guatemala con infección por *Mycoplasma pneumoniae*

Clinical and epidemiological characterization of pediatric patients with *Mycoplasma pneumoniae* infection at Hospital Roosevelt, Guatemala

Walter Alejandro Muñoz Flores¹, Mario Augusto Melgar Toledo²

¹ Universidad de San Carlos de Guatemala, Guatemala, walteralejandrof@gmail.com

² Universidad de San Carlos de Guatemala, Guatemala, mariomelgart@gmail.com

Palabras clave: *Mycoplasma pneumoniae*, Características clínicas, epidemiología.

Introducción:

Mycoplasma pneumoniae es una bacteria exclusiva del ser humano (1). Según la Centers Disease Control (CDC) desde marzo de 2024 la incidencia ha aumentado y se ha mantenido elevada; pacientes de 2-4 años pasó de 1% a 7.2% y en pacientes de 5-17 años pasó de 3.6 a 7.4% (2,3). Denota la importancia de tener una alta sospecha clínica en todas las edades y el posible impacto en el sistema de salud.

Objetivo(s):

Describir las características clínicas y epidemiológicas del reciente aumento de casos de *Mycoplasma pneumoniae* en el periodo de agosto 2024 a enero 2025 en el Hospital Roosevelt de Guatemala

Métodos:

Estudio retrospectivo de pacientes pediátricos ingresados en el Hospital Roosevelt de Guatemala entre agosto 2024 y enero 2025 con diagnóstico por reacción en cadena de polimerasa (PCR por siglas en inglés) para *Mycoplasma pneumoniae*.

Se revisó el expediente médico donde se obtuvo información como sexo, edad, manifestaciones pulmonares, manifestaciones extrapulmonares, diagnóstico radiológico de neumonía, manifestaciones extrapulmonares, reactantes de fase aguda, glóbulos blancos, comorbilidades y presencia de coinfección. Esto fue tabulado en una Hoja de Excel para favorecer su análisis, mediante medidas de tendencia central.

El estudio no conlleva implicaciones éticas ya que no pretende intervenir en el manejo médico del paciente ni exponer información personal de los casos.

Resultados:

Se obtuvo una muestra de 21 pacientes con PCR positiva para *M. pneumoniae*. El 67% eran de sexo masculino. La presentación clínica fue predominantemente pulmonar con un 95% de los casos presentándose con tos y desaturación al momento del ingreso. Los hallazgos radiográficos mostraron un infiltrado neumónico en 76% de los pacientes, presentaban un Infiltrado unilateral en el 19% y bilateral en un 57%. Los laboratorios demostraron leucocitosis en 38% de los casos y reactantes de fase aguda elevados en 62%. Se identificó otros 7 patógenos junto a *M. pneumoniae* como Rhinovirus/enterovirus en un 38% y *Chlamydomphila pneumoniae* en 10%, el resto como *Haemophilus influenzae*, Metapneumovirus, Virus sincitial Respiratorio, Influenza y Parainfluenza solo presentaron un caso cada uno. Comorbilidades asociadas se identificó Síndrome de Down en un 19% de los casos seguido de asma, cardiopatía congénita acianógeno y parálisis cerebral infantil en un 10%.

Conclusiones:

- El aumento en la incidencia de *Mycoplasma pneumoniae* se relaciona con un aumento en todos los grupos de edad.
- Las principales manifestaciones clínicas fueron las pulmonares, pero sí se evidencia un aumento significativo de los casos que ameritaron hospitalización.

Tabla 1. Características clínicas y epidemiológicas de pacientes pediátricos del Hospital Roosevelt de Guatemala con infección por *Mycoplasma pneumoniae*

Variable	Número de pacientes	Porcentaje
Sexo		
Masculino	14	67%
Femenino	6	29%
Edad		
Lactante menor	4	19%
Lactante mayor	5	24%
Preescolar	3	14%
Escolar	8	38%
Adolescente	1	5%
Manifestaciones pulmonares		
Tos	20	95%
Fiebre	13	62%
Congestión nasal	5	24%
Uso de músculos accesorios	15	71%
Estertores crepitantes	9	43%
Sibilancias	12	57%
Desaturación	20	95%
Diagnóstico radiológico de neumonía		
Infiltrado bilateral	12	57%
Infiltrado unilateral	4	19%
Normal	5	24%
Manifestaciones extrapulmonares		
		0%
Diarrea	2	10%
Vómitos	3	14%
Lesiones mucocutáneas	0	0%
Anemia hemolítica	0	0%
Reactante de fase aguda		
Positiva	13	62%
Negativa	8	38%

Tabla 1. (Continuación).

Variable	Número de pacientes	Porcentaje
Glóbulos blancos		
Leucocitosis	8	38%
Normal	13	62%
Leucopenia	0	0%
Coinfección		
<i>Haemophilus influenzae</i>	1	5%
Rhinovirus/Enterovirus	8	38%
Metapneumovirus	1	5%
<i>Chlamydophila pneumoniae</i>	2	10%
VSR	1	5%
Influenza	1	5%
Parainfluenza 2	1	5%
Comorbilidades		
Síndrome de down	4	19%
PCI	2	10%
Hipotiroidismo	1	5%
Asma	2	10%
Cardiopatía congénita acianógena	2	10%

K003 - Frecuencia de *Escherichia coli* diarrogénica y parásitos intestinales en niños y su asociación con el estado nutricional en comunidades de Iquitos

Frequency of diarrheagenic *Escherichia coli* and intestinal parasites in children and their association with nutritional status in communities of Iquitos

Evelyn García Arámbulo¹, Lucy Brown², David Durand Vara³, Theresa Ochoa Woodell⁴

¹ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia (UPCH), Perú, evelyn.garcia.ar@gmail.com

² Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia (UPCH), Perú, lucyb812@gmail.com

³ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia (UPCH), Perú, david.durand@upch.pe

⁴ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia (UPCH), Perú, theresa.ochoa@upch.pe

Palabras clave: *E. coli* diarrogénica; Parásitos intestinales; Puntaje Z.

Introducción:

La enfermedad diarreica aguda (EDA) puede ser causada por múltiples agentes como parásitos, virus y bacterias; en Perú aumenta anualmente, se reportaron 1,406,604 de casos en el año 2024.

Los casos subclínicos pueden repercutir de forma negativa en el índice antropométrico: puntaje Z, que se asocia con enfermedades crónicas y bajo desempeño escolar.

La población rural en Iquitos abarca 31.3%, no cuenta con conexión a la red energética nacional ni conexión vial con otros departamentos lo que repercute en necesidades básicas; además, se ha reportado índice de anemia infantil y desnutrición crónica.

Objetivo(s):

- Identificar y estimar la frecuencia de muestras positivas para *E. coli* diarrogénicas (DEC, por su siglas en inglés) mediante PCR múltiple en tiempo real (qPCR).
- Describir la presencia de parásitos intestinales pre-analizados.
- Establecer una asociación entre la presencia de parásitos intestinales y/o DEC con el estado nutricional mediante el puntaje Z.

Métodos:

El presente estudio es observacional de diseño transversal y retrospectivo. Se recolectaron muestras y datos de 118 niños de un año de comunidades periurbanas de Iquitos, cuyas madres participaron del Estudio "ZIP" (Zika in Infants and Pregnancy). Las muestras de heces fueron analizadas por examen directo, método Kato-Katz, y qPCR (Tabla 1). El puntaje Z se analizó con el software Anthro V 3.2.2, niños no colonizados y colonizados, e ingreso en R (Figura 1). El presente estudio cuenta con la aprobación del comité de ética de la UPCH, además del permiso de los apoderados mediante consentimiento informado.

Resultados:

Se encontró que el 7.63% de las muestras fueron portadoras de DEC. Se detectó una frecuencia de 12.17% en el análisis parasitológico siendo más frecuente *Ascaris* spp.

Se encuentran deficiencias nutricionales en ambos grupos; en peso para la edad (P/E) se observa una leve diferencia, la mediana es más baja en colonizados (-0.37 vs. -0.245) sugiriendo que este grupo podría estar más afectado. En

los tres indicadores los no colonizados tienen valores más dispersos, por el contrario, aquellos colonizados están más concentrados dentro de desviaciones estándar que indicarían riesgo nutricional.

Conclusiones:

- El 25.96% de las muestras fueron positivas demostrando mayor colonización parasitaria que bacteriana, además de un caso de coinfección.
- Las diferencias entre los niños colonizados y no colonizados no son significativas debido al tamaño de la muestra; sin embargo, se observa una ligera tendencia que demuestra que aquellos colonizados podrían estar más afectados.

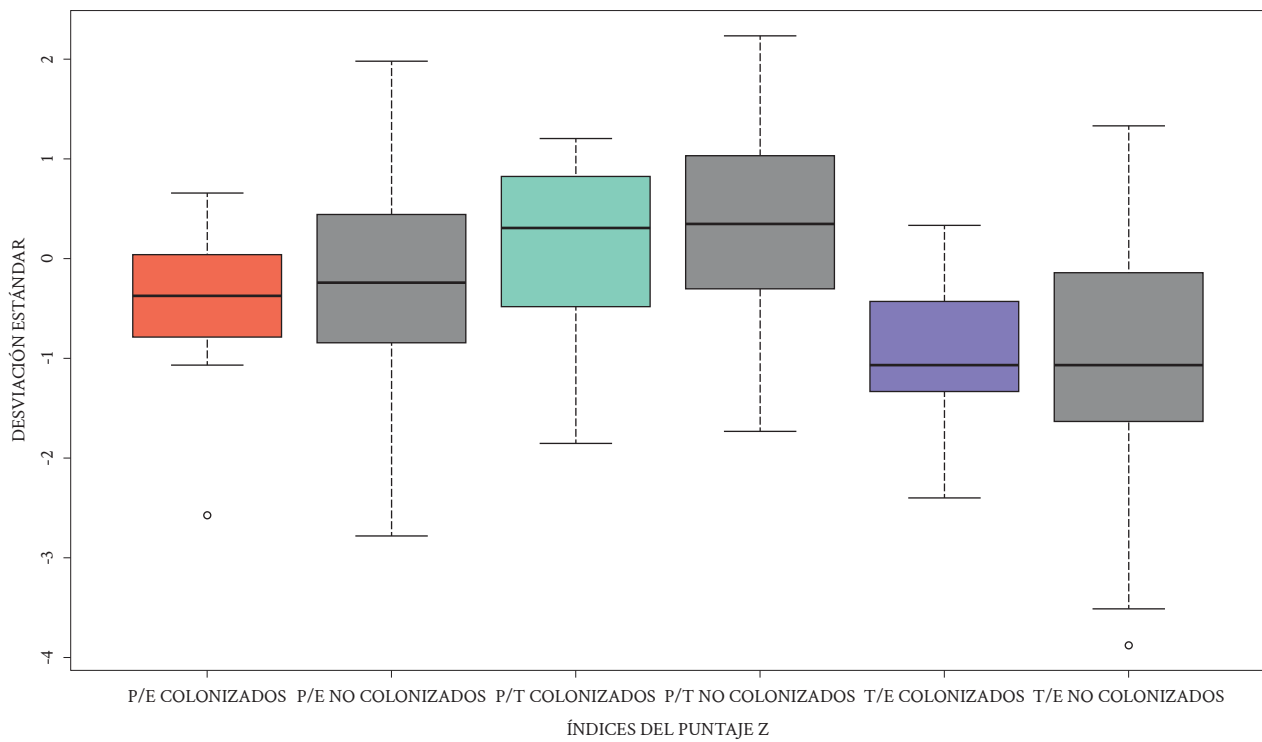
Tabla 1. Frecuencia de DEC y parásitos intestinales

A	Patotipo	Gen	Número de genes encontrados	Total (n=118)
	EAEC	aggR	3	3 (2.54 %)
	ETEC	St (1a/1b)	3	3 (2.54 %)
	EPEC	eaeA	1	1 (0.85 %)
	EHEC	Stx1	-	-
		Stx2	-	-
		eaeA	-	-
	EIEC	ipaH	1	1 (0.85 %)
	DAEC	daaD	1	1 (0.85 %)
	Total			9 (7.63%)

B	Parásitos	Heces directo(n=115)*	Kato-Katz (n=115)*
	Protozoarios		
	<i>Giardia</i> spp.	3 (2.61 %)	0 (0 %)
	Helmintos		
	<i>Ascaris</i> spp.	10 (8.70 %)	11 (9.57 %)
	<i>Strongyloides</i> spp.	1 (0.87 %)	0 (0 %)
	<i>Trichuris</i> spp.	1 (0.87 %)	3 (2.61 %)
	Total	14 (12.17%)	11 (9.57 %)

Nota. La Tabla 1-A representa a los patotipos positivos a DEC en las muestras analizadas por qPCR. La Tabla 1-B representa las muestras de heces positivas al análisis por el método de heces directo y Kato Katz.

Por sus siglas en inglés: EAEC, *E. coli* enteroagregativa; ETEC, *E. coli* enterotoxigénica; EPEC, *E. coli* enteropatógena; EHEC, *E. coli* enterohemorrágica; EIEC, *E. coli* enteroinvasiva; DAEC, *E. coli* de adherencia difusa. *Se analizaron 115 muestras en el examen parasitológico debido a la falta de 3 de ellas



Nota. P/E hace referencia al peso para la edad en el puntaje Z. P/T hace referencia al peso para la talla en el puntaje Z. T/E hace referencia a la talla para la edad en el puntaje Z.

Figura 1. Distribución del puntaje Z en niños colonizados y no colonizados

L001 - Calidad de vida relacionada a la salud de pacientes pediátricos con infecciones recurrentes. Primera experiencia en Paraguay

Health-Related quality of life in pediatric patients with recurrent infections: first experience in Paraguay

Sara Stefanía Benegas Coronel¹, Diana Leticia Sanabria Martínez², Celia Martínez de Cuellar³, Zoilo Ayala Morel⁴, Vivian Giménez Bareiro⁵, Ana Godoy⁶

¹ Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud – Universidad Nacional de Asunción, Paraguay, sbenegas@iics.una.py

² Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud – Universidad Nacional de Asunción, Paraguay, dsanabria@iics.una.py

³ Instituto de Medicina Tropical, Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social, Paraguay, zhelia.martinez@yahoo.com

⁴ Hospital de Clínicas, Facultad de Ciencias Médicas – Universidad Nacional de Asunción, Paraguay, zoiloma@hotmail.com

⁵ Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud – Universidad Nacional de Asunción, Paraguay, vgimenez@iics.una.py

⁶ Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud – Universidad Nacional de Asunción, Paraguay, agodoy@iics.una.py

Palabras clave: Infección recurrente, calidad de vida, CVRS, pediatría

Introducción:

Las infecciones recurrentes (IR) pueden afectar la calidad de vida de los niños en los aspectos emocional, físico, escolar, psicosocial, provocando problemas de salud y elevados costos. En Paraguay no existen datos de calidad de vida relacionada a la salud (CVRS) en niños con IR.

Objetivo:

Evaluar la CVRS de pacientes pediátricos con IR que acudieron al Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud (IICS) de Paraguay, periodo 2024.

Métodos:

Estudio observacional descriptivo y transversal. Se incluyeron a pacientes con IR, de 2 a 17 años de edad, que acudieron al IICS de agosto a diciembre de 2024 para evaluación inmunológica por el laboratorio. Se aplicó el cuestionario PedsQL 4.0 para medir las puntuaciones de CVRS total y en las dimensiones física, emocional, social, escolar y psicosocial. Se recolectaron variables clínico-demográficas y se estudió su relación con la CVRS. Los datos fueron analizados con el programa estadístico SPSS (IBM Corp.) El protocolo de trabajo fue aprobado por el Comité de Ética en Investigación del IICS (P11/2024).

Resultados:

Se evaluaron 30 pacientes, la mediana de edad fue de 6 años (RIQ: 5-10), con leve predominio del sexo femenino (53%) y la mayoría provenía de Asunción (Capital) o Central (70%). Un 38% se ausentaba frecuentemente a

las escuelas por las IR, predominaron las infecciones respiratorias (50%) y las alergias (53%). Las puntuaciones promedio de CVRS, para cada dimensión y la total, en los pacientes pediátricos fueron bajas (54.07 a 73.18). Las puntuaciones de CVRS según la percepción de los padres presentaron promedios similares (49.18 a 72.22), con la puntuación promedio más baja en la dimensión emocional, tanto en los pacientes pediátricos como según la percepción de sus padres. No se observaron diferencias significativas ($p>0.05$) entre ambos grupos, tampoco se observó diferencia ($p>0.05$) de las puntuaciones de CVRS según grupos etarios y características clínico-demográficas como procedencia, número de infecciones al año, tipo de IR, entre otras.

Conclusiones:

La CVRS fue baja en todas las dimensiones y se describieron variables clínico-demográficas que podrían influir en la calidad de vida de los pacientes. Se aportaron los primeros datos a nivel local sobre el tema, lo que podría contribuir al establecimiento de políticas públicas para mejorar la calidad de vida de los niños afectados por IR.

Tabla 1. Puntuación de la CVRS por dimensiones en los pacientes pediátricos evaluados y según la percepción de sus padres.

Dimensiones de CVRS	Puntuación CVRS - PP			Puntuación CVRS - Padres			Valor p ^a
	Promedio	DS	RT	Promedio	DS	RT	
Salud física (SF)	59.56	22.20	10 - 95	53.47	25.99	0 - 100	0.397
Estado emocional (EE)	54.07	25.60	12.50 - 100	49.18	23.02	6.2 - 100	0.499
Actividades sociales (AS)	73.18	21.75	17 - 100	72.22	19.97	33.3 - 100	0.867
Actividades escolares (AE)	60.50	27.08	8.30 - 100	51.44	27.13	0 - 100	0.263
Estado psicosocial (ES)	61.73	17.27	20 - 92.50	56.19	16.40	25 - 93	0.270
Total	61.01	16.39	23.33 - 86.67	56.52	17.40	31.67 - 95.83	0.344

PP: pacientes pediátricos; a comparación de las puntuaciones de CVRS entre pacientes y padres por la prueba t-pareada ($n=23$ y $p<0.05$); DS: desviación estandar. RT: rango total.

Tabla 2. Caracterización clínico-demográfica de la población de estudio. (n=30)

Características	Frecuencia (n)	Porcentaje (%)
Masculino/Femenino	14/16	47/53
Procedencia		
Asuncion o Dep. Central	21	70
Interior del país	9	30
Situación educativa (n=26) ^a		
Asiste normalmente ^b	14	54
Ausencias frecuentes por IR	10	38
Ingreso salarial		
Menor o igual salario mínimo	13	43
Superior a un salario mínimo	17	57
Manifestación clínica (≥ 2 episodios/año)		
ITRS	15	50
ITRI	12	40
Otitis y/o sinusitis	12	40
Adenopatías	13	43
Fiebre sin etiología	15	50
Infecciones cutáneas	7	23
Infección gastrointestinal	11	38
Infección severa y/o factor de severidad		
Sepsis y/o neumonía grave	5	17
Abscesos	8	27
ATB intravenosos	25	83
Hospitalización	21	70
Ingreso a (UTI)	11	37
Presencia de enfermedad alérgica		
Asma y/o RA	13	43
Alergia alimentaria y/o DA	3	10
Antecedentes familiares		
Padre y/o madre con alergia	16	53
Hermano/a con IR	6	20
Muerte infantil temprana	7	23
Dx. actual		
Enfermedad alérgica/Otros ^c	9/7	30/23
Sin diagnóstico	14	47

^a pacientes en edad escolar, ^b dos pacientes asistían a la escuela desde el hospital; ITRS: infección del tracto respiratorio superior; ITRI: infección del tracto respiratorio inferior; RA: rinitis alérgica; DA: dermatitis atópica; ATB: antibióticos; ^c síndrome autoinflamatorio, neutropenia, síndrome hematológico, fibrosis quística, enfermedad granulomatosa crónica

L002 - Caracterización de las complicaciones por dengue durante los años 2018 a 2021 en la región Cusco, Perú

Characterization of Dengue Complications From 2018 to 2021 in the Cusco Region, Peru

Concha Velasco Fátima Rosario¹, Seas Ramos Carlos², Otero Vega Larissa³

¹ Hospital Antonio Lorena, Cusco. Universidad Nacional San Antonio Abad del Cusco, fatima.concha.v@gmail.com

² Hospital Cayetano Heredia. Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt – Universidad Peruana Cayetano Heredia, carlos.seas@upch.pe

³ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt – Universidad Peruana Cayetano Heredia, larissa.otero.v@upch.pe

Palabras clave: dengue, comorbilidad, complicaciones

Introducción:

El dengue afecta a más de 120 países con 100 millones de infecciones por año. El número de hospitalizaciones anuales por dengue es de aproximadamente 500,000. La región de Cusco, Perú durante el 2018 tuvo una tasa de notificación de 1.9 x 10,000 casos de dengue.

Objetivo(s):

Caracterizar las complicaciones por dengue en la región Cusco, Perú, durante los años 2018 a 2021.

Metodología:

Se realizó un estudio retrospectivo transversal para caracterizar las complicaciones por dengue entre los años 2018-2021 en la región de Cusco, Perú. Se incluyeron todos los registros de la vigilancia epidemiológica de dengue en la región de Cusco, Perú registrándose el sexo, edad, comorbilidades, episodios de infección por dengue y período de tiempo (2018-2019 y 2020-2021). El dengue con complicaciones se definió como la presencia de signos de alarma, hospitalización o muerte hasta los 30 días del diagnóstico. Además, a través de un modelo de regresión de Poisson de múltiples variables se estimó el efecto de la asociación entre las comorbilidades y complicaciones por dengue.

Resultados:

Se evaluaron 1729 casos confirmados de dengue. La mayoría de los casos confirmados de dengue correspondieron al primer episodio de dengue (97.3%), con edades entre 30- 59 años (47.0%), con una proporción similar entre varones y mujeres (48.6% versus 51.4%). La tasa de notificación de dengue durante el período 2018-2019 fue de 17.2 x 100,000 habitantes por año y durante el período 2020-2021 fue de 27.3 x 100,000 habitantes por año en la región de Cusco, Perú (Figura 1).

En el periodo de estudio hubo un 3.18% (55/1729) de complicaciones por dengue. La frecuencia de complicaciones por año fue de 3.0% (1/33) para el 2018, 15.4% (2/13) para el 2019, 5.0% (40/804) para el 2020 y 1.5% (12/827) para el 2021.

En el análisis multivariado se encontró que hubo más complicaciones asociadas a dengue con la edad de: 0-11 años (PR 4.35 IC95% 1.46-12.92, p=0.008), 30-59 años (PR 2.93 IC95% 1.22-6.99, p=0.016), mayores de 60 años (PR 2.92 IC95% 0.91-9.31, p=0.070) y con las comorbilidades (PR 2.59 IC95% 1.20-5.61, p=0.016). Además, hubo menos complicaciones asociadas a dengue con el período 2020-2021 (PR 0.31 IC95% 0.17-0.55, p<0.001) (Tabla 1).

Conclusiones:

Las complicaciones por dengue estuvieron asociadas a la edad (< 12 años, 30-59 años, > 60 años) y a la presencia de comorbilidades. Así como hubo menos frecuencia de dengue con complicaciones en el período 2020-2021 en comparación al periodo 2018- 2019

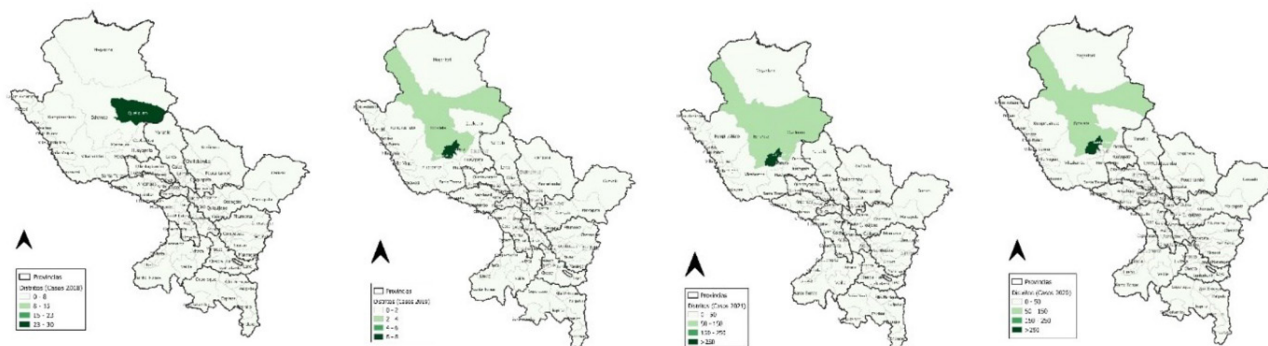


Figura 1. Mapas geográficos de dengue x 10,000 habitantes durante los años 2018 a 2021, en la región de Cusco, Perú

Tabla 1. Análisis de regresión bivariado y de múltiples variables de la caracterización de complicaciones por dengue durante los años 2018-2021, región Cusco. (N=1729)

Variables		Dengue con complicaciones (N=55)	Dengue sin complicaciones (N=1674)	Modelo Crudo			Modelo Ajustado*		
				PR	IC 95%	p	PR	IC 95%	p
Sexo									
	Femenino	34 (3.8%)	854 (96.2%)	Referencia					
	Masculino	21 (2.5%)	820 (97.5%)	0.64	0.37-1.12	0.118	0.61	0.35-1.07	0.087
Edad - años									
	18-29	6 (1.4%)	431 (98.6%)	Referencia			Referencia		
	0-11	8 (5.3%)	144 (94.7%)	3.99	1.36-11.70	0.012	4.35	1.46-12.92	0.008
	12-17	2 (0.9%)	200 (99 %)	0.72	0.14-3.59	0.687	0.830	0.16-4.26	0.830
	30-59	32 (3.9%)	781 (96.1%)	2.94	1.22-7.10	0.016	2.93	1.22-6.99	0.016
	>60	7 (5.6%)	118 (94.4%)	4.26	1.40-12.93	0.010	2.92	0.91-9.31	0.070
Comorbilidad									
	No	9 (8.7%)	94 (91.3%)	Referencia			Referencia		
	Si	46 (2.9%)	1519 (97.1%)	3.16	1.50-6.66	0.002	2.59	1.20-5.61	0.016
Episodio									
	≤ 1	53 (3.2%)	1630 (96.9%)	Referencia					
	>1	2 (4.4%)	44 (95.7%)	1.40	0.33-5.92	0.649			
Período de tiempo									
	2018-2019	21 (7%)	278 (93%)	Referencia			Referencia		
	2020-2021	34 (2.4%)	1396 (97.6%)	0.32	0.18-0.56	<0.001	0.31	0.17-0.55	<0.001

* Modelo ajustado por criterios de AIC en base a período de tiempo, edad, sexo y comorbilidad

L003 - Seroprevalencia de cisticercosis en cerdos y factores asociados en zonas rurales de Andahuaylas, Apurímac

Seroprevalence of Cysticercosis in Pigs and Associated Factors in Rural Areas of Andahuaylas, Apurímac

Aldo Alim Valderrama Pomé¹, Martin Equicio Pineda Serruto², William Marcelino Quispe Paredes³, Clemente Ochoa Cáceres⁴, Nathaly Velarde Warthon⁵

¹ Universidad Nacional Micaela Bastidas de Apurímac, alimvalderrama@gmail.com

² Universidad Nacional Micaela Bastidas de Apurímac, equicio@gmail.com

³ Instituto Nacional de Salud, willyqp1701@gmail.com

⁴ Servicio Nacional de Sanidad Agraria Apurímac, cochoa@senasa.gob.pe

⁵ Dirección Regional de Salud Apurímac, nathalyvelarde@hotmail.com

Palabras clave: *Cysticercus cellulosae*, seroepidemiología, cerdos, animales de crianza

Introducción:

La cisticercosis es una infección parasitaria zoonótica que se produce en cerdos y humanos, causada por la tenia del cerdo (*Taenia solium*), por lo que constituye un problema para la salud pública. En el cerdo los cisticercos se localizan en los tejidos musculares esqueléticos y cardiacos. La prevalencia en la provincia de Andahuaylas es 23%. Asimismo, el Ministerio de Salud reportó que entre 12.2-13% de individuos de zonas urbanas y rurales están infectados. Esta parasitosis genera neurocisticercosis en los humanos, originando pérdidas económicas en los criadores de porcinos, debido al contacto de los cerdos con las deposiciones de las personas.

Objetivo(s):

El objetivo de la investigación fue determinar la asociación entre la cisticercosis en cerdos y los factores correspondientes con la crianza de traspatio de predios de sectores rurales del distrito de José María Arguedas, en la provincia de Andahuaylas, región Apurímac.

Métodos:

La investigación fue observacional, de nivel básico, transversal y analítica y se realizó el año 2024. El protocolo del estudio fue aprobado por el Comité de Ética de la Dirección Regional de Salud de Apurímac. Los datos se recabaron con el consentimiento informado de los propietarios de los cerdos. El tamaño de muestra fue de 246 cerdos elegidos mediante un muestreo aleatorio simple; seguidamente, las viviendas de los criadores fueron identificadas utilizando la base de datos SIGSA del Servicio Nacional de Sanidad Agraria del Perú. Fueron obtenidas cinco muestras serológicas de los porcinos en cada predio, para luego ser analizadas mediante el ensayo ligado a inmunoabsorción ELISA. El procesamiento y análisis estadístico de la información recabada se efectuó con los programas Excel para Windows 2010 y Epidat 4.2.

Resultados:

La seroprevalencia de cisticercosis en los porcinos fue de 14.7% (IC95%=10.1-19.3). Las prevalencias más elevadas se reportaron en los centros poblados Checche (60%), Sacclaya (20%) y Huancabamba (16.4%). Se determinó que, la cisticercosis de los cerdos estuvo asociada con el sexo de sus propietarios ($p<0.05$) y con el conocimiento de que las personas pueden contagiarse ($p<0.05$). Consiguientemente, los cerdos criados por mujeres tuvieron más riesgo de tener cisticercosis en comparación con los cerdos criados por varones (OR=3.2; IC95%=1.3-8.2; $p=0.015$).

L004 - Nuevos horizontes en la respuesta integrada para VIH/sífilis: experiencia de un centro de estrategias combinadas para la prevención en Buenos Aires

New Horizons in the Integrated Response to HIV/Syphilis: Experience of a Combined Prevention Strategies Center in Buenos Aires

David Giménez Pared¹, Laura Lage², Lucia Cognigni³, Inés Zapiola⁴, Laura Fontana⁵, Lilia Mammana⁶, Jose Luis Francos⁷, María B. Bouzas⁸

¹ Departamento de Urgencias, Hospital de Enfermedades Infecciosas F.J. Muñiz, Argentina, David.gimenezpared@gmail.com

² Departamento de Urgencias, Hospital de Enfermedades Infecciosas F.J. Muñiz, Argentina, Liclauralage@gmail.com

³ Departamento de Urgencias, Hospital de Enfermedades Infecciosas F.J. Muñiz, Argentina, Lu.cognigni@gmail.com

⁴ Unidad de Virología, Hospital de Enfermedades Infecciosas F.J. Muñiz, Argentina, izapiola@hotmail.com

⁵ Sección Bioquímica, Hospital de Enfermedades Infecciosas F.J. Muñiz, Argentina, laurafontana@buenosaire.gob.ar

⁶ Unidad de Virología, Hospital de Enfermedades Infecciosas F.J. Muñiz, Argentina, muniz_virologia@buenosaires.com

⁷ Departamento de Infecciosas Hospital de Enfermedades Infecciosas F.J. Muñiz, Argentina, jl_franc@hotmail.com

⁸ División Análisis Clínicos, Hospital de Enfermedades Infecciosas F.J. Muñiz, Argentina, mariabbouzas@gmail.com

Palabras clave: Estrategias combinadas, VIH/SIFILIS, pruebas rápidas

Introducción:

El centro de estrategias combinadas (CEC) para la prevención de VIH/ITS en el hospital de enfermedades infecciosas se ofrecen pruebas rápidas (TR DUO) confidenciales y gratuitas para VIH/sífilis. La incorporación de tecnología portátil para carga viral y CD4 permite avanzar en el acceso al diagnóstico y tratamiento.

Objetivo(s):

Evaluar la implementación de técnicas para la detección de RNA-VIH y CD4 a través de equipos portátiles, por punción digital en el CEC, y analizar su impacto en el inicio de TARV.

Métodos:

Periodo de estudio: septiembre 2024 - enero 2025. Se diseñó una prueba piloto comparando dos grupos de pacientes: los diagnosticados y tratados en el CEC (P-PIMA), y aquellos cuyo inicio de tratamiento se realiza mediante turno programado en consultorio externo (N-PIMA). Ambos inician su diagnóstico a través del TRDUO en el CEC. El grupo P- PIMA es confirmado mediante detección cualitativa de RNA (m-PIMATM HIV-1/2, Abbott) y recuento de CD4 (PIMATM CD4, Abbott) por punción digital; el grupo N-PIMA sigue el algoritmo convencional. Previo al uso de los equipos portátiles, se realizó una capacitación para todos los operadores (enfermeras (5), médicos (2)), quienes completaron una encuesta de aceptabilidad.

Resultados:

En el periodo estudiado asistieron al CEC 1.256 pacientes: 72 resultaron tener TR VIH positivo (5.7%), 153 TR Sífilis positivo (12.2%), y 12 pacientes (16.7%) presentaron confesión. De los 72 pacientes con VIH, 39 participaron en la prueba (P-PIMA) y 33 no lo hicieron (N-PIMA). En el grupo P-PIMA, el 97.5% (38/39) presentó ARN detectable, confirmado mediante carga viral (m-2000, Abbott). La mediana de carga viral fue de 46,838 copias/ml y la concordancia con la detección de RNA fue del 100%. Se registró un caso de falso positivo en TRDUO para VIH. La correlación entre citometría y PIMA- CD4 fue de 0.95 (correlación de Pearson; $p < 0.001$). La media de tiempo de inicio de TARV fue de 2.5 +/-1.8 días para P-PIMA y de 16.3 +/- 5.25 días para N-PIMA ($p < 0.001$). La distribución por género fue similar en ambos grupos: 40.8% fueron varones cis heterosexuales (22), 22.2% varones

cis HSH (12), 35.1% mujeres cis (19) y 1.8% mujeres trans (1). Los operadores (57%) señalaron como desventaja la dificultad en la punción digital para CD4 y como ventaja (100%) el tiempo de obtención de resultados

Conclusiones:

La prueba piloto demostró aceptabilidad y factibilidad en el contexto del CEC, y el tiempo al inicio de tratamiento fue estadísticamente menor.

L005 - Factores asociados a la presencia de *Triatoma carrioni* y su potencial capacidad vectorial para la enfermedad de Chagas en el norte del Perú

Factors Associated with the Presence of *Triatoma carrioni* and Its Potential Vector Capacity for Chagas Disease in Northern Peru

Claudia Rebeca Arevalo Nieto¹, Michael Z. Levy²

¹ Universidad Peruana Cayetano Heredia Lima-Perú, claudia.arevalo.n@upch.pe

² Universidad de Pensilvania-USA, mzlevy@gmail.com

Palabras clave: Enfermedad de Chagas, vigilancia vectorial, *T. carrioni*, *T. cruzi*

Introducción:

En el Nor Oriente del Perú, se han registrado más de 16 especies de triatomos, con capacidad vectorial del agente etiológico de la enfermedad de Chagas (*T. cruzi*). Los últimos estudios, datan del 2012, registrándose 39.9% de infestaciones por triatomos y prevalencia del 14.5% en adultos y 35% en niños de enfermedad de Chagas, sin embargo, la situación actual es desconocida. Buscamos actualizar el panorama, y estuvimos interesados en conocer las especies de triatomos presentes, los factores asociados a dicha presencia y los índices entomológicos que definan su capacidad vectorial, en centros rurales cercanos al distrito de Cutervo.

Objetivo(s):

Determinar las especies de triatomos presentes en CPR Aullan-Cutervo, 2023. Determinar la prevalencia y factores asociados a la infestación con triatomos y a infección con *T. cruzi* en el CPR Aullan-Cutervo, 2023.

Determinar los índices entomológicos en CPR Aullan-Cutervo, 2023.

Determinar la distribución espacial de las infestaciones de triatomos y de triatomos con *T. cruzi*, en el CPR Aullan-Cutervo, 2023.

Métodos:

El diseño fue cuantitativo, prospectivo, de casos y controles para el tamaño de muestra y los factores asociados. La población estuvo delimitada en el CPR Aullan-Cutervo, durante el año 2023. Se determinaron dos "outcomes": Presencia de triatomos, y triatomos infectados con *T. cruzi*. Factores asociados: factores ecológicos y sociodemográficos.

Realizamos una encuesta entomológica y desarrollamos, análisis bivariados y multivariados, dependiendo del cumplimiento de supuestos; así como análisis espaciales. Se procedió con el respeto de la autonomía y privacidad de las familias participantes usando el consentimiento informado aprobado por la Universidad Peruana Cayetano Heredia, para el permiso de participación de la población.

Resultados:

Se determinó que la especie presente en el CPR Aullan fue *T. carrioni*, se inspeccionaron 144 viviendas, 39 estuvieron infestadas (26%), 9 tuvieron *T. carrioni* con *T. cruzi* (6.2%). Los factores asociados fueron la presencia de aves de corral (2.73 (0.92– 8.71), $p=0.071$) y la presencia de materiales como madera (2.14 (0.81-5.41) $p=0.01$) y tejas (3.23 (1.37 – 8.59) $p=0.01$). Otros factores relevantes fueron la presencia de platanales alrededor de las viviendas (1.90 (0.88 – 4.28), $p=0.11$).

Conclusiones:

- La especie presente en el CPR Aullan, fue *T. carrioni*.
- Las infestaciones por *T. carrioni* fueron de 26% y la presencia de *T. cruzi* fue de 6%. Los factores asociados fueron: la presencia de aves domésticas, y materiales como la madera y las tejas.
- Los índices entomológicos fueron IID: 29.60, IIT:8.7 e IC:73.33.
- Existió agrupación en casos como en controles.

M001 - Identificación de *Exophiala jeanselmei* mediante enfoques genómicos y filogenéticos: caso de infección diseminada en receptora de trasplante renal

Identification of *Exophiala jeanselmei* through Genomic and Phylogenetic Approaches: A Case of Disseminated Infection in a Renal Transplant Recipient

Cristian Camilo Agudelo Quintero¹, Iván Mauricio Trompa Romero², Santiago Marín Carvajal³, Mishel Soraya Giraldo Goetz⁴, Érika Andrea Sánchez Cifuentes⁵, Diana Yuledi Molina Colorado⁶, Juan Guillermo McEwen⁷, Oscar Mauricio Gómez Guzmán⁸, María del Pilar Jiménez⁹

¹ Hospital Alma Máter de Antioquia, Universidad de Antioquia, Colombia, cristian.agudeloq@udea.edu.co

² Hospital Alma Máter de Antioquia, Universidad de Antioquia, Colombia, ivantrompa@gmail.com

³ Grupo de Micología Médica, Universidad de Antioquia, grupo de Biología celular y molecular, Corporación para investigaciones biológicas (CIB), Colombia, santiago.marin1@udea.edu.co

⁴ Grupo de Biología celular y molecular, Corporación para investigaciones biológicas (CIB), Universidad de Antioquia, Colombia, mishel.giraldo@udea.edu.co

⁵ Grupo de Micología Médica, Universidad de Antioquia, Colombia, erikaa.sanchez@udea.edu.co

⁶ Grupo de Micología Médica, Universidad de Antioquia, Colombia, diana.molina@udea.edu.co

⁷ Grupo de Micología Médica, Universidad de Antioquia, grupo de Biología celular y molecular, Corporación para investigaciones biológicas (CIB), Colombia, juan.mcewen@udea.edu.co

⁸ Grupo de Micología Médica, Universidad de Antioquia, grupo de Biología celular y molecular, Corporación para investigaciones biológicas (CIB), Colombia, oscargomez24@gmail.com

⁹ Grupo de Micología Médica, Universidad de Antioquia, Colombia, delpilar.jimenez@udea.edu.co

Palabras clave: Feohifomicosis, *Exophiala jeanselmei*, genoma, trasplante renal

Introducción:

La feohifomicosis diseminada es una infección oportunista rara causada por mohos pigmentados conocidos como hongos dematiáceos. Pueden ser altamente patógenos en individuos inmunodeprimidos, especialmente receptores de trasplantes de órganos sólidos (1,2). Los géneros más frecuentes incluyen *Alternaria*, *Curvularia* y *Exophiala* (3,4). Su identificación puede ser problemática, pero es clave debido a perfiles heterogéneos de susceptibilidad antifúngica (3).

En este estudio se describe la metodología que permitió identificar el primer caso reportado en Colombia de feohifomicosis diseminada por *Exophiala jeanselmei*.

Objetivo(s):

Describir la metodología empleada para la identificación precisa de un aislamiento de *Exophiala jeanselmei*.

Métodos:

El aislamiento se realizó a partir de la biopsia cutánea de una paciente trasplantada renal con nódulos subcutáneos multifocales. Describimos el flujo de trabajo para la identificación de alta resolución de *Exophiala jeanselmei* (figura 1).

Resultados:

Identificación Morfológica: Se observaron colonias húmedas, de color negro verdoso inicialmente lisas. Con la edad, las colonias se volvieron elevadas y adoptaron forma de cúpula y textura aterciopelada. Microscópicamente se observaron numerosas células elipsoidales similares a levaduras; con brotes, hifas tortuosas cortas que, gradualmente, se transforman en hifas no infladas.

Por métodos taxonómicos tradicionales se realizó la identificación del mohó compatible con *Exophiala* spp. El análisis por MALDI-TOF identificó la especie como *Exophiala spinifera*.

Secuenciación del genoma completo: Se obtuvieron 20,284 lecturas por secuenciación de alto rendimiento. El ensamblaje final presentó un total de 412 fragmentos, con una longitud total de 6,849,899 pares de bases (pb), un N50 de 22,281 pb y el fragmento más grande de 77,905 pb. La cobertura promedio del ensamblaje fue de 4X. La región ITS se encontró en el contig_406 con cobertura promedio de 65X. Se detectó el scaffold mitocondrial con una longitud de 28,807 pb y cobertura media de 48X.

Análisis filogenético: En el árbol, se identifican tres clados principales dentro de *Exophiala jeanselmei*: A, B y C. El aislamiento estudiado, marcado como *Exophiala* UdeA contig_406:2758-3382, se ubica dentro del clado B con altos valores de soporte bootstrap (98), agrupándose estrechamente con cepas provenientes de Estados Unidos (UTHSC94-28, UTHSCR-3338) y Japón (CBS 116.86). Este hallazgo sugiere una conexión genética entre los aislamientos y una amplia distribución geográfica de este genotipo (Figura 2).

Conclusiones:

Los métodos genómicos ofrecen mayor resolución que las técnicas tradicionales para la identificación de hongos patógenos. Es esencial mantener vigilancia genómica en regiones biodiversas como Colombia para la detección y control de especies emergentes.



Figura 1. Flujo de trabajo para la identificación de alta resolución de *Exophiala jeanseimei*. IFI; infección fúngica invasiva), ADN; ácido desoxirribonucleico, MALDITOF MS; matrix-assisted laser desorption ionization–time of flight mass spectrometry, WGS; secuenciación genómica completa, ITS; región espaciadora transcrita interna.

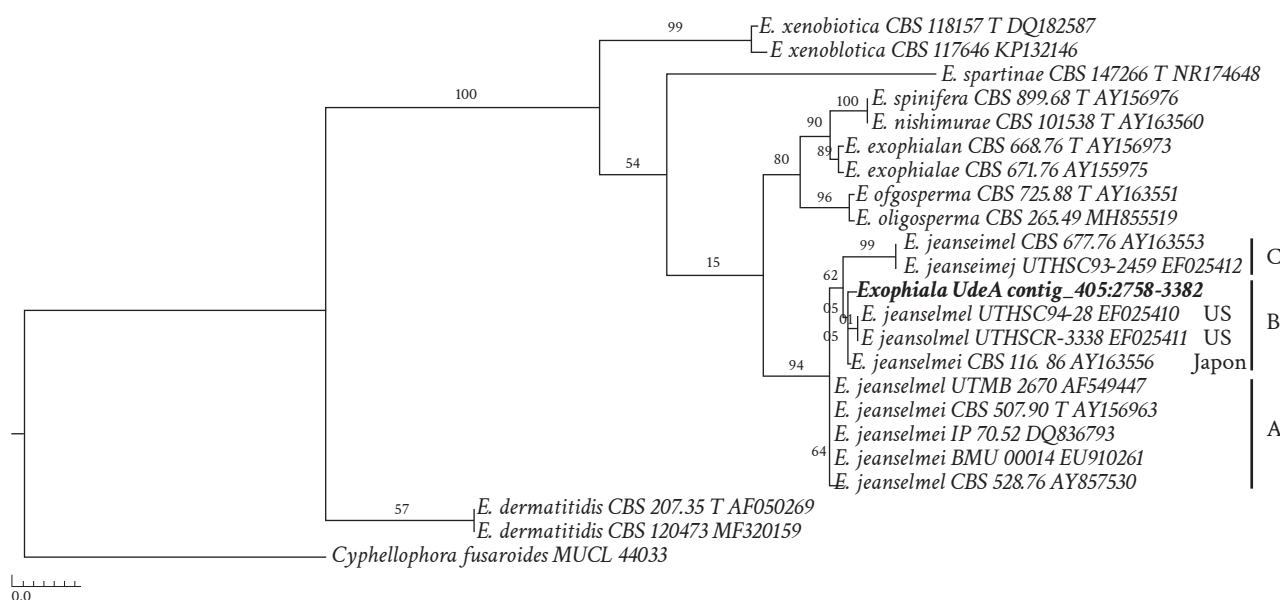


Figura 2. Árbol filogenético basado en la región ITS (ITS1-5.8S-ITS2) generado mediante el método de máxima verosimilitud (ML). Los números en las ramas representan los valores de bootstrap (%) calculados a partir de 1000 réplicas.

M002 - Rendimiento diagnóstico y tiempo de detección en hemocultivos: un análisis retrospectivo en bacteriemia en un laboratorio privado en Lima, Perú

Diagnostic Performance and Time to Detection in Blood Cultures: A Retrospective Analysis of Bacteremia in a Private Laboratory in Lima, Peru

Juan Carlos Gómez de la Torre Pretell¹, Ari Frenkel², Luis Alvarado³, Miguel Hueda-Zavaleta⁴, Carlos Chavez-Lencinas⁵, Alicia Rendon⁶, José Alonso Cáceres⁷

¹ Laboratorios Roe, Perú, jgomez@labroe.com

² Arkstone Medical Solution, USA, afrenkel@arkstonemedical.com

³ Laboratorios Roe, Perú, lalvarado@labroe.com

⁴ Universidad privada de Tacna, Perú, mighueda@virtual.upt.pe

⁵ Hospital Rebagliati Perú, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú, cchavezl1@unmsm.edu.pe

⁶ Arkstone Medical Solution, USA, arendon@arkstonemedical.com

⁷ Laboratorios Roe, Perú, jcaceres@labroe.com

Palabras clave: Hemocultivos, Bacteriemias, Tiempos de Alarma

Introducción:

La bacteriemia requiere un diagnóstico rápido y preciso para reducir la morbilidad y mortalidad. La identificación temprana del patógeno es esencial para optimizar la terapia antimicrobiana, pero los métodos convencionales suelen retrasar el tratamiento. Este estudio evalúa el rendimiento diagnóstico de los hemocultivos, analizando los tiempos de alerta, el número óptimo de frascos y la efectividad de las técnicas moleculares frente a los métodos tradicionales en un entorno clínico.

Métodos:

Se realizó un análisis transversal y retrospectivo, a partir de una base de datos de muestras de hemocultivos procesadas entre enero de 2020 y diciembre 2024, en un laboratorio privado de Lima, Perú. Se analizaron datos demográficos, tiempos de alerta, número de frascos positivos y métodos de identificación bacteriana. Se clasificaron las bacterias según su tinción de Gram y su potencial patogénico. Se aplicaron pruebas t y análisis de correlación para evaluar la relación entre tiempos de alerta y patogenicidad, además de comparar los tiempos de detección de métodos moleculares y convencionales.

Resultados:

Se incluyeron 807 casos de bacteriemia. El tiempo medio de alerta fue menor en bacterias altamente patogénicas (12.5 ± 3.2 horas) comparado con las menos patogénicas (15.8 ± 4.1 horas, $p = 0.023$), con una correlación negativa moderada ($r = -0.43$; $p = 0.012$). Aumentar el número de frascos mejoró la detección: un frasco identificó el 53.2% de los patógenos, dos frascos el 81.4%, tres el 94.6% y cuatro el 100%. Los métodos moleculares redujeron significativamente el tiempo de detección (6.4 ± 1.2 horas) frente a los métodos convencionales (18.5 ± 5.7 horas, $p < 0.001$). Las bacterias Gram negativas presentaron tiempos de alerta más cortos (12.9 ± 4.0 horas) que las Gram positivas (14.2 ± 3.8 horas, $p = 0.041$). El Set 1 detectó el 90.3% de los patógenos, mientras que el Set 2 detectó el 34.4%. *Escherichia coli* fue el microorganismo más frecuentemente aislado (185 casos), con el 81.6% detectado en el Set 1. *Klebsiella pneumoniae* presentó una tasa de detección dual del 23.2%, mientras que *Acinetobacter baumannii* tuvo la mayor tasa de detección dual en ambos sets (45.6%).

Conclusiones:

Los tiempos de alerta pueden predecir la patogenicidad bacteriana. Las pruebas moleculares permiten una identificación más rápida y precisa. La recolección optimizada de hemocultivos con múltiples frascos mejora la detección y favorece su integración en los programas de gestión antimicrobiana.

Tabla 1. Frecuencia de positividad de hemocultivos según germen aislado y set de hemocultivos positivos

Bacteria Aislada	Positivo sólo en Set#1 N (%)	Positivo sólo en Set#2 N (%)	Positivo en Set#1 y Set#2 N (%)
<i>E. coli</i>	151 (81.62)	9 (4.86)	25 (13.51)
<i>K. pneumoniae</i>	65 (68.42)	8 (8.42)	22 (23.16)
<i>P. aeruginosa</i>	36 (58.06)	9 (14.52)	17 (27.42)
<i>E. faecalis</i>	32 (52.46)	10 (16.39)	19 (31.15)
<i>A. baumannii complex</i>	25 (43.86)	6 (10.53)	26 (45.61)
<i>E. cloacae complex</i>	29 (72.5)	2 (5)	9 (22.5)
<i>S. maltophilia</i>	15 (65.22)	2 (8.7)	6 (26.09)
<i>E. faecium</i>	8 (47.06)	5 (29.41)	4 (23.53)
<i>K. oxytoca</i>	13 (86.67)	0 (0)	2 (13.33)
<i>S. typhi</i>	8 (57.14)	2 (14.29)	4 (28.57)
<i>S. marcescens</i>	10 (76.92)	1 (7.69)	2 (15.38)
<i>S. mitis/Oralis</i>	11 (84.62)	0 (0)	2 (15.38)
<i>K. aerogenes</i>	4 (50)	1 (12.5)	3 (37.5)
<i>S. pneumoniae</i>	7 (87.5)	0 (0)	1 (12.5)
<i>C. freundii</i>	4 (80)	1 (20)	0 (0)
<i>P. mirabilis</i>	4 (80)	0 (0)	1 (20)

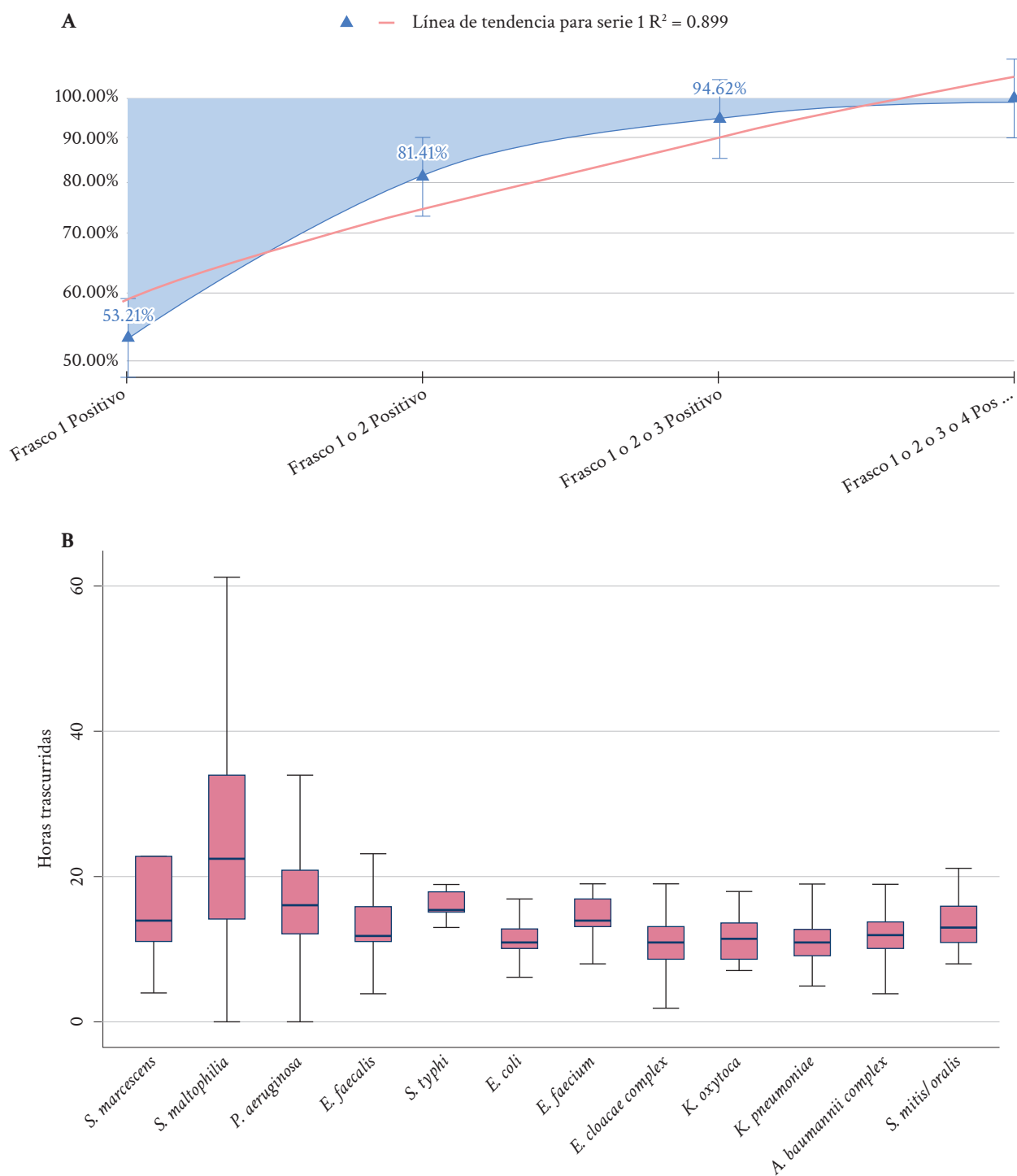


Figura 1. A) Frecuencia de positividad según frasco positivo en episodios de bacteriemias. **B)** Tiempo de positividad (Alerta) de frascos según microorganismo aislado

M003 - Neuroinfección más allá de la sospecha clínica: explorando el perfil clínico, bioquímico y microbiológico del LCR en la confirmación y manejo de neuroinfecciones

Neuroinfection Beyond Clinical Suspicion: Exploring the Clinical, Biochemical, and Microbiological Profile of CSF in the Diagnosis and Management of Neuroinfections

Lorenzo Almonte¹, Heidy Adames¹

¹ Clínica Corominas, tamilee_almonte@hotmail.com, adames_espinal@hotmail.com

Introducción:

Las infecciones del SNC plantean riesgos significativos de morbilidad y mortalidad, lo que requiere un diagnóstico e intervención temprana para obtener mejores resultados. Este estudio evaluó las características clínicas, bioquímicas y microbiológicas del LCR en pacientes con neuroinfección en Clínicas Corominas de enero a diciembre de 2023.

Objetivo:

Identificar el perfil bioquímico y microbiológico en los pacientes con infección del SNC mediante estudio de LCR

Metodología:

Estudio descriptivo, observacional y transversal, utilizando la recolección de datos de registros clínicos. Se evaluaron un total de 97 pacientes con sospecha de neuroinfecciones, enfocándose en variables del LCR, manejo terapéutico y resultados clínicos.

Resultados:

Los resultados indicaron que los adultos mayores de 65 años (26.8%) fueron predominantemente afectados, con un predominio masculino (57.7%). Los signos clínicos comunes incluyeron fiebre (46.4%), dolor de cabeza (30.9%), alteración de la conciencia (27.8%) y síntomas meníngeos (8.2%). Se observó hipoglucorraquia ($50 < 40$ mg/dl) estuvo presente en el 72.2% de los casos, mientras que la hiperproteínorraquia ($50 >$ mg/dl) en 56.7%. Los hallazgos microbiológicos revelaron cultivos positivos en solo 4.1% de los casos, lo que indica un predominio probable de infecciones virales o bajos recuentos bacterianos. Los principales microorganismos identificados más prevalentes fueron: *Streptococcus*, *Staphylococcus coagulasa negativos*, *E. Coli*, *Enterococcus spp.*, *Enterovirus*, *Micobacterium tuberculosis*.

Los regímenes de tratamiento empírico incluyeron principalmente ceftriaxona (22.7%), vancomicina (18.6%) y aciclovir (10.3%) y en un paciente antifímicos. La mortalidad global se registró en 4.1%, observándose tasas más altas en infecciones nosocomiales y entre pacientes con comorbilidades graves.

Conclusión:

Los bajos recuentos bacterianos y virales son fenómenos comunes en los casos de neuroinfecciones debido a las particularidades fisiológicas y anatómicas del sistema nervioso central (SNC). La barrera hematoencefálica, que restringe la penetración de patógenos, junto con las respuestas inmunológicas específicas del SNC, puede dificultar la detección y proliferación de microorganismos, resultando en una menor carga bacteriana y viral. Estas características son clave para entender las diferencias en la presentación clínica y el tratamiento de las neuroinfecciones, lo que resalta la necesidad de enfoques diagnósticos y terapéuticos adaptados a las particularidades del SNC. Por lo que impera la necesidad de una identificación microbiológica mejorada a través de técnicas moleculares avanzadas. Se aboga por el uso de PCR y secuenciación metagenómica para potenciar la detección de patógenos y refinar las estrategias de tratamiento antimicrobiano.

M004 - CLARION™ en acción: indicadores de desempeño del laboratorio de microbiología. Transformando la microbiología y la gestión de laboratorio

CLARION™ in Action: Microbiology Laboratory Performance Indicators. Transforming Microbiology and Laboratory Management

Benadof Dona^{1,2}, Dra. Acuña Mirta^{2,3}

¹ Laboratorio Clínico, Hospital Infantil Roberto del Río, donaben@gmail.com

² Departamento de Infectología, Facultad de Medicina. Universidad de Chile, Mirta.i.acuna@gmail.com

³ Departamento de Pediatría, Facultad de Medicina. Universidad de Chile

Palabras clave: Soluciones informáticas, gestión de datos, indicadores de desempeño

Introducción:

Las soluciones informáticas en microbiología optimizan procesos, liberan personal técnico y mejoran la gestión de antimicrobianos. Facilitan la recopilación de indicadores epidemiológicos, agilizando la toma de decisiones y la vigilancia de brotes intrahospitalarios. Su implementación mejora la eficiencia operativa y permite un manejo preciso de datos, optimizando la respuesta ante desafíos clínicos y epidemiológicos.

Objetivo(s):

Demostrar el rendimiento de la herramienta CLARION™ con datos reales de una institución pública de atención pediátrica. En las áreas de indicadores de calidad de muestreo de hemocultivos y urocultivos.

Métodos:

Se realizó un estudio de vigilancia retrospectivo y prospectivo en institución pediátrica para evaluar el rendimiento del Software CLARION™. Se analizaron indicadores de hemocultivos y urocultivos asociados a una intervención en el diagnóstico de infecciones respiratorias con Spotfire en invierno de 2024. Se aplicó un análisis descriptivo de tasas de contaminación. La comparación de hemocultivos entre 2023 y 2024 se realizó mediante prueba T de Student ($p \leq 0,05$).

Resultados:

Dentro de las variables e indicadores analizados se encontró que en el período marzo-julio, se procesaron 3404 hemocultivos en 2023, en el mismo periodo, 2585 en 2024, observándose una reducción significativa en el número de hemocultivos ($p = 0.0428$) según la prueba T de Student, con un ahorro estimado de USD 4900. El uso de paneles de control en urocultivos permitió analizar variables clave como edad, tipo de muestra y ubicación del paciente sin encontrarse algún impacto. Además, el monitoreo semanal de virus respiratorios en invierno facilitó la identificación de microorganismos prevalentes en circulación.

Discusión:

La implementación de estas herramientas informáticas permite evaluar estrategias implementadas en una institución (Spotfire), optimiza el rendimiento de las pruebas de laboratorio, y mejorando la toma de decisiones. La vigilancia de virus respiratorios en urgencias permite ahorrar recursos para estudios microbiológicos optimizados, detectando cambios en tiempo real que implican diferentes estrategias clínicas. En urocultivos, el análisis de variables como edad, tipo de muestra y ubicación facilita estrategias de mejora continua para la toma de muestra. La vigilancia continua del volumen de inoculación/hemocultivo, contaminaciones y tiempo

de positividad, permite educar al personal clínico en el uso racional de los recursos diagnósticos, permitiendo obtener resultados confiables en tiempo preciso, disminuyendo costos.

Conclusiones:

Estas herramientas informáticas mejoran la eficiencia diagnóstica, permitiendo una asignación de recursos más efectiva y una respuesta clínica basada en evidencia para virus respiratorios, hemocultivo y microbiología urinaria, especialmente en entornos con recursos limitados.

BLOOD CULTURE IN EMERGENCY ROOM

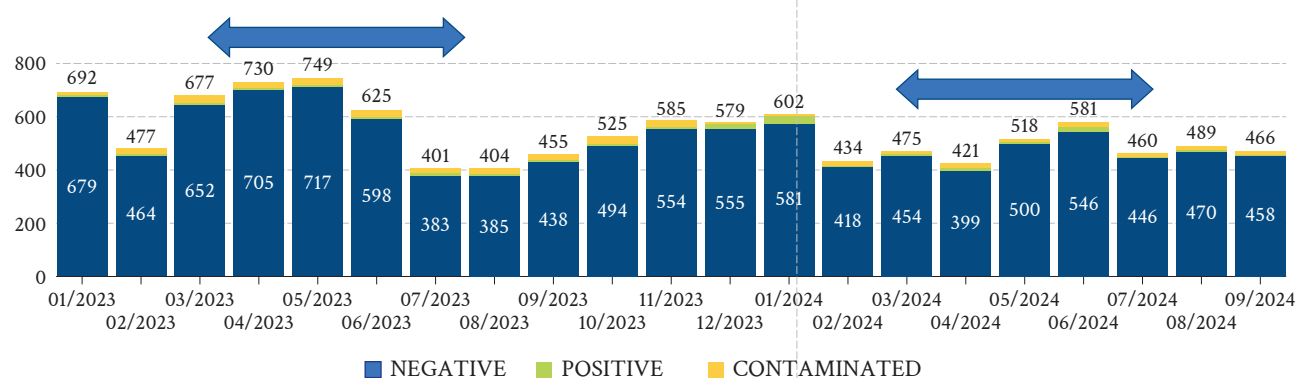


Figura 1.

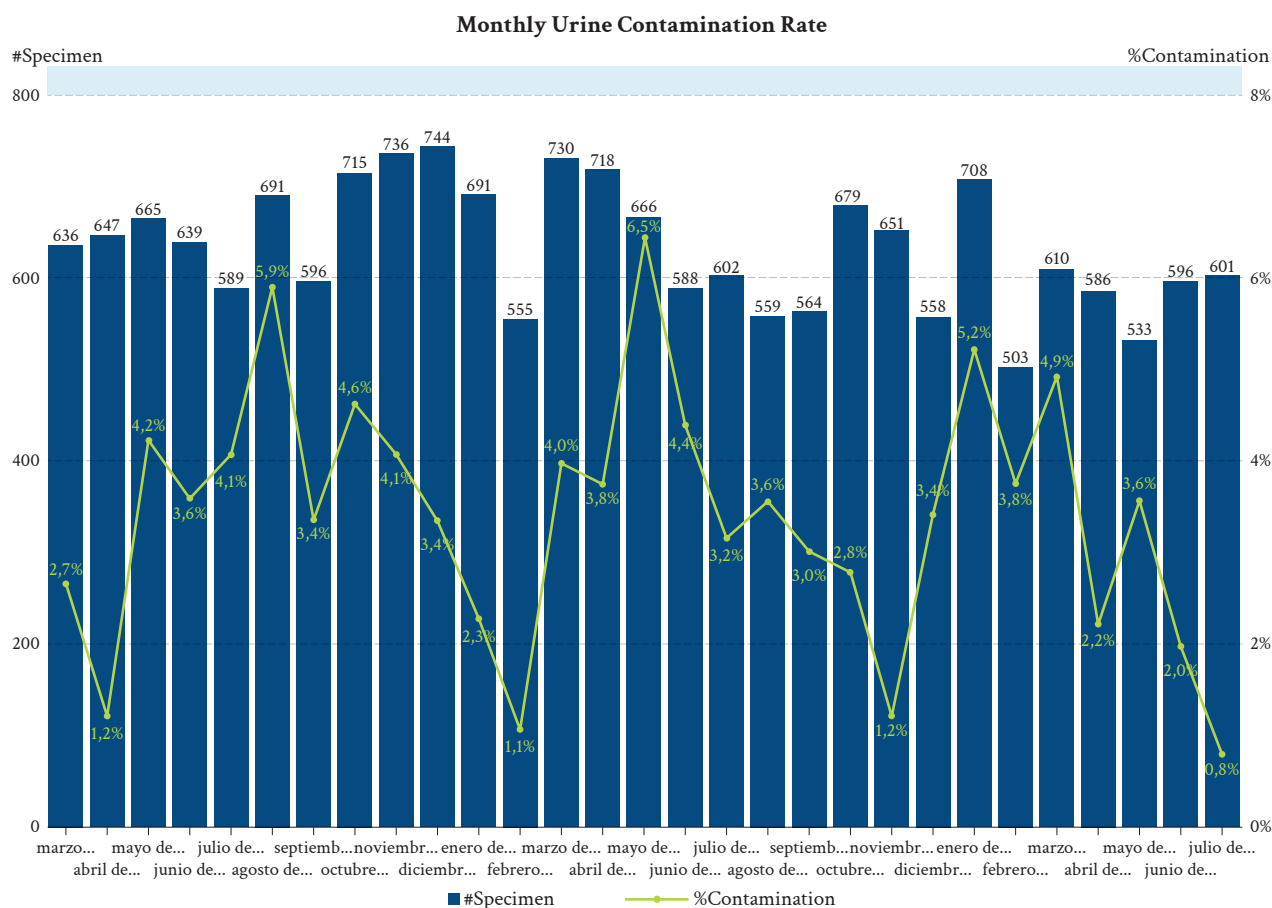


Figura 2.

M005 - Evaluación económica del método Uro-Quick como alternativa para el diagnóstico de infecciones del tracto urinario en un hospital pediátrico público en Santiago de Chile

Economic Evaluation of the Uro-Quick Method as an Alternative for Diagnosing Urinary Tract Infections in a Public Pediatric Hospital in Santiago, Chile

Benadof Dona^{1,2}, Acuña Ignacio³, Zamorano Agustín¹, Aguirre Judith¹, Veas Abigail¹

¹ Laboratorio Clínico, Hospital Infantil Roberto del Río, donaben@gmail.com, jaguirreu@gmail.com, agustinzc@gmail.com, tm.banco@gmail.com

² Departamento de Pediatría, Facultad de Medicina. Universidad de Chile

³ Cátedra de ingeniería, Universidad Adolfo Ibáñez, ignacacuna@alumnos.uai.cl

Palabras clave: Urocultivo rápido, infección del tracto urinario, evaluación económica

Introducción:

Las infecciones del tracto urinario (ITU) representan una carga significativa en términos de costos y recursos para el sistema de salud pública en Chile. El diagnóstico tradicional mediante cultivo de orina, aunque efectivo, es lento y requiere una considerable inversión de tiempo y recursos. Este estudio tiene como objetivo evaluar el impacto económico de reemplazar el método convencional por Uro-Quick, una alternativa innovadora y rápida, en un hospital pediátrico público, desde una perspectiva social.

Objetivo:

Evaluar la viabilidad económica del método Uro-Quick como alternativa diagnóstica frente a los métodos convencionales para la detección de infecciones del tracto urinario en un hospital pediátrico del sistema público de salud.

Métodos:

Se realizó una evaluación económica con un horizonte temporal de 10 años, aplicando una tasa de descuento social del 5.5%. El análisis incluyó los costos directos asociados al método tradicional y al Uro-Quick, considerando insumos, arriendo de equipos y tiempo del personal dedicado al diagnóstico. Para estimar el ahorro en tiempo, se asumió que el cultivo de orina ocupa el 70% del tiempo de un profesional y el 30% del tiempo de un técnico en enfermería (TENS). Además, se evaluaron los ahorros por reducción de días cama, estimando una disminución del 20% en la duración promedio de hospitalización de pacientes con ITU.

Resultados:

Durante los 10 años de evaluación, y asumiendo el reemplazo completo del cultivo tradicional, el hospital lograría un ahorro social acumulado de \$130,930 USD. Estos ahorros provienen principalmente de la reducción en tiempo de personal (\$22,324 USD) y días cama hospitalarios (\$1,140 USD anuales). Se registró un promedio anual de 8,137 casos sospechosos de ITU, con 116 hospitalizaciones y una estadía media de 4.1 días por paciente.

Se asumió que la implementación de resultados diagnósticos rápidos reduciría al menos en un día la hospitalización en el 20% de los casos.

Conclusiones:

La implementación del método Uro-Quick permite un diagnóstico más rápido de las ITU y genera ahorros económicos significativos a lo largo de 10 años. Estos resultados respaldan la incorporación de tecnologías innovadoras en el sistema público de salud, promoviendo un uso más eficiente de los recursos disponibles y reduciendo el impacto ambiental asociado a los métodos diagnósticos tradicionales.

N001 - Caracterización genotípica de las deleciones en los genes *pfhrp2* y *pfhrp3* en muestras de *P. falciparum* del distrito de Río Santiago, Amazonas, Perú

Genotypic Characterization of *pfhrp2* and *pfhrp3* Gene Deletions in *P. falciparum* Samples from the Río Santiago District, Amazonas, Peru

Gerardo Enrique Porras Laymito¹, Luis Cabrera Sosa², Giovanna Elizabeth Sotil Caycho³, Stella Maris Chenet Carrasco⁴, Dionicia Baziliza Gamboa Vilela⁵

¹ Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, gerardo.porras@upch.pe

² Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, luis.cabrera@upch.pe

³ Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú, gsotilc@unmsm.edu.pe

⁴ Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza, Perú, stella.chenet@untrm.edu.pe

⁵ Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, dionicia.gamboa@upch.pe

Palabras clave: *pfhrp2/3*, deleción, *P. falciparum*, malaria, Amazonas

Introducción:

En el Perú, las regiones de Loreto y Amazonas representan el 95% de infecciones por malaria desde el 2019. Amazonas es el segundo foco con mayor presencia de malaria, donde resalta el distrito de Río Santiago por presentar aproximadamente el 95% de todas las infecciones en dicha región. Desde 2010, se han reportado parásitos *P. falciparum* con la deleción de los genes *pfhrp2* y *pfhrp3* (*pfhrp2/3*) en Loreto. La existencia de estas deleciones conlleva a resultados falsos negativos en pruebas de diagnóstico rápido, y en consecuencia, evita el tratamiento adecuado a pacientes infectados. Hasta el momento, no se ha caracterizado ni se conoce la frecuencia de estas deleciones en muestras de Amazonas.

Objetivo(s):

- Estandarizar y validar un protocolo de genotipificación basado en la deleción de los genes *pfhrp2/3*.
- Caracterizar genotípicamente las deleciones en los genes *pfhrp2/3* en *P. falciparum* procedentes de la región Amazonas.
- Comparar los perfiles de los genes *pfhrp2/3* de *P. falciparum* en las regiones de Loreto y Amazonas

Métodos:

Se están evaluando 87 muestras de ADN extraídas de paquete globular y sangre capilar en papel filtro de comunidades en Amazonas (50) y Loreto (37) entre el 2019 a 2023.

Se estandarizó un protocolo de PCR convencional para amplificar los exones 1 y 2 de *pfhrp2/3*, y se está validando las regiones amplificadas mediante secuenciación de Sanger.

Se realizó una curva estándar (qPCR) para calcular el límite de detección (LOD) y cuantificar las muestras que posteriormente serán genotipificadas. Luego, mediante PCR convencional, se amplificará ambos exones y sus regiones flanqueantes. Finalmente, se incluirá estadística descriptiva para conocer las diferencias entre ambas regiones a estudiar.

Resultados:

La evaluación de la genotipificación del exón 2 de las muestras de Loreto muestra una prevalencia de la delección en el gen *pfhrp2* con un 76.67% (Figura 1). En el caso de Amazonas, se observó que el 100% presentó doble delección. Además, se ha observado que todas las muestras de la región Loreto que tienen la presencia del exón 2, también tienen el exón 1 para el gen *pfhrp2*. Actualmente, se está evaluando la presencia de genes flanqueantes para determinar el tamaño de la delección.

Conclusiones:

Hasta el momento, se observa una diferencia notoria en los perfiles de delección entre ambas regiones. Además, se observó la relación entre la presencia de ambos exones en la mayoría de las muestras con el gen *pfhrp2* en Loreto

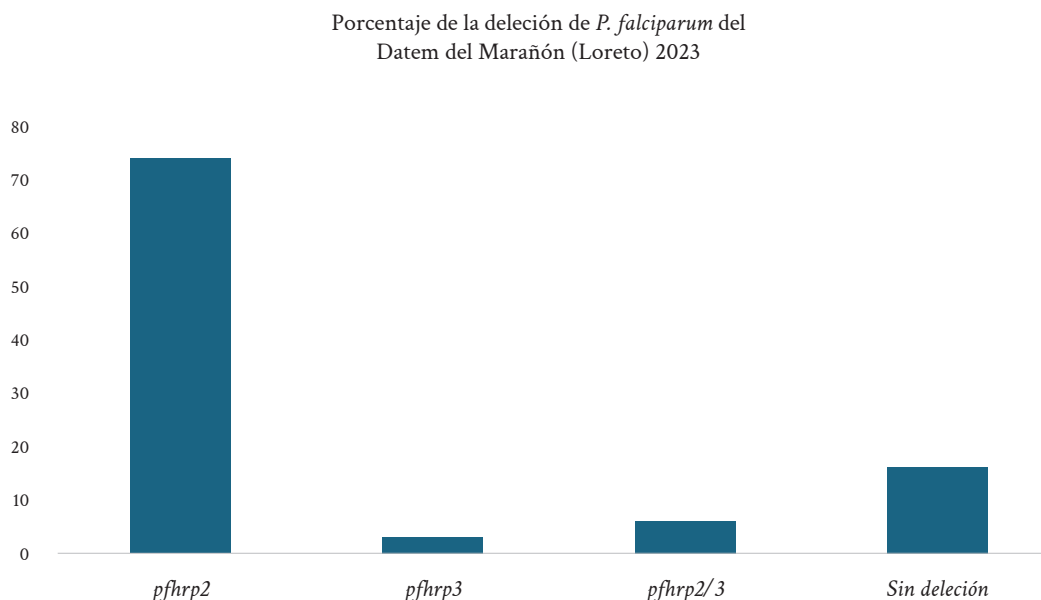


Figura 1.

No02 - Detección de Neumococo en líquidos estériles mediante qPCR en pacientes hospitalizados con sospecha de enfermedad neumocócica invasiva

Detection of Pneumococcus in Sterile Fluids by qPCR in Hospitalized Patients with Suspected Invasive Pneumococcal Disease

Brayan E. Gonzales¹, Erik H. Mercado², Marcela Lopez Briceño³, David Durand Vara⁴, Francisco Campos⁵, Eduardo Chaparro⁶, Olguita Del Aguila⁷, Maria E. Castillo⁸, Andres Saenz⁹, Isabel Reyes¹⁰, Roger Hernandez¹¹, Theresa Ochoa Woodell¹²

¹ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, brayan.gonzales@upch.pe

² Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, erik.mercado@upch.pe

³ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, Marcela.lopez@upch.pe

⁴ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, david.durand@upch.pe

⁵ Hospital Nacional Docente Madre-Niño San Bartolomé, Perú, francisco.e.campos@gmail.com

⁶ Hospital Nacional Cayetano Heredia, Perú, gorditochaparro@hotmail.com

⁷ Hospital Nacional Edgardo Rebagliati Martins, Perú, gorditochaparro@hotmail.com

⁸ Instituto Nacional de Salud del Niño, Perú, castilloequal@gmail.com

⁹ Hospital Nacional Daniel Alcides Carrión, Perú, andysaenz33@yahoo.es

¹⁰ Hospital de Emergencias Pediátricas, Perú, ireyesacosta@hotmail.com

¹¹ Hospital Nacional Cayetano Heredia, Perú, roger.hernandez@upch.pe

¹² Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú.

Palabras clave: *Streptococcus pneumoniae*, qPCR, enfermedad neumocócica invasiva

Introducción:

El estándar para diagnosticar enfermedad neumocócica invasiva (ENI) es aislar *Streptococcus pneumoniae* en cultivo. Sin embargo, en algunos pacientes, sobre todo los que recibieron terapia antibiótica empírica, no se logra identificar el agente etiológico. El uso de paneles moleculares como BioFire® FilmArray®Panels ofrecen alta precisión en la detección de patógenos, pero son costosos y de difícil acceso en muchos centros de salud. Debido a esto, se recomienda el uso de pruebas moleculares más accesibles, como la PCR-convencional o en tiempo real (qPCR), que ofrecen resultados comparables a los métodos automatizados.

Objetivo(s):

Detectar neumococo en líquidos normalmente estériles mediante qPCR en pacientes con sospecha de ENI hospitalizados en Lima.

Métodos:

El diseño del estudio fue transversal multicéntrico de casos de ENI en siete hospitales en Lima, entre 2016 y 2023. La población de estudio estuvo conformada por pacientes hospitalizados de todas las edades con sospecha de neumonía o meningitis bacteriana con muestras de líquidos normalmente estériles [líquido pleural (LP) y líquido cefalorraquídeo (LCR)]. Para el diagnóstico molecular de *S.pneumoniae* se estandarizó una PCR basado en SYBR Green empleando los cebadores que amplifican el gen *lytA*. Se realizó la extracción de ADN de las muestras empleando *Hight pure PCR template Preparation kit*® (Roche, Suiza). En las muestras positivas al gen *lytA* se realizó la serotipificación de neumococo mediante un sistema de PCR multiplex secuencial convencional desarrollado por el *Streptococcus Laboratory* (StrepLab) del CDC-USA. El análisis estadístico fue realizado mediante la prueba de χ^2 y exacta de Fisher. El estudio fue registrado en el Sistema Descentralizado de Información y Seguimiento a la Investigación (SIDISI 100703) y evaluado por el Comité Institucional de Ética de la UPCH y por cada hospital.

Resultados:

La qPCR tuvo un límite de detección 1.2×10^1 copias del genoma/uL (Figura 1). De las 71 muestras clínicas (51 de LP y 20 de LCR), 29.4% (28/71) fueron positivas para neumococo por cultivo y 71.8% (51/71) fueron positivas por qPCR, incluyendo 78.4% (40/71) en LP y 55.0% (11/20) en LCR (Tabla 1). De las muestras positivas, 13/51 fueron del serotipo 19A. La detección de neumococo fue casi el doble por qPCR en comparación con el método microbiológico convencional.

Conclusiones:

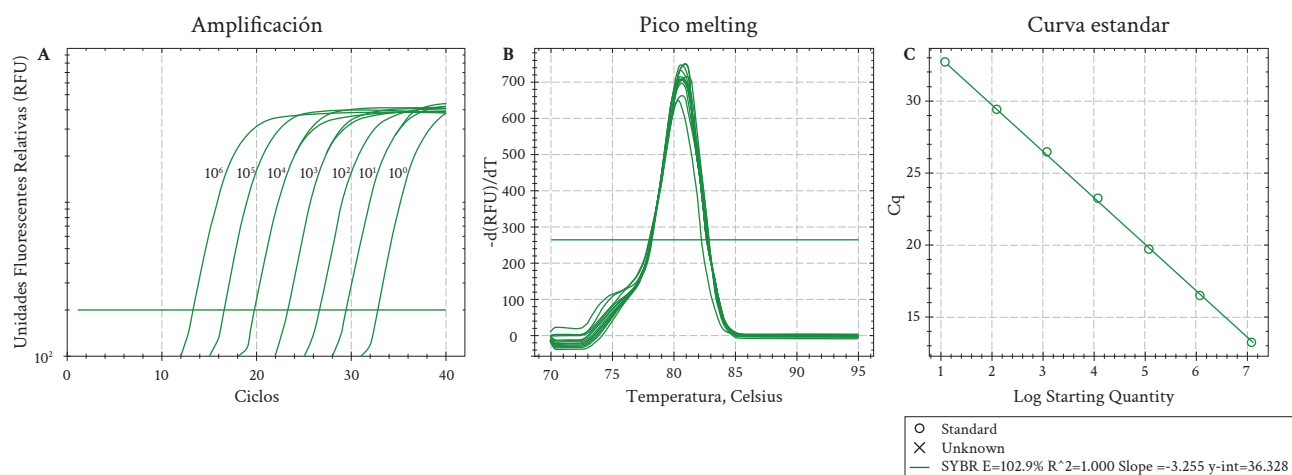
La qPCR logró detectar neumococo en más muestras que el método diagnóstico estándar, sugiriendo su importancia en muestras con baja carga bacteriana. Implementar métodos moleculares como esta qPCR para aportar a la mejora de la identificación y tratamiento oportuno de ENI en Perú y en la región.

Tabla 1. Resultado de qPCR para diagnóstico de *S. pneumoniae* en líquidos normalmente estériles según características de la muestra (N=71)^a

Características	N	qPCR <i>lytA</i> positivo	Cultivo neumococo positivo
		51/71	28/71
		n (%)	n (%)
qPCR <i>lytA</i>			
Negativo	20	0	0
Positivo	51	51 (71.8)	28 (54.9)
Diagnóstico por cultivo			
Negativo	38	20 (52.6)	0
<i>S. pneumoniae</i>	28	28 (100.0)	28 (39.4)
Otro ^b	5	3 (60.0)	0
Tipo de líquido			
Líquido pleural	51	40 (78.4)	21 (41.2)
Líquido cefalorraquídeo	20	11 (55.0)	7 (35.0)
Días de la toma de muestra desde la hospitalización			
0 - ≤3	32	26 (81.3)	16 (50.0)
>3 - ≤7	17	13 (76.5)	7 (41.2)
>7	15	9 (60.0)	4 (26.7)
Recibió antibiótico previo al cultivo			
No	24	15 (62.5)	7 (29.2)
Si	42	33 (78.6)	20 (47.6)

^a Algunos variables pueden sumar menos de 71 por datos faltantes.

^b *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus* grupo B, *Staphylococcus epidermidis*.



Nota. A. La evaluación de la qPCR empleado distintas concentraciones de ADN mostraron que el límite de detección es de 1.2×10^1 copias del genoma/uL, B. Las curvas melting del ADN extraído de la cepa patrón se superponen, mostrando la reproducibilidad de la qPCR, C. La qPCR mostró una eficiencia de 102.9% para la detección del gen *lytA* con un coeficiente de correlación de 1.0.

Figura 1. Curva de concentración de *S. pneumoniae* mediante qPCR

No04 - *In vitro* evaluation of Toll-like receptors 2 and 4 in peripheral blood mononuclear cells stimulated with *Bartonella bacilliformis*

Evaluación In Vitro de los Receptores Tipo Toll 2 y 4 en células mononucleares de sangre periférica estimuladas con *Bartonella bacilliformis*

Angie K. Castillo¹, Javier Enciso-Benavides², Ana Mayanga³, Joaquim Ruiz⁴, Ruth García de la Guarda⁵, Maria J Pons⁶

¹ Universidad Científica del Sur (UCSUR), Perú. Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Perú, angiecastillope26@gmail.com

² Universidad Científica del Sur (UCSUR), Perú, javier.enciso.benavides@gmail.com

³ Universidad Científica del Sur (UCSUR), Perú, amayanga@cientifica.edu.pe

⁴ Universidad Científica del Sur (UCSUR), Perú, jruizb@cientifica.edu.pe

⁵ Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Perú, rgarciaad@unmsm.edu.pe

⁶ Universidad Científica del Sur (UCSUR), Perú, mpons@cientifica.edu.pe

Keywords: Carrion's disease, Bartonellosis, Toll-Like Receptors

Introduction:

Carrion's disease (CD) is a biphasic endemic illness in Peru, transmitted by sandflies and caused by *Bartonella bacilliformis* (*B.b*). It progresses through two phases: an acute phase, which is the most lethal, and a chronic phase, also known as Peruvian wart [1]. Additionally, numerous asymptomatic carriers have been reported [2]. Toll-like receptors (TLRs) are responsible for recognizing conserved molecular patterns found in pathogens [3].

Objectives:

The related TLR for *B.b* is not yet known; thus, the aim was to evaluate TLR2 and TLR4 expression in peripheral blood mononuclear cells (PBMC) stimulated with *B.b*.

Methodology:

This study follows an experimental *in vitro* design. The study included five healthy adult donors who provided blood samples. *B.b* ATCC 35685 was cultured, PCR-identified, heat-inactivated (HI), and quantified via flow cytometry. PBMCs among volunteers of the study were isolated using Histopaque and stimulated with Zymosan (TLR2 positive control),

E. coli lipopolysaccharide (LPS, TLR4 positive control), and HI *B.b* for 0, 12, 24, 36, and 48 hours. RNA was extracted by the TRIzol method, and RT-qPCR was performed to quantify TLR gene expression, using β -actin as the housekeeping gene. Human cytokine panel 17-plex was also evaluated. Data analysis was performed in RStudio. This study was approved by the Bioethics Committee of the Faculty of Biological Sciences, UNMSM.

Results:

The blood samples were 80% male and 20% female, with a mean age of 32.6 years for men and 22 years for women. No volunteers reported allergies, immune diseases or a history of bartonellosis. In addition, only two participants had visited endemic areas in the past five years (both visited Cusco one year ago).

Both TLRs show a peak of expression at 12h in four individuals, and one had a peak at 24h, although differences were not significant. Notably, the delayed peak corresponded to approximately three times higher gene expression (Figure 1).

Analysis of cytokine kinetics (*Figure 2*) reveals an early production of pro-inflammatory cytokines, including IL-7, IFN- γ , and GM-CSF, with the latter two predominantly associated with TLR4 [4, 5]. At 12 hours, IL-13, an anti-inflammatory cytokine linked to TLR2, was detected. Subsequently, IL-10, IL-5, IL-17, and MIP-1 β were identified, with the first two associated with TLR2 [4].

Conclusion:

These findings contribute to a better understanding of immune response in CD. This is the first study about TLRs involvement in *B.b* infection, suggesting the participation of both TLR2 and TLR4.

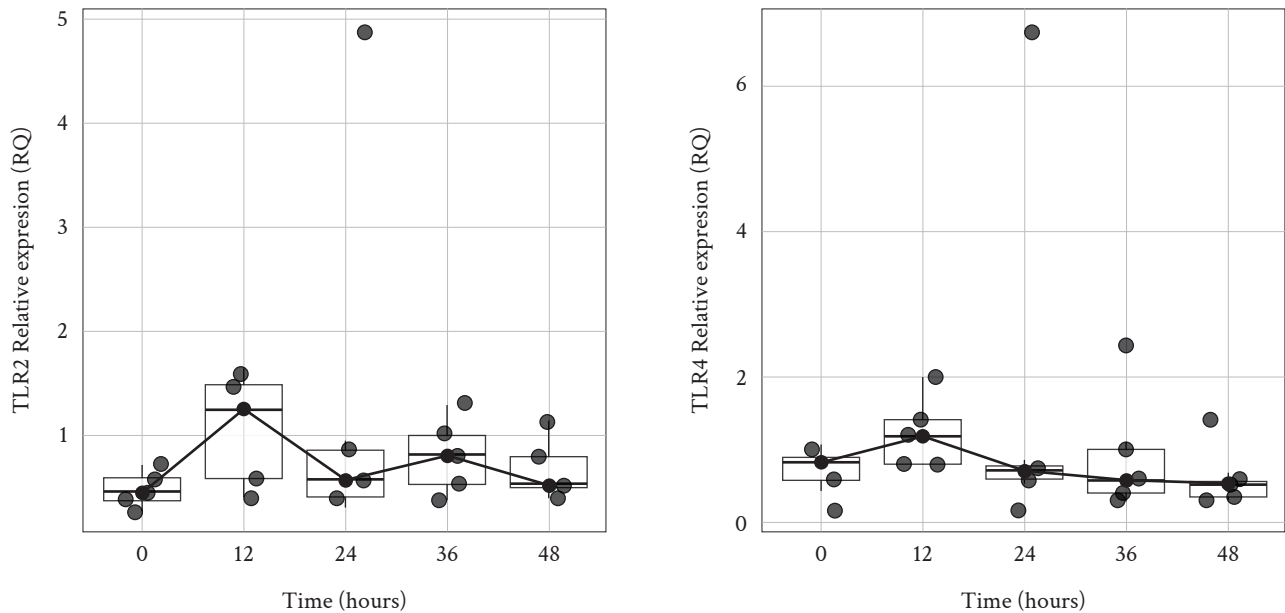


Figure 1. TLR2 and TLR4 kinetics of expression of PBMC stimulated with heat-inactivated *B. bacilliformis*.

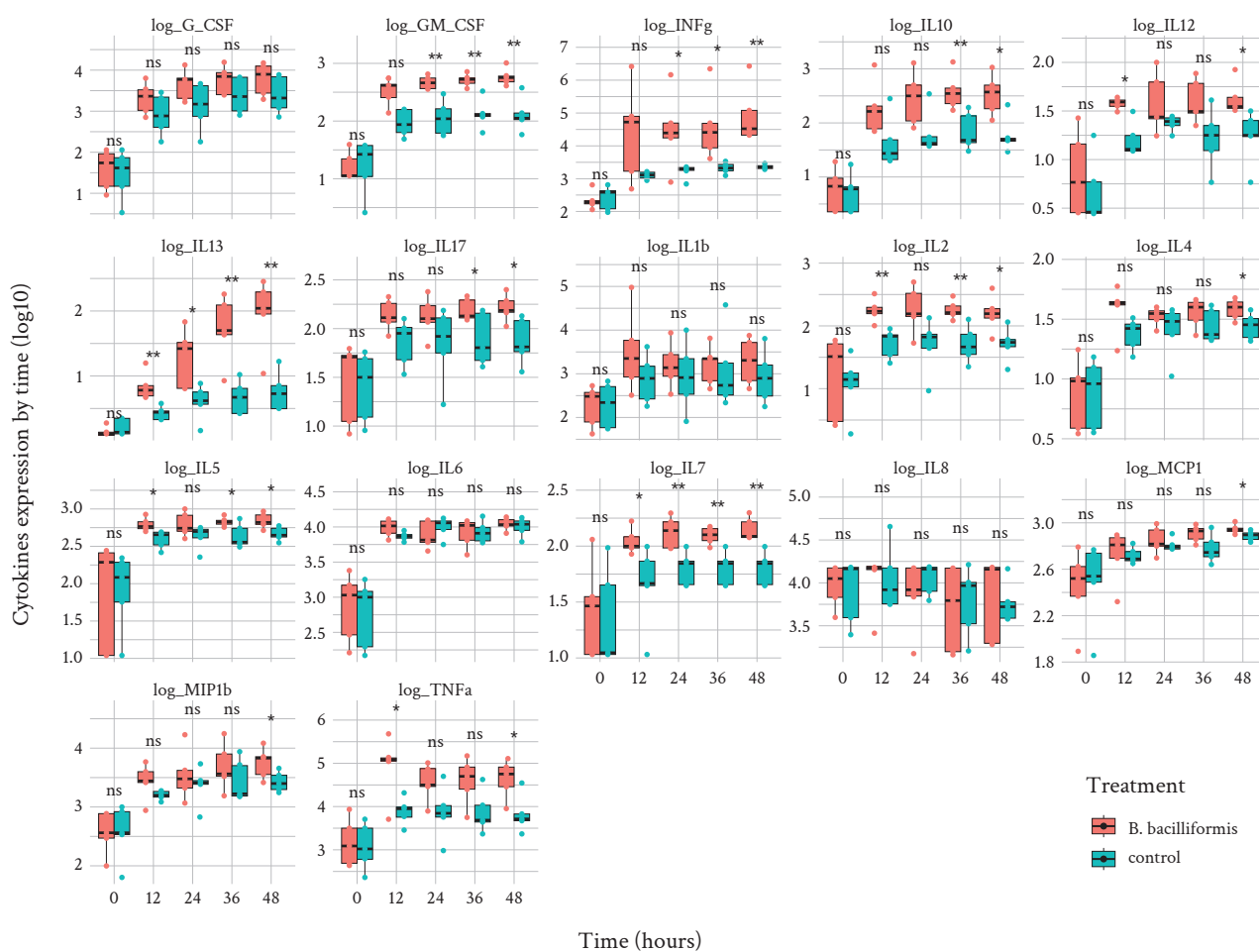


Figure 2. Cytokine expression of PBMC stimulated and unstimulated with *B. bacilliformis* by times.

No06 - Distribución de serotipos, biotipo y sensibilidad antibiótica de *Haemophilus influenzae* en niños portadores nasofaríngeos en Lima, Perú

Serotype, Biotype, and Antibiotic Susceptibility Distribution of *Haemophilus Influenzae* in Nasopharyngeal Carrier Children in Lima, Peru

Brayan E. Gonzales¹, Maria Pinedo-Bardales², Marcela Lopez-Briceño³, Edison Rivera Fernandez⁴, David Durand Vara⁵, Erik H. Mercado⁶, Faviola Valdivia⁷, Theresa Ochoa Woodell⁸.

¹ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, brayan.gonzales@upch.pe

² Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, maria.pinedo@upch.pe

³ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, marcela.lopez@upch.pe

⁴ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, edison.rivera@upch.pe

⁵ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, david.durand@upch.pe

⁶ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, erik.mercado@upch.pe

⁷ Instituto Nacional de Salud, Perú, fvaldivia@ins.gob.pe

⁸ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, theresa.ochoa@upch.pe

Palabras clave: *Haemophilus influenzae*, colonización, serotipos

Introducción:

Haemophilus influenzae puede causar infecciones como neumonía y meningitis, principalmente en niños, ancianos y pacientes inmunodeprimidos. Su transmisión ocurre principalmente por contacto con gotículas respiratorias de los portadores. Después de la introducción de la vacuna contra *H. influenzae* tipo b, la epidemiología de la enfermedad invasiva por este patógeno ha cambiado sustancialmente, favoreciendo la emergencia de cepas no tipificables. Asimismo, la creciente resistencia a betalactámicos, especialmente a penicilina, es motivo de preocupación. Las estrategias de prevención y manejo de *H. influenzae* deben basarse en estudios de vigilancia.

Objetivo:

Identificar los serotipos, biotipos, perfiles de resistencia antimicrobiana y factores asociados con la colonización de *H. influenzae* en niños < 24 meses que acuden a establecimientos de salud.

Métodos:

El estudio fue multicéntrico transversal utilizando muestras de un estudio previo sobre portadores de *S. pneumoniae*. Este estudio incluyó 888 hisopados nasofaríngeos de niños sanos de 2-24 meses de edad atendidos en consulta pediátrica de cinco hospitales en Lima entre 2018-2019. Los aislamientos se identificaron por morfología de colonia (en agar chocolate con bacitracina), ausencia de hemólisis, coloración Gram, prueba de catalasa y requerimiento de factores X y V. Adicionalmente, se evaluaron por PCR para detectar el gen *hpd* de *H. influenzae*. Los biotipos de los aislamientos positivos fueron evaluados mediante la prueba de ureasa, indol y ornitina. Se realizó una serie de PCR secuenciales para la serotipificación. La susceptibilidad antibiótica se determinó mediante el método de disco difusión. La descripción de las características y comparación fueron realizadas mediante la prueba de χ^2 y exacta de Fisher. El estudio fue evaluado por el Comité Institucional de Ética de la UPCH con código de registro SIDISI:207567.

Resultados:

La colonización fue del 4.1% (37 muestras) empleando métodos moleculares (todas no- tipificables) y 1.1% (10 aislamientos) por cultivo (8/10 biotipo I y 2/10 biotipo IV). Tener antecedente de prematuridad estuvo asociado

a mayor colonización en el análisis multivariado. De los aislamientos, 9/10 fueron resistentes a trimethoprim-sulfamethoxazole, 3/10 a ampicilina y cefuroxima y 2/10 a azitromicina (Tabla 1). Existe una coexistencia entre *H. influenzae* y otras bacterias como *S. pneumoniae* y *S. aureus* con el 24.3% (9/37) y 16.2% (6/37) (Tabla 2).

Conclusiones:

La colonización de *H. influenzae* fue del 4.1% siendo todas no-tipificables identificado por métodos moleculares. Estos métodos son de gran ayuda para estudios de vigilancia, así como mejorar el diagnóstico de pacientes con sospecha de infección por *H. influenzae*.

Tabla 1. Susceptibilidad antimicrobiana por el método de disco difusión de cepas de *Haemophilus influenzae* aislados de niños portadores nasofaríngeos (N=10).

Antibiótico	Resistente n	Intermedio n	Sensible n
SXT ^a	9/10	1/10	0/10
Ampicilina	3/10	1/10	6/10
Cefuroxima	3/10	3/10	4/10
Azitromicina	2/10	0/10	8/10
Tetraciclina	0/10	6/10	4/10
Cloranfenicol	0/10	0/10	10/10
Ampicilina-sulbactam	0/10	0/10	10/10
Amoxicilina-ácido clavulánico	0/10	0/10	10/10
Ciprofloxacino	0/10	0/10	10/10
Ceftriaxona	0/10	0/10	10/10

^a SXT: trimethoprim-sulfamethoxazole.

Tabla 2. Identificación de co-colonización de *Haemophilus influenzae*, *Streptococcus pneumoniae* y *Staphylococcus aureus* usando métodos microbiológicos y moleculares (PCR).

Estado de colonización	<i>H. influenzae</i> (microbiología)	<i>H. influenzae</i> (PCR)
	N=10	N=37
Solo <i>H. influenzae</i>	8 (80.0)	22 (59.5)
<i>H. influenzae</i> + <i>S. pneumoniae</i>	1 (10.0)	9 (24.3)
<i>H. influenzae</i> + <i>S. aureus</i>	1 (10.0)	6 (16.2)
<i>H. influenzae</i> + <i>S. pneumoniae</i> + <i>S. aureus</i>	0	0

Nota. *H. influenzae* fue identificado por métodos microbiológicos y moleculares. *S. pneumoniae* y *S. aureus* fueron identificados solo por métodos microbiológicos.

No07 - Búsqueda de marcadores moleculares en un modelo de quiescencia *in vitro* en *Leishmania mexicana*

Search for Molecular Markers in an In Vitro Quiescence Model of *Leishmania mexicana*

Sueline Luis Lam¹, Percy Huaihua Puma², Maria de los Ángeles Sernaqué Palomino³, Marco Alexander Tapia Zúñiga⁴, Jorge Luis Arévalo Zelada⁵

¹ Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, sueline.luis.l@upch.pe.

² Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, percy.puma@upch.pe

³ Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, maria.sernaque.p@upch.pe

⁴ Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, marco.tapia.z@upch.pe

⁵ Universidad Peruana Cayetano Heredia, jorge.arevalo@upch.pe

Palabras clave: Leishmaniasis, quiescencia, *Leishmania mexicana*, proteómica, transcriptómica

Introducción:

La leishmaniasis en el Perú es un problema de salud pública causada por el protozooario *Leishmania*. El causante de la enfermedad en el hospedero mamífero es el estadio amastigote, para el cual se ha descrito un estado de quiescencia *in vitro*, asociado a un metabolismo extremadamente bajo y una duplicación celular nula o infrecuente (1-3). Es de vital importancia, el identificar marcadores moleculares de amastigotes quiescentes *in vitro* debido a que la permitirá establecer si el estado de quiescencia se presenta de manera natural en los hospederos vertebrados y si éste estadio pudiera estar asociado a la persistencia del parásito y a la falla terapéutica.

Objetivo(s):

Desarrollar un modelo de quiescencia *in vitro* en condiciones de bajo nutrientes e hipoxia. Identificar transcritos abundantes en amastigotes quiescentes a través de estudios de transcriptómica (RNA-seq).

Identificar proteínas abundantes en amastigotes quiescentes a través de estudios de proteómica (MS).

Métodos:

El modelo axénico original, utilizado por Jara et al (3,4) fue modificado para incrementar el porcentaje de amastigotes quiescentes. Para esto, la cepa transgénica de *L. mexicana* MHOM/BZ/82/BEL21, que integra una GFP en su locus 18S rDNA, fue cultivada en condiciones de bajos nutrientes e hipoxia. Se utilizó citometría de flujo para monitorizar, a través del análisis de rGFP.

Medición de hemina en los parásitos utilizando el kit "Hemin Assay kit" de Abcam (ab65332).

Secuenciación de RNA en ITM Amberes-Bélgica.

Análisis de proteómica (MS) en Instituto Oswaldo Cruz Brasilia-Brasil

Resultados:

Existe una mayor acumulación de hemina en los parásitos quiescentes en comparación a los promastigotes.

Se identificaron 225 genes sobreexpresados y 142 subexpresados en los amastigotes quiescentes.

Se identificó una mayor cantidad de proteínas asociados al metabolismo de hemo en los amastigotes quiescentes en hipoxia al ser comparados con los normoxicos.

Conclusiones:

Se desarrolló un modelo *in vitro* de amastigotes quiescentes con una inducción del 91.13% de amastigotes quiescentes, este método está siendo mejorado para simplificar las condiciones (uso de cámara hipóxica).

Se identificaron 225 genes sobreexpresados y 142 subexpresados en los amastigotes quiescentes, se está trabajando en la identificación de dichos genes.

Existe una mayor acumulación de hemina en los amastigotes quiescentes, se debe identificar el compuesto hemo que se acumula y cómo lo hace.

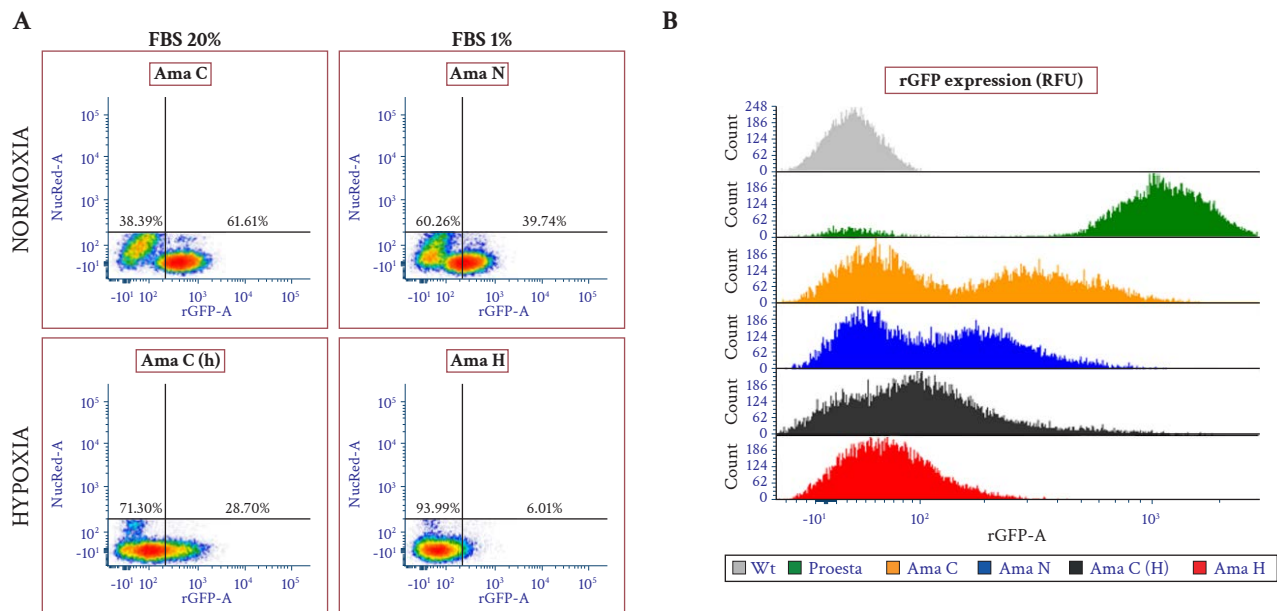


Figura 1. Ama H produce una población quiescente más homogénea y predominante. A) Gráficos de citometría de flujo, el eje X representa la expresión de rGFP mientras que el eje Y representa las células vivas que son NucRed negativas. B) Histograma de expresión de rGFP por citometría de flujo. Wt: cepa silvestre. Proesta: Promastigotes estacionarios. Ama C: Amastigotes axénicos inducidos con condiciones de Jara y colaboradores. Ama N: Amastigotes axénicos en condiciones de bajos nutrientes en normoxia. Ama C (H): Ama C en condiciones de hipoxia. Ama H: Amastigotes axénicos en condiciones de bajos nutrientes e hipoxia.

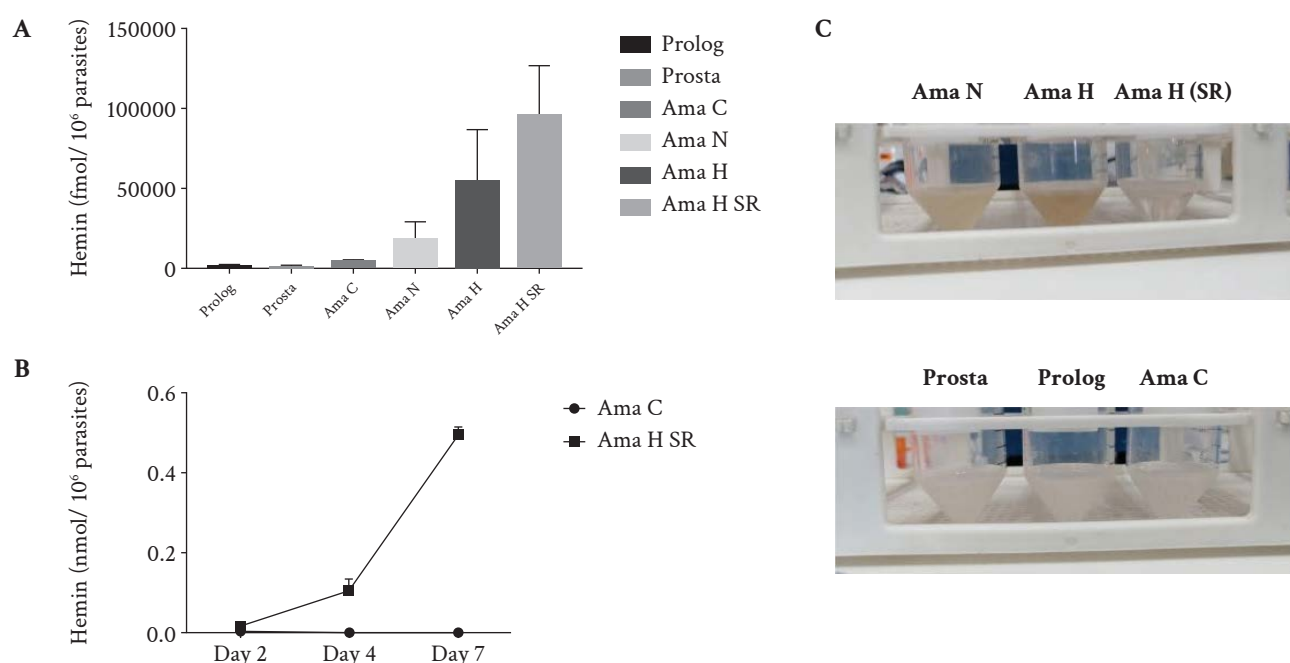


Figura 2. A) Cuantificación de hemina con el kit “Hemin assay” de Abcam. B) Comparación de acumulación de hemina en los días 2, 4 y 7 entre Ama C y Ama H (SR). C) Coloración de pellets de cultivos de *L. mexicana*. Ama N: Amastigotes axénicos en condiciones de bajos nutrientes en normoxia. Ama H: Amastigotes axénicos en condiciones de bajos nutrientes e hipoxia. Ama H (SR): Amastigotes axénicos en condiciones de bajos nutrientes e hipoxia con menor concentración de parásitos. Proesta: Promastigotes estacionarios. Prolog: Promastigotes logarítmicos. Ama C: Amastigotes axénicos inducidos con condiciones de Jara y colaboradores.

No08 - Asociación de las variantes en TAP1/TAP2 y virus Epstein-Barr con enfermedades linfoproliferativas: estudio de casos-controles en población mexicana

Association of TAP1/TAP2 Variants and Epstein-Barr Virus with Lymphoproliferative Disorders: A Case-Control Study in the Mexican Population

Karel César Licona Lasteros¹, Eduardo Navarrete Medina², Sergio Yair Rodríguez Preciado³, Jaime Palomares Marin⁴, Gerardo Cazarez Navarro⁵, Paola Chabay⁶, Ramón Antonio Franco Topete⁷, Iván Isidro Hernández Cañaveral⁸

¹ Doctorado en Microbiología Médica, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara, Guadalajara 44340, Jalisco, Mexico, karel.licona@alumnos.udg.mx

² Departamento de Microbiología y Patología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara, Guadalajara 44340, Jalisco, México, eduardo.navarrete5905@academicos.udg.mx

³ Laboratorio de Sistemas Biológicos. Departamento de Ciencias de la Salud, Centro Universitario de los Valles, Universidad de Guadalajara, Ameca 46708, Jalisco, México, sergio.rodriguezp@academicos.udg.mx

⁴ Departamento de Microbiología y Patología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara, Guadalajara 44340, Jalisco, México, jaime.palomares@academicos.udg.mx

⁵ Secretaría de Salud Jalisco, Guadalajara 44100, Jalisco, México, gecana55@hotmail.com

⁶ Laboratorio de Biología Molecular, División Patología, Instituto Multidisciplinario de Investigación en Patologías Pediátricas (IMIPP), Hospital de Niños Ricardo Gutiérrez, Buenos Aires, Argentina, pchabay@conicet.gov.ar

⁷ Departamento de Microbiología y Patología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara, Guadalajara 44340, Jalisco, México, ramon.ftopete@academicos.udg.mx

⁸ Departamento de Microbiología y Patología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara, Guadalajara 44340, Jalisco, México, isidro.hernandez@academicos.udg.mx

Palabras clave: Epstein-Barr virus, Enfermedades linfoproliferativas, Variantes genéticas, TAP

Introducción:

Las enfermedades linfoproliferativas (LPD) representan un grupo heterogéneo de patologías caracterizadas por proliferación desregulada de linfocitos. El virus Epstein-Barr (VEB) es un factor etiológico importante en varios subtipos de LPD. El complejo transportador asociado con el procesamiento de antígenos (TAP) es crucial para la presentación antigénica vía MHC- I y, por tanto, para la eliminación de células infectadas por virus o transformadas. Las variantes genéticas (SNV) de TAP1/TAP2 podrían influir en la susceptibilidad a LPD, especialmente en presencia del VEB.

Objetivo(s):

Determinar la asociación entre las variantes genéticas en TAP1 (rs1135216, rs1057141) y TAP2 (rs241447, rs1800454) con LPD reactivas y neoplásicas, y su relación con la infección por VEB.

Métodos:

Estudio observacional analítico caso-control retrospectivo realizado en el Hospital Civil "Dr. Juan I. Menchaca" de Guadalajara, México (2019-2024). Se analizaron 180 muestras de LPD (110 reactivas, 70 neoplásicas) embebidas en parafina y 90 controles sanos. La identificación del VEB se realizó mediante qPCR e inmunohistoquímica (LMP-1). Las variantes TAP1 (rs1135216, rs1057141) y TAP2 (rs241447, rs1800454) se identificaron por discriminación alélica usando qPCR. Se determinaron frecuencias alélicas y genotípicas, verificando equilibrio de Hardy-Weinberg. El análisis estadístico incluyó pruebas de Chi-cuadrada, test exacto de Fisher, cálculo de OR con IC95% y modelos de regresión logística multivariada. El estudio fue aprobado por el Comité de Ética Institucional (HCG/CEI-0146).

Resultados:

Se analizaron 180 casos (61.1% LPD reactivas, 38.9% neoplásicas). VEB mostró mayor asociación con LPD neoplásicas (51.43%) vs reactivas (22.73%). (OR 3.60, IC95% 1.905- 6.692, $p<0.0001$), predominando en linfoma de Hodgkin (73.08%). TAP1 rs1057141 mostró menor riesgo en LPD reactivas VEB+ (OR 0.20, IC95%=0.06-0.68, $p=0.009$) y neoplásicas VEB+ (OR 0.36, IC95%=0.14-0.87, $p=0.03$). TAP1 rs1135216 se asoció con mayor riesgo en Linfoma Hodgkin VEB+ (OR 8.25, IC95%=1.28-53.2, $p=0.026$). TAP2 rs241447 mostró menor riesgo en LPD reactivas (OR 0.55, IC95%=0.35-0.87, $p=0.01$), mientras TAP2 rs1800454 se asoció con mayor riesgo en Linfoma Hodgkin VEB+ (OR 4.53, IC95%=1.08-19.0, $p=0.039$). Se identificó un gradiente significativo por edad en la positividad del VEB, con riesgo incrementado en el grupo de 30-59 años (OR 3.31, $p=0.005$).

Conclusiones:

Nuestros hallazgos demuestran una interacción significativa entre variantes genéticas de TAP1/TAP2 y la presencia de VEB en LPD: TAP1 rs1057141 confiere protección, mientras TAP1 rs1135216 y TAP2 rs1800454 aumentan el riesgo de linfoma Hodgkin VEB +. Estos resultados sugieren mecanismos moleculares específicos en la interacción virus-hospedero que podrían contribuir al desarrollo de estrategias de prevención y tratamiento personalizados en pacientes con LPD.

Tabla 1. Asociación entre VEB y tipos de LPD

Tipo de LPD	VEB+ (%)	VEB- (%)	OR	IC 95%	p
Neoplásica	36 (51.43%)	34 (48.57%)	3.60	1.91-6.69	<0.0001
Reactiva	25 (22.73%)	85 (77.27%)	1.0 (Ref.)	-	-

OR: odds ratio; IC: intervalo de confianza; Se consideró significativo un valor $p<0.05$

Tabla 2. Asociación de variantes TAP1/TAP2 con LPD según la presencia de VEB

SNV	Tipo de LPD	Modelo	Genotipos	OR	IC 95%	p
TAP1 rs1057141	LPD reactivas VEB+	Alélico	G vs A	0.20	0.06-0.68	0.009
		Dominante	GG+GA vs AA	0.20	0.05-0.73	0.01
		Codominante	GA vs AA	0.25	0.07-0.89	0.04
	LPD neoplásicas VEB+	Dominante	GG+GA vs AA	0.36	0.14-0.87	0.03
		Codominante	GA vs AA	0.32	0.12-0.92	0.04
		Recesivo	GG vs GA+AA	8.25	1.28-53.2	0.026
TAP1 rs1135216	Linfoma Hodgkin VEB+	Codominante	GG vs AA	8.38	1.27-55.2	0.027
		Alélico	G vs A	0.55	0.35-0.87	0.01
TAP2 rs241447	LPD reactivas	Dominante	GG+GA vs AA	0.55	0.32-0.90	0.04
		Recesivo	AA vs AG+GG	4.53	1.08-19.0	0.039

OR: odds ratio; IC: intervalo de confianza; Se consideró significativo un valor $p<0.05$. Los modelos alélico, dominante, recesivo y codominante se refieren a diferentes patrones de herencia genética.

O004 - Búsqueda y caracterización de hongos en un museo arqueológico de Tunja, Colombia

Search and Characterization of Fungi in an Archaeological Museum in Tunja, Colombia

Ana Yervid Rodríguez Sáenz¹, Bernardo Francisco Meléndez Álvarez²

¹ Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, anayervid.rodriguez@uptc.edu.co

² Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, bernardo.melendez@uptc.edu.co

Palabras clave: Hongos, museo, biodeterioro, infecciones.

Introducción:

Los hongos se encuentran en diversos hábitats, incluyendo lugares extremos como desiertos, zonas altamente salinas y áreas de interés histórico y cultural. El museo en estudio, resguarda colecciones de gran relevancia, como la de cerámica arqueológica, cerámica etnográfica, monolitos, herramientas líticas, restos óseos animales y vegetales, metales arqueológicos, así como una colección de enterramientos. Estas valiosas piezas almacenadas en el museo están expuestas a posibles riesgos de biodeterioro y la exposición de los trabajadores durante la jornada laboral a gran cantidad de esporas fúngicas que pueden causarles enfermedades ocupacionales.

Objetivo(s):

Determinar la presencia de hongos patógenos, en un Museo Arqueológico de Tunja, Colombia.

Caracterizar los hongos encontrados en un Museo arqueológico de Tunja, Colombia.

Métodos:

Se llevó a cabo un estudio descriptivo de corte transversal, en un periodo de 6 meses, en el que se recolectaron 50 muestras de aire, superficies y restos antropológicos de dos salones de un museo arqueológico. Estas muestras se cultivaron en agar Sabouraud con Cloranfenicol y se incubaron a temperatura ambiente durante dos semanas. Posteriormente, se realizaron evaluaciones macroscópicas y microscópicas de los cultivos micóticos, incluyendo un análisis con hidróxido de potasio al 10% y azul de lactofenol y la coloración de Gram para cultivos de levaduras. La identificación de los géneros fúngicos se llevó a cabo utilizando claves de identificación. Todos los datos se procesaron utilizando los programas Microsoft Office Word 2019 y Microsoft Office Excel 2019. Este estudio se clasifica como un estudio de riesgo mínimo y se condujo siguiendo las normas éticas aplicables a trabajos de investigación.

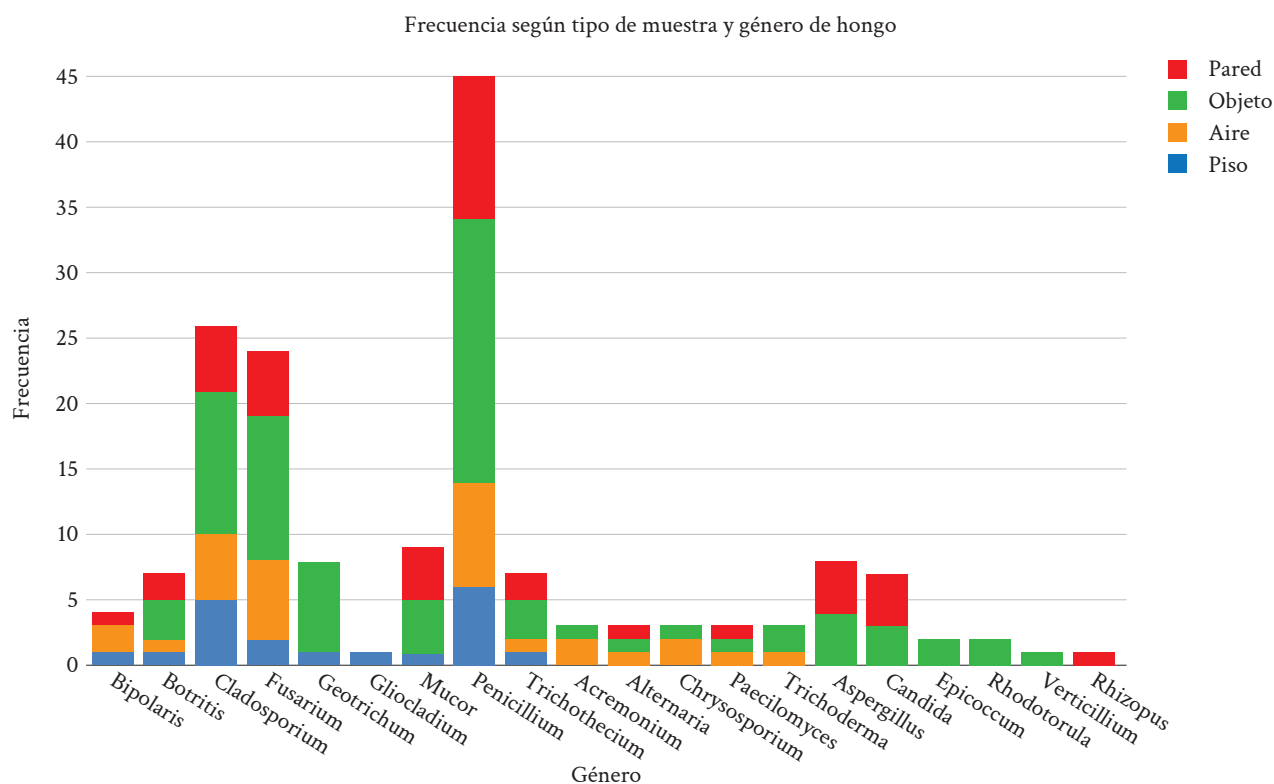
Resultados:

Se logró aislar e identificar un total de 20 géneros de hongos filamentosos y levaduras; en aire 11, en superficies 13, en restos bioantropológicos 9 y en objetos de cerámica 12. Los géneros más frecuentes fueron *Penicillium* (26.9%), *Cladosporium* (15.6%), *Fusarium* (14.4%) y *Mucor* (5.4%), seguidos por *Aspergillus* (4.8%), *Geotrichum* (4.8%),

Candida (4.2%) y *Botritis* (4.2%). En menor proporción se aislaron *Epicoccum*, *Gliocladium*, *Rhizopus* y la levadura *Rhodotorula*.

Conclusiones:

Los resultados de este estudio evidencian la diversidad de hongos con potencial patógeno, que pueden desencadenar infecciones en el personal que labora allí y para los visitantes, viendo así la importancia de establecer protocolos de higiene y de desinfección en este museo, y análisis de los demás museos de la ciudad de Tunja.



Fuente: el estudio.

Figura 1.

O005 - Microbiología de las infecciones asociadas a fracturas en Perú

Microbiology of Fracture-Associated Infections in Peru

Nicolas Antúnez de Mayolo¹, Daniel Zegarra Rivera², Omayra Chinchá³

¹ Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, nicolas.antunez.de.mayolo@upch.pe

² Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, daniel.zegarra.r@upch.pe

³ Hospital Nacional Cayetano Heredia, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, omayra.chincha.l@upch.pe

Palabras clave: Infección, fractura, microbiología

Introducción:

Las infecciones asociadas a fracturas (IAF) son complicaciones post-quirúrgicas importantes con altos costos socioeconómicos para los pacientes y los servicios de salud. Los estudios de IAF realizados en países de altos ingresos muestran que las principales bacterias causantes de estas infecciones son los cocos Gram-positivo (CGP); sin embargo, conocer la etiología local es importante para optimizar la terapia antibiótica de estas infecciones.

Objetivos:

Identificar las bacterias y su perfil de resistencia causantes de las IAF en el Hospital Nacional Cayetano Heredia en Lima, Perú en el periodo 2022-2023.

Métodos:

Estudio descriptivo, retrospectivo de revisión de reportes operatorios y registros de laboratorio. Se incluyó pacientes con diagnóstico de IAF sometidos a limpieza quirúrgica y que tuvieran al menos un cultivo de tejido profundo recolectado en sala de operaciones. Se recolectó datos demográficos y microbiológicos. Se calculó frecuencias absolutas y relativas. El estudio contó con aprobación de ética.

Resultados:

Se incluyó un total de 51 pacientes (72.6% hombres, mediana de edad 47.6 años). De los 60 cultivos obtenidos, el 68% fueron positivos y el 76% monomicrobianos. Los Bacilos Gram-negativos (BGN) representaron el 73% de todos los aislamientos, siendo *Escherichia coli* (22.9%) la más frecuente. Otros BGN fueron *Enterobacter cloacae* (14.6%) y *Pseudomonas aeruginosa* (12.5%). Entre las Enterobacterias, el 53.8% fueron resistentes a ceftriaxona, el 76.9% a ciprofloxacino y el 15.3% a meropenem. Para *P. aeruginosa*, el 50% de los aislamientos mostraron resistencia a cefepime, el 33.3% a ceftazidima, el 33.3% a ciprofloxacino y levofloxacino, y el 16.6% a carbapenémicos. Con respecto a los CGP, *Staphylococcus aureus* representó el 18.8% de los aislados, de los cuales el 55% fueron resistentes a la oxacilina.

Conclusiones:

Los BGN, principalmente Enterobacterias con altas tasas de resistencia a cefalosporinas de tercera generación y quinolonas, fueron la causa predominante de IAF, similar a lo reportado previamente en otros países de bajos y medianos ingresos. Este resultado proporciona los primeros datos de IAF en un hospital de referencia en Perú y ofrece información valiosa para desarrollar protocolos en el tratamiento de las IAF y mejorar las estrategias para reducir la propagación de patógenos resistentes a múltiples fármacos. Se requieren estudios prospectivos y de mayor tamaño muestral para mejorar el conocimiento de las IAF a nivel local.

Tabla 1. Bacterias aisladas (n = 48)

Enterobacterias	26 (54.2%)
<i>Escherichia coli</i>	11 (22.9%)
<i>Enterobacter cloacae</i>	7 (14.6%)
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	3 (6.2%)
otros	5 (10.4%)
Cocos Gram-positivos	13 (27.1%)
<i>Staphylococcus aureus</i>	9 (18.8%)
<i>Staphylococcus coagulasa-negativos</i>	1 (2.1%)
<i>Enterococcus sp.</i>	3 (6.2%)
No fermentadores	9 (18.8%)
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	6 (12.5%)
otros	3 (6.3%)

Tabla 2. Patron de resistencia de los principales BGN

Antibiótico	<i>Escherichia coli</i> (n=11)	<i>Enterobacter cloacae</i> (n=7)	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> (n=6)
Amikacina	0	14.3%	0
Ampicilina / sulbactam	36.4%	71.4%	-
Aztreonam	0	0	33.3%
Cefepime	36.4%	57.1%	50%
Cefoxitina	9%	57.1%	-
Ceftazidima	63.4%	42.8%	33.3%
Ceftriaxona	54.6%	57.1%	-
Ciprofloxacina	72.7%	100%	33.3%
Colistina	0	0	0
Ertapenem	0	14.3%	-
Gentamicina	36.4%	42.8%	-
Levofloxacina	-	-	33.3%
Imipenem	0	0	16.6%
Meropenem	0	0	16.6%
Piperacilina/tazobactam	0	0	16.6%
Tigeciclina	9%	0	-
Trimetoprim/sulfametoxazol	72.7%	0	-

O007 - Epidemiología y reemergencia de tos ferina en Guatemala, 2012-2025

Epidemiology and Reemergence of Pertussis in Guatemala, 2012–2025

Herberth Maldonado Briones¹, Ericka Gaitán Soto², Carmen Mazariegos³, Adib Rodríguez Solares⁴, Stephany Velásquez⁵, Mario Melgar Toledo⁶

¹ Centro de Estudios en Salud, Universidad del Valle de Guatemala, Guatemala, hgmaldonado@uvg.edu.gt

² Dirección de Epidemiología y Gestión de Riesgo, Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, Guatemala, egsoto@msp.as.gob.gt

³ Dirección de Laboratorio Nacional de Salud, Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, Guatemala, mazariegos.carmen@lms.gob.gt

⁴ Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Istmo, Guatemala, arodriguez@unis.edu.gt

⁵ Dirección de Laboratorio Nacional de Salud, Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, Guatemala, stephanyirazema@gmail.com

⁶ Hospital Roosevelt, Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, Guatemala, mariomelgart@gmail.com

Palabras clave: Tos ferina, reemergencia, *B. pertussis*

Introducción:

La tos ferina es una enfermedad infecciosa altamente contagiosa que representa un importante problema de salud pública a nivel mundial. La cobertura de vacunación para la prevención de la tos ferina se vio afectada por la pandemia de COVID-19, sin alcanzar coberturas útiles. En 2025 se ha reportado un incremento de tosferina en México, Colombia y Perú.

Objetivo(s):

Describir la epidemiología de tosferina en Guatemala y el brote actual. Métodos:

Realizamos un análisis descriptivo de la vigilancia de tos ferina en Guatemala del 2012 a la semana epidemiológica 12 del 2025. La vigilancia utiliza la definición de caso clínico de la Organización Mundial de la Salud (OMS), mientras que la confirmación de laboratorio se logra mediante el aislamiento de *Bordetella pertussis* o la detección de secuencias genómicas mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en el Laboratorio Nacional de Referencia del Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social. Estudio de riesgo mínimo de resultados de una vigilancia, no involucra contacto con sujetos humanos.

Resultados:

Durante el período prepandémico de 2012 a 2019, se notificaron 2115 casos clínicos de tos ferina, con un promedio de 265 notificaciones por año. De estos casos, 505 (23.9%) fueron confirmados por laboratorio y se notificaron 34 muertes (6.7%). En el año pandémico de 2020, se notificaron 71 casos clínicos de tos ferina, con 10 casos confirmados por laboratorio (14%), observando una interrupción en la notificación a partir de mayo. En los años pospandémicos de 2021 a 2023, solo se notificaron 74 casos clínicos, ninguno confirmado por laboratorio. En 2024, se notificaron 61 casos clínicos, con nueve casos confirmados por laboratorio para *B. pertussis* (14.8%) y 34 para *B. parapertussis* (55.7%). Durante las primeras 12 semanas de 2025, se han notificado 57 casos clínicos, con 17 casos confirmados por laboratorio (29.8%) y una muerte de un niño de 2 meses (6%).

Conclusiones:

El último brote de tosferina en Guatemala ocurrió en 2016. La pandemia tuvo un efecto negativo en las notificaciones de la vigilancia de tosferina, con un silencio epidemiológico durante 2021-2023. Durante el 2024 reemergió la tos ferina aunque las cifras se mantuvieron por debajo de los años prepandémicos. En 2025 se observa aumento en la incidencia de tos ferina, afectando principalmente a menores de un año, aunque se presentan casos en todos los grupos de edad. Es urgente concienciar sobre la enfermedad y la vacunación, así como fortalecer la vigilancia epidemiológica y las medidas de vacunación.

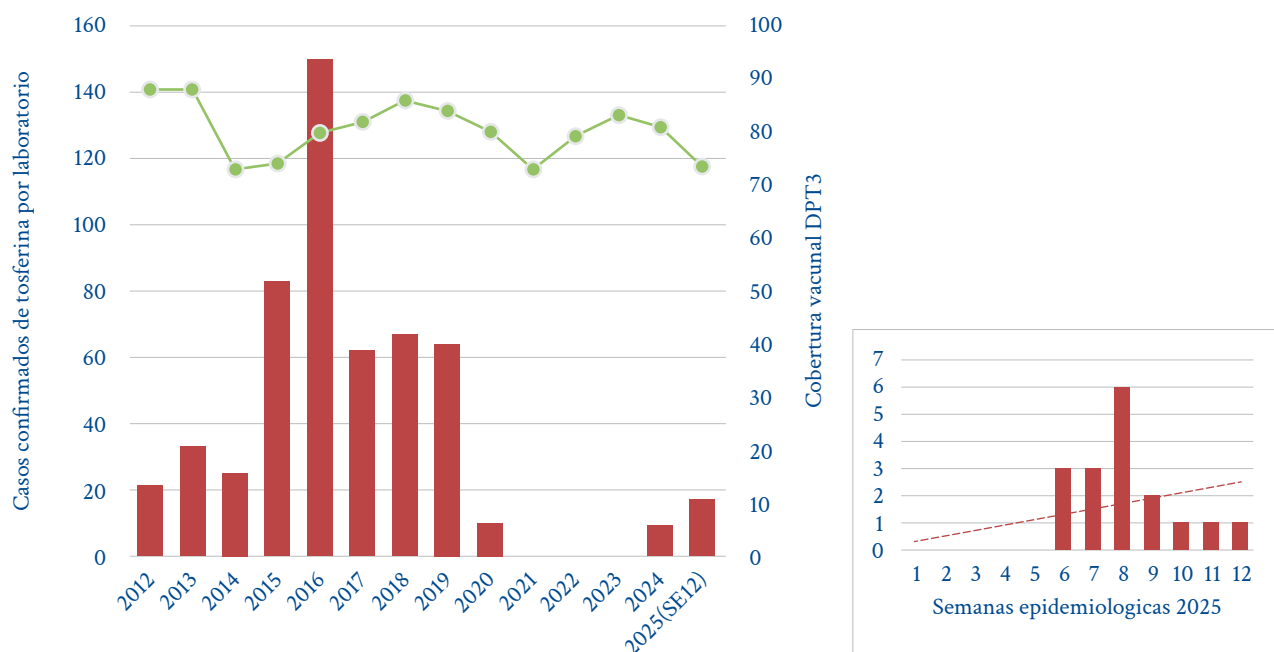


Figura 1. Casos confirmados de tosferina y cobertura DPT3 en Guatemala, 2012-2025

II. Series de casos clínicos

XXII Congreso de la Asociación Panamericana de Infectología y
XIX Congreso de la Sociedad Peruana de Enfermedades Infecciosas
y Tropicales

A020 - Yellow Fever in Santa Cruz, Bolivia, 2023-2025: a five-case series

Fiebre amarilla en Santa Cruz, Bolivia, 2023–2025: Serie de cinco casos

Wilmer E. Villamil-Gómez¹, Boris Chang Changa², Rosmery Gross³, Cristian Pacheco-Jimenez⁴, Alfonso J. Rodriguez-Morales^{5,6}

¹ Centro de Investigación en Ciencias de la Vida, Universidad Simón Bolívar, Barranquilla, Colombia, wilmer.villamil@unisimon.edu.co

² Servicio Departamental de Salud, Santa Cruz, Bolivia, borismedic@hotmail.com

³ Hospital San Juan de Dios, Santa Cruz, Bolivia, rosmerygros@hotmail.com

⁴ Universidad Autónoma de Bucaramanga (UNAB), Bucaramanga, Santander, Colombia, cristiandpj@icloud.com

⁵ Grupo de Investigación Biomedicina, Faculty of Medicine, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas-Institución Universitaria Visión de las Américas, Pereira, Risaralda 660003, Colombia, alfonso.rodriguez@uam.edu.co

⁶ Faculty of Health Sciences, Universidad Científica del Sur, Lima, 4861, Peru.

Keywords: Yellow fever; Bolivia; Santa Cruz; Arboviruses; Sylvatic transmission; Vaccination coverage; Clinical epidemiology.

Introduction:

Yellow fever is an acute viral hemorrhagic disease transmitted by infected mosquitoes, primarily *Aedes* and *Haemagogus* species, in both urban and sylvatic areas. It presents with fever, jaundice, bleeding, and in severe cases, multi-organ failure. Despite the availability of an effective vaccine, outbreaks persist in endemic regions. In recent years, South America has experienced resurgences, particularly in Brazil, Peru, Colombia, and Bolivia, where sporadic cases and localized outbreaks continue to pose a significant public health concern.

Objectives:

To describe the findings of five cases of yellow fever in Santa Cruz, Bolivia, from 2023 to 2025.

Methods:

Clinical description of yellow fever cases.

Results:

Between 2023 and 2025, five confirmed cases of yellow fever occurred in Santa Cruz, Bolivia, affecting previously healthy males aged 17 to 32. All patients presented with fever, and most developed jaundice and hepatic dysfunction. Two patients, both unvaccinated, developed severe complications: one from Puerto Suárez experienced intracranial hemorrhage and multiorgan failure, resulting in death (1/5, 20% case fatality rate); another from San Ignacio de Velasco developed acute renal failure requiring dialysis but recovered. The other three cases (from Porongo and Roboré) had milder disease courses, with full recovery in two cases, which were managed as outpatients. PCR confirmed yellow fever in four cases, and one was diagnosed by positive IgM serology. Patients had no history of documented vaccination. One reported a known contact with another case.

Conclusions:

These findings highlight the clinical variability of yellow fever, its severity in unvaccinated individuals, and the importance of vaccination and early diagnosis in endemic regions. The occurrence of five cases across different municipalities in Santa Cruz points to ongoing sylvatic transmission and the vulnerability of unvaccinated populations, especially young adult males engaged in outdoor activities. One fatal case and another requiring dialysis underscore the disease's potential lethality and burden on healthcare services. Diagnostic challenges further underscore the need for enhanced surveillance, strengthened laboratory capacity, and increased public awareness. The lack of documented vaccination among all patients reveals significant gaps in immunization coverage, even in areas with endemic diseases. Public health strategies must enhance vaccine uptake, particularly in rural and peri-urban areas adjacent to forested regions. Timely diagnosis and a preventive approach are crucial to reduce mortality. Field research remains vital for contact tracing and limiting the spread of outbreaks. These cases reaffirm that yellow fever remains a public health threat in Bolivia and the broader South American region.

E005 - Desarrollo de Herpes Zoster en pacientes con Leishmaniasis Tegumentaria Americana: reporte de serie de casos

Herpes zoster development in patients with American Tegumentary Leishmaniasis: case series report

Angel Eduardo Guillen Huaylla¹, Carolina Stephanie Piscoya Carpio², Alejandro Llanos Cuentas³, Fiorela Yuly Alvarez Romero⁴

¹ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt-Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, angel.guillen@upch.pe

² Instituto de Medicina Tropical Alexander Von Humboldt-Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, carolina.piscoya.c@upch.pe

³ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt-Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, alejandro.llanos.c@upch.pe

⁴ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt- Universidad Peruana Cayetano Heredia, Hospital Cayetano Perú, fiorela.alvarez.r@upch.pe

Palabras clave: Leishmaniasis Cutánea, Antimoniales pentavalentes, Herpes Zóster

Introducción:

La Leishmaniasis Tegumentaria Americana (LTA), causada por la infección parasitaria de *Leishmania spp.* es una enfermedad tropical desatendida en la región. Perú es uno de los países con mayor incidencia de casos de LTA. Desde hace décadas el tratamiento de primera línea son los antimoniales pentavalentes sistémicos. La reactivación de herpes zoster fue observada por primera vez tras la administración de antimoniales en 1947 y es un fenómeno poco reportado del cual no se conoce el mecanismo exacto. En la literatura peruana la información al respecto es muy limitada, por lo cual resulta relevante conocer las características del fenómeno a nivel local

Objetivo(s):

Describir las características sociodemográficas, manifestaciones clínicas y evolución de pacientes con LTA que desarrollaron herpes zóster (HZ) en el servicio de Enfermedades Metaxénicas y Zoonóticas del Hospital Cayetano Heredia (HCH).

Métodos:

Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo, evaluando historias clínicas de pacientes con LTA que desarrollaron herpes zoster mientras eran atendidos en el servicio entre los años 2012-2024. Se recolectó la información de variables sociodemográficas (edad, ocupación, lugar de contagio), clínicas (tipo de lesión, lugar de lesión, tiempo de enfermedad) y tratamientos empleados. Se recopiló los datos en una base con Microsoft Excel y se realizó análisis univariado descriptivo empleando Stata S.E. 18. La base de datos fue anonimizada.

Resultados:

De 2325 historias clínicas evaluadas, en 36 casos (1.5%) reportaron herpes zoster (HZ). Ambos sexos fueron afectados, con edades desde 9 a 84 años y una mediana de 53 (RIQ:16), siendo los mayores de 60 los más afectados (41.67%). El HZ ocurrió usualmente en pacientes con leishmaniasis aguda con una mediana de tiempo de enfermedad de 3 meses (rango: 1- 24, RIQ: 3.75), afectando principalmente la cabeza y tórax, mayormente los dermatomas D1- D8 (54.54%). Todos los pacientes recibieron antimoniales pentavalentes, ya sea en monoterapia (58.33%) o con adyuvantes (33.34%). Las lesiones aparecieron con una mediana de 21 días tras inicio de terapia (RIQ:17). El tratamiento más usado fue aciclovir (5 días) más prednisona (5 días), con respuesta usualmente buena, aunque 4 pacientes desarrollaron neuralgia post herpética.

Conclusiones:

- El HZ ocurrió en el 1.5% de los pacientes con LTA que recibieron antimoniales pentavalentes.
- El HZ afectó con mayor frecuencia a pacientes varones mayores de 60 años con leishmaniasis aguda.
- La aparición de HZ fue en promedio 21 días tras el inicio del tratamiento antimonial.
- Afectó todos los segmentos del cuerpo, con mayor frecuencia en cabeza y tórax

Tabla 1. Datos generales y clínicos de los pacientes con LTA y HZ (n=36).

	N / %
Sexo	
Masculino	15 (41.67)
Femenino	21 (58.33)
Edad (años)	53 [42.50 - 66.50] ^a
Grupos etarios	
< 20 años	3 (8.33)
20-40 años	5 (13.89)
41-60 años	13 (36.11)
> 60 años	15 (41.67)
Tiempo de enfermedad (meses)	3 [1.75 - 5.50] ^a
Tipo de leishmaniasis	
Aguda (< 3 meses)	19 (52.78)
Subaguda (3 - 6 meses)	6 (16.67)
Crónica (>6 meses)	7 (19.45)
No específica	4 (11.11)
Tratamiento antiparasitario	
Estibogluconato de sodio	21 (58.33)
Estibogluconato de sodio + pentoxifilina	11 (30.56)
Estibogluconato de sodio + imiquimod	1 (2.78)
Estibogluconato de sodio + Glucantime	1 (2.78)
Glucantime	1 (2.78)
No específica	1 (2.78)
Días aparición HZ postratamiento	21 [14- 31] ^a
Neuralgia post herpética	
No	32 (88.89)
Si	4 (11.11)

a.Los datos se presentan como mediana [p25 – p75]

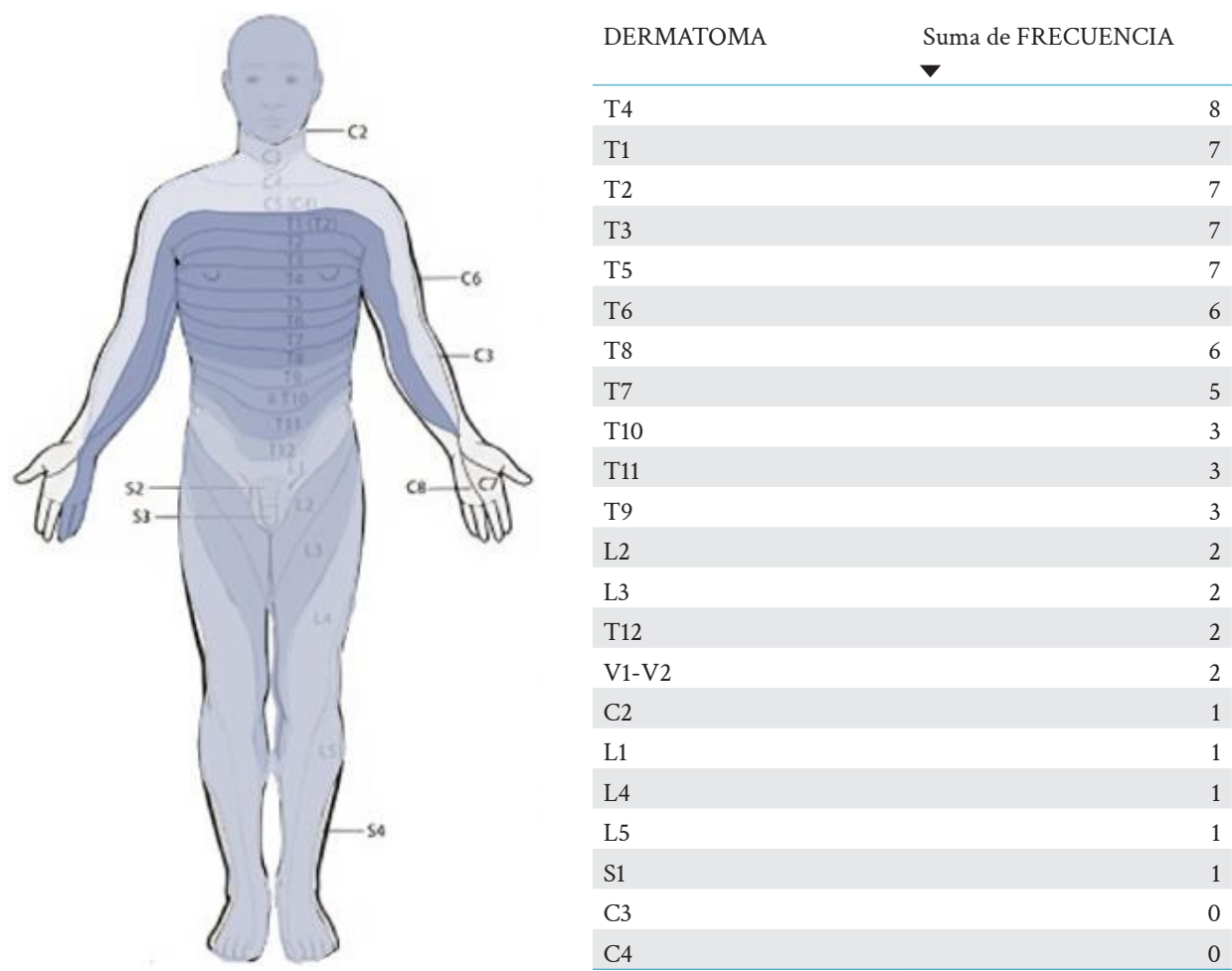


Figura 1. Distribución de dermatomas afectados por HZ.

E006 - Leishmaniasis diseminada: serie de casos de una forma rara de la enfermedad en un centro de referencia nacional

Disseminated leishmaniasis: case series of a rare form of the disease at a national referral center

Angel Eduardo Guillen Huaylla¹, Omar Alejandro Cuizano Sachun², Carolina Stephanie Piscoya Carpio³, Alejandro Llanos Cuentas⁴, Fiorela Yuly Alvarez Romero⁵

¹ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt-Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, angel.guillen@upch.pe

² Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt-Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, omar.cuizano.s@upch.pe

³ Instituto de Medicina Tropical Alexander Von Humboldt-Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, carolina.piscoya.c@upch.pe

⁴ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt-Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, alejandro.llanos.c@upch.pe

⁵ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt- Universidad Peruana Cayetano Heredia, Hospital Cayetano Heredia, Perú, fiorela.alvarez.r@upch.pe

Palabras clave: Leishmaniasis Tegumentaria Americana, Leishmaniasis Diseminada, Epidemiología

Introducción:

La leishmaniasis es un problema de salud a nivel global y una de las enfermedades tropicales desatendidas en América, siendo Perú uno de los países con mayor incidencia. La Leishmaniasis Diseminada (LD) es una de las variantes más raras de la enfermedad, definida por la presencia de ≥ 10 lesiones en mínimo 2 zonas no contiguas del cuerpo. Pese a sus primeros reportes hace más de un siglo, su mecanismo y caracterización son aún motivo de estudio. En Perú, esta forma de leishmaniasis ha sido poco descrita. La caracterización de casos de LD puede ayudar a mejorar la comprensión clínica y epidemiológica de esta infección.

Objetivo(s):

Describir las características epidemiológicas, clínicas y de tratamiento de los pacientes con Leishmaniasis Diseminada evaluados en el servicio de Enfermedades Metaxénicas y Zoonóticas del Hospital Cayetano Heredia (HCH).

Métodos:

Se realizó una serie de casos, basado en la revisión de historias clínicas de pacientes con LD evaluados en el centro de referencia durante los años 2008-2024. Se evaluaron variables sociodemográficas (sexo, edad, lugar y ocupación de contagio, entre otros), clínicas (tiempo de enfermedad, número, localización y características de lesiones), diagnóstico y tratamiento. Se empleó el software RedCap para recolectar los datos y se realizó el análisis univariado con el programa Stata S.E. Se protegió la confidencialidad y no se usaron datos personales de los pacientes.

Resultados:

De 2145 historias clínicas, se hallaron 46 (2.14%) casos de LD. Los afectados fueron mayormente agricultores (41.30%), con predominio masculino (69.57%) y una mediana de edad de 35.5 años (RIQ: 36). Los sitios de infección más frecuentes fueron Junín (21.74%), y San Martín (13.04%). El número de lesiones varió entre 10-300, con una mediana de 14 (RIQ: 4). El tiempo de enfermedad promedio fue de 5 meses (rango: 1-152) y fue usualmente primoinfección (84.8%). Las lesiones afectaron diversos segmentos del cuerpo, más frecuentemente la cabeza (71.74%) y miembros inferiores (67.39%). 14 pacientes (32.61%) presentaron lesiones mucosas, mayormente en septo nasal. La leishmanina fue positiva en 68.57%, con una mediana de 11 mm. Los antimoniales pentavalentes fueron el tratamiento más frecuente (34.78%).

Conclusiones:

Los casos de LD fueron mayormente varones jóvenes agricultores, probablemente debido a la naturaleza ocupacional de la infección. Los pacientes se infectaron en áreas endémicas de *L. braziliensis* y *L. peruviana*. Clínicamente presentaron una infección crónica, afectando varios segmentos del cuerpo. El esquema terapéutico más usado fue antimoniales pentavalentes, seguido por Anfotericina B deoxicolato.

Tabla 1. Datos generales y clínicos de los pacientes con LD (n=46).

N/%		
Sexo		
Masculino	32	(69.57%)
Femenino	14	(30.43%)
Edad (años)		
	35.5 [22 - 58] ^a	
Lugar de procedencia		
Junín	10	(21.74%)
San Martin	6	(13.04%)
Ancash	4	(8.7%)
Cusco	4	(8.7%)
Otros	22	(47.82%)
Ocupación durante el contagio		
Agricultura	19	(41.30%)
Intradomiciliario	7	(15.22%)
Industria petrolífera	4	(8.7%)
Otros	16	(34.78%)
Tiempo de enfermedad (meses)		
	5 [3 - 12] ^a	
Número de lesiones		
	14 [11 - 25] ^a	
Antecedente de leishmaniasis		
Sí	7	(15.22%)
No	39	(84.78%)
Localización de lesiones cutáneas		
Cabeza	33	(71.74)
Miembros superiores	31	(67.39)
Miembros inferiores	31	(67.39)
Torso	25	(54.35)
Pelvis	7	(15.22)
Presencia de lesiones mucosas		
No	31	(67.39)
Si	15	(32.61)
Medida de leishmanina (mm)		
	11 (8 - 27) ^a	
Tratamiento antiparasitario administrado		
Antimoniales pentavalentes	16	(34.78%)
Anfotericina B Deoxicolato	10	(21.73%)
Otros esquemas	15	(32.60%)
No especifica	5	(10.90%)

a. Los datos se presentan como mediana (p25 – p75)

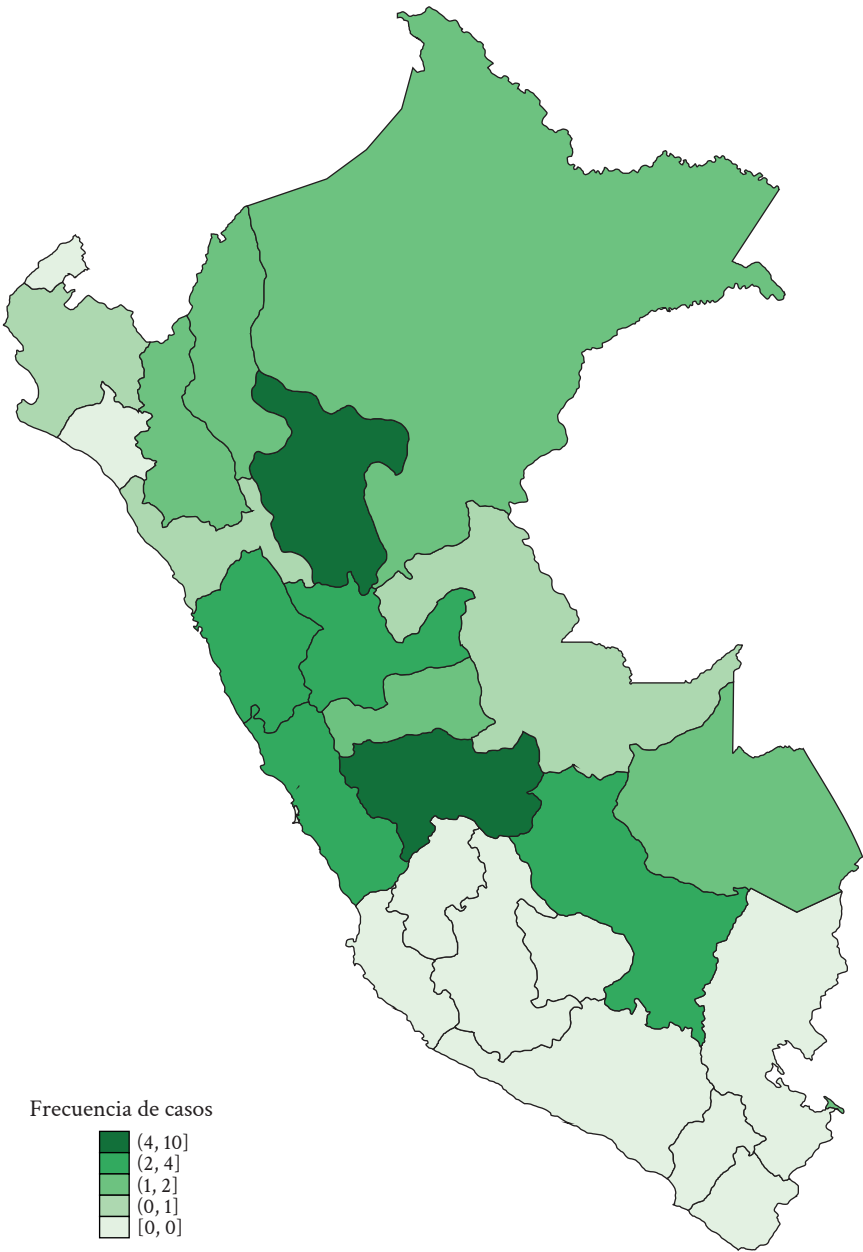


Figura 1. Distribución geográfica de los casos de Leishmaniasis Diseminada.

D005 - Paracoccidioidomicosis crónica multifocal de presentación atípica. Serie de cuatro casos en Paraguay

Chronic multifocal paracoccidioidomycosis with atypical presentation: A series of four cases in Paraguay

María Belén Gaona¹, Desirée Almirón², José Pereira³, Gustavo Benítez⁴, Virgilio Lezcano⁵, Miguel Cardozo⁶, Gerard Arguello⁷

¹ Instituto de Medicina Tropical, Asunción - Paraguay, belu92gaon@hotmail.com

² Instituto de Medicina Tropical, Asunción - Paraguay, desirealmiron@gmail.com

³ Centro de Especialidades Dermatológicas, Asunción - Paraguay, jose_pereira15@hotmail.com

⁴ Instituto de Medicina Tropical, Asunción - Paraguay, gbenite@yahoo.com.ar

⁵ Instituto de Medicina Tropical, Asunción - Paraguay, virgilio.lezcano@gmail.com

⁶ Instituto de Medicina Tropical, Asunción - Paraguay, miguelcardozo.doc@gmail.com

⁷ Instituto de Medicina Tropical, Asunción - Paraguay, gerardo_arteta@outlook.com

Palabras clave: Micosis profunda, Paracoccidioidomicosis, Anfotericina B

Introducción:

Paracoccidioidomicosis, micosis profunda, endémica en Región de las Américas; causada por un hongo dimorfo, relacionado a labores en zonas rurales. Presentación clínica variable; forma crónica con afectación pulmonar dominante y aguda relacionada a otros órganos.

Caso 1. Hombre, 56 años, trabajador rural, Filadelfia (Chaco Paraguayo); tabaquista. Cuadro de 6 meses; lesión ulcerada de bordes sobreelevados y delimitado en región interglútea, con salida de secreción purulenta. Realiza toilette quirúrgico y múltiples esquemas de antibiótico. Evolución tórpida, pérdida de peso 10 kg y síntomas respiratorios. Estudios serológicos; hepatitis B y C, virus Epstein Barr, citomegalovirus y VIH; negativos, VDRL: 1:64. TAC pulmonar: múltiples opacidades en vidrio deslustrado, distribución bilateral, consolidación en forma de anillo; signo "halo invertido" (figura 1). Biopsia de lesión: inflamatorio crónico, estructuras micóticas y células gigantes multinucleadas; examen en fresco con levaduras multigemantes compatibles con *Paracoccidioides* sp (figura 2). Tratamiento con Anfotericina B desoxicolato, evolución favorable.

Caso 2. Hombre, 62 años, olero de Coronel Oviedo, antecedente Síndrome Mielodisplásico, fiebre 2 meses, hepatoesplenomegalia; RK39, Hemocultivo y Antígenos Febriles negativos; sin lesiones cutáneas ni afectación respiratoria; en estadía hospitalaria presenta lesión inicial en mucosa oral, escarificación y serología para Paracoccidioidomicosis; positiva con dilución 1:1 Brasiliensis. Tratamiento con Anfotericina B desoxicolato. Evolución mala y desenlace fatal a los 3 días de tratamiento

Caso 3. Hombre, 50 años, trabajador rural de Misiones, cuadro de 6 meses, disfonía y pérdida de peso 10 kg. TAC pulmonar; vidrio esmerilado, consolidación en base pulmonar derecha.

EDA: lesión infiltrativa sobre cuerda vocal derecha (figura 3). Biopsia laríngea; inflamación crónica con células gigantes multinucleadas. PAS coloración; estructuras micóticas compatible con Paracoccidioidomicosis. Tratamiento con Anfotericina B desoxicolato, mejoría clínica.

Caso 4. Hombre 51 años, agricultor de San Pedro, cuadro de 1 mes, lesiones ulcerativas en cavidad bucal con ganglios submandibulares. Barrido tomográfico simple: hipodensidad cerebral paracapsular derecha, infiltrados pulmonares bilaterales. RMN encéfalo: estructuras anulares en ganglios profundos y unión corti-subcortical. Escarificación y biopsia de lesiones, cavidad bucal: levaduras exoesporulados en fresco. Cultivo: *Paracoccidioides* sp. Paracoccidioidomicosis diseminada crónica, compromiso pulmonar, cutaneomucoso y sistema nervioso central. Tratamiento con Anfotericina B Desoxicolato 0.7 mg/kg, dosis total 1650mg; mejoría clínica, continúa tratamiento con Itraconazol oral 200 mg/día.

Conclusión:

Cuatro casos en hombres, con incidencia en zonas rurales. Paracoccidioidomicosis crónica con presentaciones atípicas, sin afectación pulmonar en uno de los casos y afectación inusual interglútea en otro. Todos tratados con anfotericina B. Se recalca la importancia y necesidad de diagnóstico precoz y tratamiento adecuado para evitar posibles complicaciones discapacitantes

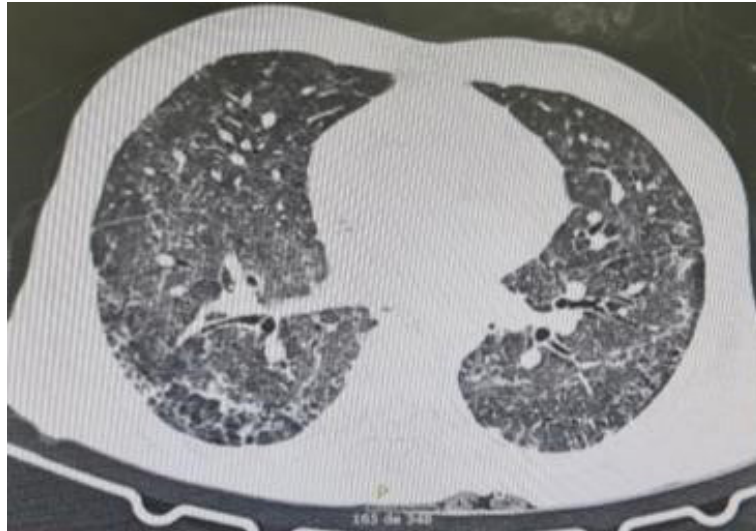


Figura 1.



Figura 2.



Figura 3.

Doo7 - Un intruso inesperado.

Phaeoacremonium spp como causa rara de rinosinusitis fúngica

An unexpected intruder: *Phaeoacremonium* spp. as a rare cause of fungal rhinosinusitis

Karina Espaillet¹, Ana Fernández², Julio Cruz³, Katherine Rodríguez⁴, Giuseppe Ferrara⁵, Antonio Villegas⁶, Xiomara Rodríguez⁷, Claudia Blanco⁸, Talía Flores⁹

¹ Residencia de Infectología de Adultos, Hospital Salvador B. Gautier, Santo Domingo, República Dominicana, karinaespaillet@gmail.com

² Residencia de Infectología de Adultos, Hospital Salvador B. Gautier, Santo Domingo, República Dominicana, anafdeztaveras@gmail.com

³ Residencia de Infectología de Adultos, Hospital Salvador B. Gautier, Santo Domingo, República Dominicana, juliocruzmateo06@gmail.com

⁴ Residencia de Infectología de Adultos, Hospital Salvador B. Gautier, Santo Domingo, República Dominicana, drakatherinepamela@gmail.com

⁵ Referencia Laboratorio Clínico, Santo Domingo, República Dominicana, giuseppenf@labreferencia.com

⁶ Departamento de Infectología de Adultos, CEDIMAT, Santo Domingo, República Dominicana.

⁷ Residencia de Infectología de Adultos. Hospital Salvador B. Gautier, Santo Domingo, República Dominicana, dra.xiomararn@gmail.com

⁸ Residencia de Infectología de Adultos, Hospital Salvador B. Gautier., Santo Domingo, República Dominicana, dra.cpblanco@gmail.com

⁹ Residencia de Infectología de Adultos. Hospital Salvador B. Gautier. Santo Domingo, República Dominicana, florestalia@hotmail.com

Palabras clave: *Phaeoacremonium* spp, rinosinusitis fúngica, itraconazol.

Introducción:

Las especies de *Phaeoacremonium* son un género de hongos dematiáceos que en raras ocasiones causa infecciones humanas. Se aíslan con frecuencia en plantas leñosas enfermas con vetas marrones en la madera, otros huéspedes incluyen larvas de escarabajos de corteza, artrópodos y en el suelo (1). Las especies de *Phaeoacremonium* causan en humanos infecciones cutáneas y rara vez sistémica, que se observa principalmente en individuos inmunodeprimidos (2, 3); para las cuales no existe tratamiento estandarizado. Este es el primer caso de infección por rinosinusitis fúngica por *Phaeoacremonium* spp. reportado en República Dominicana.

Objetivo:

Describir un caso raro de rinosinusitis fúngica causada por *Phaeoacremonium* spp., destacando los desafíos diagnósticos, el abordaje terapéutico y la importancia de considerar hongos dematiáceos en infecciones sinusales crónicas o refractarias.

Método:

Se realizó Cirugía Endoscópica Nasosinusal, Turbinoplastia, Polipsectomía Nasal, tomando muestra de tejido para histopatología y cultivo para bacterias y hongos. Se documentaron los resultados y la evolución clínica posterior.

Resultados:

Paciente femenina de 29 años, sin antecedentes médicos relevantes, con historia de congestión nasal, dolor facial, cefalea y rinorrea recurrentes durante más de siete años, tratada previamente con corticosteroides tópicos nasales y antibioterapia sistémica. Niega exposición a factores de riesgo ambientales como jardinería, baños en aguas naturales o actividades al aire libre. Durante evaluación por otorrinolaringología, se realizó tomografía computarizada de senos paranasales, evidenciándose ocupación con material hiperdenso en el seno maxilar y esfenoidal derecho, acompañado de pólipos nasales (Figura 1). Tras discutir riesgos y beneficios, se llevó a cabo una intervención diagnóstica mediante rinoscopia, estableciendo el diagnóstico presuntivo de rinosinusitis crónica de probable origen fúngico. Se procedió a la realización de cirugía endoscópica nasosinusal, turbinoplastia y polipsectomía nasal. El análisis microbiológico de la muestra obtenida durante el procedimiento quirúrgico reveló crecimiento de *Phaeoacremonium* spp., identificado mediante espectrometría de masas MALDI-TOF con

un Score de 1.71 y confirmación por microscopía (Figura 2). Dado que no existen guías clínicas específicas para el manejo de esta infección, el tratamiento se basó en reportes previos de la literatura, administrándose itraconazol durante seis semanas. La paciente evolucionó favorablemente, con resolución clínica y mejoría en los hallazgos imagenológicos.

Conclusión:

La rinosinusitis fúngica por *Phaeoacremonium spp.* es una entidad inusual con escasa evidencia en la literatura. Este caso resalta la importancia de un enfoque multidisciplinario en el diagnóstico y manejo, así como la necesidad de estudios adicionales para establecer estrategias terapéuticas basadas en evidencia.

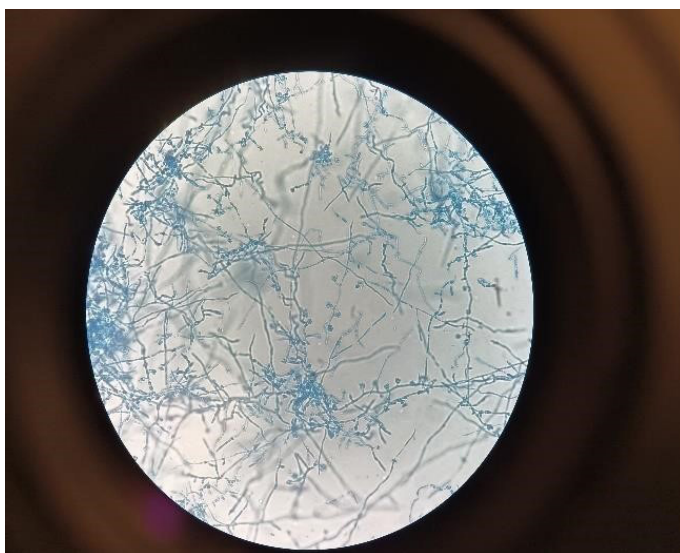


Figura 1.

Doog - Enfermedad criptocócica no-VIH: serie de casos de un hospital terciario en Perú

Non-HIV cryptococcal disease: Case series from a tertiary hospital in Peru

Nicolas Antunez de Mayolo¹, Mauricio Orozco Gonzalez², Omayra Chinchá³

¹ Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, nicolas.antunez.de.mayolo@upch.pe

² Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, mauricio.orozco@upch.pe

³ Hospital Nacional Cayetano Heredia, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, omayra.chincha.l@upch.pe

Palabras clave: Enfermedad criptocócica, *Cryptococcus*, inmunosupresión

Introducción:

La enfermedad criptocócica es una infección fúngica grave causada por *Cryptococcus neoformans* y *C. gattii*, tradicionalmente asociada a pacientes con VIH. Sin embargo, se ha observado en pacientes con otras causas de inmunosupresión, como receptores de trasplante, personas con enfermedades autoinmunes, diabetes o uso de corticoides. Reconocer esta enfermedad más allá de la infección por VIH es importante para mejorar el diagnóstico temprano y reducir la mortalidad.

Objetivo:

Describir las características clínicas, laboratoriales, tratamiento y evolución de pacientes con enfermedad criptocócica sin VIH atendidos en el Hospital Cayetano Heredia en Perú, en el periodo 2018-2024.

Métodos:

Serie de casos retrospectiva, se incluyeron historias clínicas de pacientes con enfermedad criptocócica con confirmación micológica y ELISA para VIH no reactivo. Se recolectaron datos clínicos, laboratoriales, tratamiento y desenlace. Se aplicaron pruebas de significancia y tamaños de efecto para los valores del líquido cefalorraquídeo (LCR) según desenlace a los 30 días. Se contó con aprobación de ética.

Resultados:

Se incluyeron 17 pacientes, 15 (88%) presentaron meningitis criptocócica y 2 (12%) criptococosis pulmonar. La media de edad fue 52 ± 14 años, el 53% fueron hombres. El 64.7% tuvo factores de inmunosupresión, el principal fue el uso de corticoides por enfermedad autoinmune (35.3%). El 35.3% no presentó factores de riesgo de inmunosupresión. Los síntomas predominantes fueron cefalea (76.5%), fiebre (70.5%) y trastorno del sensorio (57.9%). En los pacientes con meningitis, el LCR al ingreso mostró una mediana de leucocitos de 55 células/mm³ [3-150], proteínas 131 mg/dL [100-284], glucosa 36 mg/dL [20-49] y una presión de apertura media de 33 ± 18.6 cmH₂O. El 94.4% recibió anfotericina B desoxicolato más fluconazol con una duración media de 35 ± 19.4 días en los sobrevivientes. La mortalidad a los 30 días fue 41.1% (n=7), no hubo diferencias significativas en los parámetros del LCR al ingreso según la mortalidad. Se hallaron tamaños de efecto grande para presión de apertura (d=0.84) y moderado para hipoglucoorraquia (d=0.57).

Conclusiones:

La enfermedad criptocócica sin VIH se relacionó principalmente con el uso de corticoides, un tercio de los pacientes no tenía factores de riesgo de inmunosupresión lo que resalta la importancia de la sospecha diagnóstica. Aunque no se encontraron diferencias significativas en los parámetros del LCR, los tamaños de efecto sugieren una posible relación entre presión de apertura elevada e hipoglucoorraquia con la mortalidad a los 30 días, lo que justifica estudios con mayor tamaño muestral.

Tabla 1. Características clínicas, laboratoriales, diagnóstico, tratamiento y evolución de los pacientes con enfermedad criptocócica

Paciente	Sexo/ Edad	Lugar de procedencia	Antecedente de inmunosupresión	TE (semanas)	Manifestaciones clínicas	Localización	LCR (Glu/ Prot/Leu/Pa)	Diagnóstico	Tratamiento	Desenlace a los 30 días
1	F/22	Lima	Enf. autoinmune, corticoterapia	4	Cefalea, fiebre, náuseas, vómitos	Meningea	46/284/100/40	Microscopía en LCR	Anfo. B + fluconazol	Vivo
2	F/53	Huanuco	No	2	Cefalea, fiebre, náuseas, vómitos, trastorno del sensorio	Meningea	20/426/150/26	Microscopía y cultivo en LCR	Anfo. B + fluconazol	Vivo
3	M/47	Ica	HTLV	5	Cefalea, náuseas, vómitos, trastorno del sensorio	Meningea	36/100/NI/33	Microscopía, antígeno Anfo. B + fluconazol Vivo y cultivo en LCR	Anfo. B + fluconazol	Vivo
4	M/58	Lima	DM2	8	Cefalea, náuseas, vómitos, trastorno del sensorio, disartria	Meningea	88/1325/290/10	Antígeno y cultivo en LCR	Anfo. B + fluconazol	Vivo*
5	M/48	Lima	No	4	Cefalea, fiebre, náuseas, convulsiones	Meningea	38/104/79/16	Antígeno y cultivo en LCR	Anfo. B + fluconazol	Vivo
6	F/64	Lima	Enf. autoinmune, corticoterapia, ERC	8	Úlceras cutáneas, fiebre	Meningea	49/107/0/20	Microscopía y cultivo en LCR	Anfo. B + fluconazol	Fallecido
7	M/56	Lima	Enf. autoinmune, corticoterapia, ERC	2	Cefalea, fiebre	Meningea	21/76/0/25	Microscopía, antígeno Anfo. B + fluconazol Fallecido y cultivo en LCR	Anfo. B + fluconazol	Fallecido
8	F/56	Lima	NM	5	Cefalea, fiebre, náuseas, vómitos	Meningea	11/53/364/NI	Microscopía, antígeno Anfo. B + fluconazol Vivo y cultivo en LCR	Anfo. B + fluconazol	Vivo
9	M/56	Pasco	No	2	Cefalea, náuseas, vómitos, trastorno del sensorio, disartria	Meningea	32/45/20/80	Antígeno y cultivo en LCR	Anfo. B + fluconazol	Fallecido
10	F/59	Lima	Enf. autoinmune, corticoterapia	16	Cefalea, náuseas, trastorno del sensorio	Meningea	20/146/158/38	Antígeno y cultivo en LCR	Anfo. B + fluconazol	Fallecido
11	M/72	Huanuco	Enf. autoinmune, corticoterapia	2	Fiebre, tos	Pulmonar	-	Antígeno en sangre	Fluconazol	Fallecido
12	F/53	Lima	No	4	Cefalea, fiebre, trastorno del sensorio, hemiparesia	Meningea	35/578/40/50	Microscopía, cultivo en LCR	Anfo. B + fluconazol	Fallecido
13	F/53	Lima	HTLV, NM	12	Tos, disnea	Pulmonar	-	Cultivo en sangre	Anfo. B + fluconazol	Fallecido
14	M/35	Lima	Microadenoma hipofisiario, DM2	12	Cefalea, fiebre, úlceras cutáneas	Meningea	116/200/0/33	Antígeno y cultivo en LCR	Anfo. B + fluconazol	Vivo
15	M/80	Lima	No	6	Fiebre, trastorno del sensorio	Meningea	65/116/3/10	Antígeno en LCR		Vivo
16	F/31	Lima	Enf. autoinmune, corticoterapia	1	Cefalea, fiebre, trastorno del sensorio, ptosis	Meningea	17/167/70/50	Microscopía, antígeno Anfo. B + fluconazol Vivo y cultivo en LCR	Anfo. B + fluconazol	Vivo
17	M/49	Lima	No	3	Cefalea, fiebre, trastorno del sensorio	Meningea	38/NI/40/31	Antígeno en LCR	Anfo. B + fluconazol	Vivo

HTLV: virus linfotrópico de células T humanas, DM2: diabetes mellitus tipo 2, ERC: enfermedad renal crónica, NM: neoplasia maligna, NI: no información LCR: líquido cefalorraquídeo, Glu: glucosa en LCR (mg/dL), Prot: proteínas en LCR (mg/dL), Leu: leucocitos en LCR (células/mm3), PA: són(2) * Paciente con evolución favorable que en el día 17 de tratamiento solicitó alta voluntaria

Tabla 2. Parámetros del líquido cefalorraquídeo en pacientes con meningitis criptocócica según desenlace a los 30 días

	Vivos n=10	Fallecidos n=5	p	Tamaño de efecto
Glucosa (mg/dL)	47.5 ($\pm$ 33.28)	31.4 ($\pm$ 11.84)	0.32	d=0.57 (moderado)
Proteínas (mg/dL)	167 [104-284] n=9	107 [76-146]	0.44	r=0.14 (pequeño)
Leucocitos (células/mm ³)	79 [40-150] n=9	20 [0-40]	0.20	r=0.36 (moderado)
Presión de apertura (cmH ₂ O)	27.7 ($\pm$ 13.61) n=9	42.6 ($\pm$ 23.95)	0.16	d=0.84 (grande)

Valores expresados como media $\pm$ DE (distribución normal) o mediana [rango intercuartílico] (distribución no normal)

p-values obtenidos con t de Student y U de Mann-Whitney

d = tamaño de efecto de Cohen para variables paramétricas

r = tamaño de efecto de Rosenthal para variables no paramétricas

Los n varían según la disponibilidad de datos

A002 - Ocurrencia de complicaciones neurológicas por DENV-3, genotipo 3 en la actual epidemia regional

Neurological Complications Associated with DENV-3, Genotype III in the Current Regional Epidemic

Jaime R Torres¹, Wilmer E Villamil Gomez², Wilfrido Coronel R.³, Alejandro Agresoth de la Ossa⁴, Nahir Martínez¹

¹ Instituto de Medicina Tropical, Universidad Central de Venezuela, Caracas, Venezuela, jaimerafael.torres@gmail.com

² Centro de Investigación Ciencias de la Vida en Universidad Simón Bolívar en Barranquilla, Colombia, wilmer.villamil@unisimon.edu.co

³ Facultad de Medicina, Universidad de Cartagena, Colombia, willsantiagoisabella@gmail.com

⁴ Hospital Sirena del Mar de Cartagena, Colombia, alejandroagresoth@gmail.com

Palabras clave: Complicaciones neurológicas, Den -3, Genotipo 3, Epidemia Regional

Introducción:

El linaje DENV-3 GIII-Americano-II es actualmente predominante en América Central y el Caribe. Aunque el DENV-3 inherentemente no causa más complicaciones neurológicas que otros serotipos, se ha asociado con enfermedad más grave y mayores tasas de hospitalización en ciertos brotes. Sin embargo, se han observado tendencias similares con otros serotipos, especialmente el DENV-2.

Objetivos:

Reportamos nuestra experiencia con un inusual número de pacientes con afección neurológica por DENV-3 genotipo III, en el periodo de 2024-25 (Ver Tabla 1).

Resultados:

En Venezuela, 8/102 pacientes adultos (7.8%; Rango de edad: 19-78 años; 4 hombres:4 mujeres), presentaron complicaciones neurológicas diversas. Dos presentaron parálisis flácida ascendente tipo SGB (uno de ellos con parálisis facial asociada), 3 encefalitis, 2 convulsiones generalizadas (asociado con encefalitis en 1 caso) y 1 paciente meningismo, sin alteraciones del LCR. En 2/6 casos (1 con SGB y 1 con encefalitis), se detectó DENV-3 en el LCR, mediante qRT-PCR. Un paciente murió y los restantes mostraron recuperación total. En la Región Caribe de Colombia, dos pacientes adicionales (8 y 15 años, respectivamente), con encefalitis por DENV-3 GIII fueron diagnosticados recientemente. En uno de ellos, se demostró DENV-3 en LCR. En cinco pacientes pediátricos con complicaciones del SNC vistos en el mismo centro hospitalario de la ciudad de Cartagena, no se dispone de los resultados de serotipaje y genotipaje del DENV involucrado.

Discusión:

Las complicaciones neurológicas en el dengue son relativamente raras, oscilando entre el 0.5-5.4% de los casos hospitalizados. Sin embargo, la frecuencia puede variar según la población, la región y las características del brote. La encefalitis es la complicación neurológica más común. No hay anomalías focales en el EEG ni en las neuroimágenes cerebrales, pero a veces se puede encontrar edema cerebral difuso. El análisis del LCR es normal. La meningitis rara vez se observa en adultos. El SGB es la complicación más común del sistema nervioso periférico y su pronóstico es similar al de otras causas infecciosas. Como frecuentemente se observan pocos o ningún síntoma sistémico, el DENV siempre debe investigarse en los casos de SGB.

El DENV-3 no es inherentemente más virulento que otros serotipos, pero su gravedad puede variar según el estado inmunológico del huésped, exposición previa al dengue y cepa viral específica.

Las variaciones genéticas acumuladas en los linajes del DENV-3 que circulan en la región han generado variantes totalmente diferentes, destacando la importancia de la vigilancia genómica continua para monitorear su dinámica de transmisión.

Tabla 1. Tipo de complicación neurológica observado en 10 pacientes con infección aguda por el DENV-3, genotipo III.

Complicación Neurológica	Número de pacientes	Complicación asociada
Síndrome de Guillain-Barré*	2	Parálisis facial Ventilación mecánica Muerte
Encefalitis*	5	Convulsiones generalizadas Ventilación mecánica
Meningismo	1	
Convulsiones generalizadas	3	Ventilación mecánica
Parálisis facial	1	

* DENV-3 III detectado en LCR

A012 - Tendencia de casos de Leishmaniasis en el Hospital Santa Rosa, 2022 al 2025

Trend of Leishmaniasis Cases at Santa Rosa Hospital from 2022 to 2025

Maria Isabel Dedios Alegria¹, Clariza Edith Biminchumo Sagastegui², Evelyn Betsabe Cpsser Huertas³, Diana Elizabeth Calle Jacinto de Guillen⁴, Martha Elena Saenz Farfan⁵

¹ Hospital Santa Rosa, Perú, maisdeal@yahoo.com

² Hospital Santa Rosa, Perú, clarizabs@hotmail.com

³ Hospital Santa Rosa, Perú, ecosser@hsr.gob.pe

⁴ Hospital Santa Rosa, Perú, diana.calle.j@upch.pe

⁵ Hospital Santa Rosa, Perú, marthaelenasenzfarfan@gmail.com

Palabras clave: Leishmaniasis, úlcera cutánea, Uta, Tendencia de casos

Introducción:

La Leishmaniasis es una enfermedad de notificación obligatoria, de presentación crónica con afectación cutánea o visceral. Se realizó el presente estudio para determinar las características demográficas de los casos de Leishmaniasis atendidos en el Hospital Santa Rosa.

Objetivo(s):

El objetivo del trabajo fue determinar la frecuencia y tendencia de los casos de Leishmaniasis y las características demográficas en pacientes atendidos en el Hospital Santa Rosa.

Métodos:

Se realizó un estudio descriptivo, transversal longitudinal retrospectivo, en pacientes atendidos por Leishmaniasis en el hospital Santa Rosa en Lima Perú, entre los años 2022 al 2025, las variables de estudio fueron sexo, edad, distrito de procedencia. Se realizaron medidas de tendencia central, tablas de frecuencia.

Resultados:

Entre los años 2022 hasta febrero del 2025 se tuvo 6 casos de Leishmaniasis, 1 caso el 2022, 1 caso el 2023, 2 casos el 2024, y 2 casos el 2025, con una tendencia al aumento en los últimos 4 años con el mayor número de casos el 2024 y 2025; el 100 % tuvo presentación cutánea o uta, la proporción de hombres / mujeres fue de 5/1 del total de casos, el 83.3% fueron adultos y el 16.6% fue menor de edad con 17 años, el rango de edad fue de 17 a 71 años, la edad media fue de 43.3 años, la edad media de los adultos fue de 48.6 años, el 100% de los casos fue importado, la procedencia de los casos fue variable, 1 de la costa (Piura), 2 de la sierra (Cusco), 3 de la región selva (Madre de Dios, Ucayali, Pangoa, la mayor parte de atenciones ocurrió en el mes de octubre 3 casos, seguido de agosto, enero y febrero con 1 caso en cada uno respectivamente.

Conclusiones:

La Leishmaniasis en el Hospital Santa Rosa es una enfermedad importada con una tendencia al aumento del número de casos en los últimos 4 años, afectando principalmente a la población adulta, varones y con mayor número de casos atendidos en el mes de octubre.

A013 - Meningitis crónica: ¿cuántos patógenos permanecen ocultos detrás de un diagnóstico inicial incorrecto?

Chronic Meningitis: How Many Pathogens Remain Hidden Behind an Initial Misdiagnosis?

Heidy Adames¹, Lorenzo Almonte¹, Yire Hermenegildo¹

¹ Clínica Corominas, Santiago de los Caballeros, R. D., adames_espinal@hotmail.com, Tamilee_almonte@hotmail.com, yirehermenegildo@gmail.com

Introducción:

La meningitis crónica es una infección del SNC que se caracteriza por su duración prolongada, superior a las cuatro semanas. A diferencia de la meningitis aguda, cuya evolución es notoria, la meningitis crónica tiene una presentación clínica más insidiosa y difusa, lo que dificulta su diagnóstico temprano y tratamiento adecuado. Además, la meningitis crónica se asocia con una alta tasa de morbilidad y mortalidad, lo que resalta la importancia de un diagnóstico oportuno y un manejo adecuado para mejorar los pronósticos de los pacientes afectados.

Objetivos:

Conocer las características clínicas-radiológicas de meningitis crónica en un centro de tercer nivel en República Dominicana.

Métodos:

Se realizó un estudio descriptivo, observacional y retrospectivo, utilizando la recolección de datos de registros clínicos.

Resultados:

Se incluyeron cuatro casos de pacientes inmunocompetentes que presentaron meningitis crónica. En dos pacientes se confirmó diagnóstico de meningitis por *Mycobacterium tuberculosis* (MT) y dos por *Criptococo neoformans/Gatti* (MC). El diagnóstico se basó en la presencia del cuadro clínico, imágenes y estudios de LCR. Del total tres pacientes fueron masculinos, sólo uno femenina. Todos presentaron hipoglucorraquia, hiperproteinorraquia y pleocitosis en LCR. El total recibió tratamiento empírico para meningitis bacteriana sin obtener mejoras. En estudios de tórax sólo en uno de los casos de MT se evidenció infiltrado intersticial bilateral e imagen subjetiva de caverna. En los estudios de cráneo, el primer caso de MC inicialmente sin hallazgos relevantes, posterior destacó múltiples infartos isquémicos en núcleos basales y cápsula interna bilateral, el segundo caso al principio se evidenció hidrocefalia moderada y luego hemorragia intraparenquimatosa frontal izquierdo; en cambio, en MT primer caso hidrocefalia moderada, segundo caso tuberculoma parietal izquierdo. Todos los pacientes fallecieron por complicaciones asociadas.

Conclusión:

La baja sospecha clínica asociada al desconocimiento de las meningitis crónicas constituye un factor crítico que favorece diagnósticos erróneos y como consecuencia la progresión fatal de la enfermedad. En los casos analizados todos los pacientes fallecieron debido a un diagnóstico incorrecto. Esto subraya la necesidad urgente de mejorar en la capacitación del reconocimiento temprano de esta patología. Un diagnóstico preciso y temprano es clave para implementar estrategias terapéuticas adecuadas y mejorar los resultados clínicos en pacientes con meningitis crónica. Se recomienda actualización de protocolos y la integración de herramientas diagnósticas avanzadas.

B001 - Bacteriemia por *Bacillus clausii*: ¿son los probióticos completamente inofensivos?

Bacillus clausii bacteremia: Are probiotics completely harmless?

René R. Campos P¹, Lisbeth E. Rodríguez R², Mackyorie González³, Elam Chérigo⁴, Eliecer Chérigo⁵

¹ Médico Residente de Enfermedades Infecciosas, Caja del Seguro Social. Panamá, República de Panamá, renercampos@gmail.com

² Médico Residente de Enfermedades Infecciosas, Caja del Seguro Social. Panamá, República de Panamá, liss22590@gmail.com

³ Laboratorista clínico, Hospital Oncológico Nacional. Panamá, República de Panamá, mackyorie0694@gmail.com

⁴ Médico Especialista en Enfermedades Infecciosas, Caja del Seguro Social. Panamá, República de Panamá, echerigo09@gmail.com

⁵ Médico Especialista en Enfermedades Infecciosas Hospital Oncológico Nacional. Panamá, República de Panamá, echerigo@cwpanama.net

Palabras clave: bacteriemia, *Bacillus clausii*, probióticos

Introducción:

Las bacteriemias causadas por el género *Bacillus* desde hace más de cuatro décadas se conoce como rara, pero hay asociación entre el género e infecciones profundas, en donde la bacteriemia ha constituido la presentación más común a pesar que distinguir entre contaminación y bacteriemias verdaderas puede ser difícil. Algunas cepas se utilizan en la agricultura, la ganadería; otros son utilizados con fines médicos como para la elaboración de probióticos como el *Bacillus clausii*, bacilo gram positivo formador de esporas, móvil, utilizado en muchos países como probiótico contra infecciones gastrointestinales. Algunos factores de riesgo asociados a bacteriemias por *Bacillus* en pacientes con cáncer son el uso de dispositivos intravasculares, uso de cefalosporinas de amplio espectro en meses previos. En esta serie de casos que presentamos se observa el papel de dichos factores de riesgo y los retos terapéuticos que han representado el abordaje de bacteriemias por *Bacillus clausii*.

Objetivos:

Describir los factores de riesgo asociados a bacteriemias por *Bacillus clausii*.

Exponer el curso clínico y desenlace de los pacientes descritos en la serie de casos.

Métodos:

Estudio observacional descriptivo. Redacción de serie de cinco (5) casos clínicos de bacteriemias por *Bacillus clausii* recabados entre el 1 de octubre del 2023 hasta el 28 de febrero del 2025.

Resultados:

De los cinco (5) casos documentados, tres (3) fallecieron y dos (2) cursaron con respuesta clínica y microbiológica a la antibioticoterapia. Al menos un factor de riesgo fue identificado en cuatro (4) de los cinco (5) pacientes. Este documento sería el primer reporte de serie de casos en Panamá que está relacionada a bacteriemias asociada a probióticos; a pesar de ser fármacos seguros y aprobados por la OMS, es de especial importancia poder informar a la comunidad médica y a la población general que hay ciertos factores de riesgo relacionados con la aparición de las esporas del *Bacillus clausii* en la sangre como causante de infección.

Conclusiones:

El uso de probióticos en pacientes con factores de riesgos tales como la inmunosupresión, predispone a bacteriemias por *Bacillus clausii*; mayormente condicionado al deterioro de la barrera intestinal, lo que incrementa el riesgo de translocación bacteriana y facilitando finalmente la bacteriemia. La serie de casos presentada pone en evidencia la alta mortalidad asociada al proceso infeccioso causado por el *Bacillus clausii*, por lo que identificar a aquellos pacientes con dichos factores de riesgo se hace crucial para prevenir desenlaces fatales.



Colonias de bacilos Gram positivos que crecieron en medio sólido; Agar sangre (Con sangre de cordero al 5%). Microorganismo identificado: *Bacillus clausii*.
Fuente: Sección de Microbiología. Laboratorio clínico. Hospital Oncológico Nacional.

Figura 1.

C001 - Enfermedad por el virus de la viruela símica grave en Costa Rica: reporte de los dos primeros casos hospitalizados

Severe Monkeypox Virus Disease in Costa Rica: Report of the First Two Hospitalized Cases

Marcia Pérez Jaén¹, Julian Martinez Calvo², Manuel Villalobos Zuñiga³

¹ Caja Costarricense del Seguro Social, dra.perezj@gmail.com

² Caja Costarricense del Seguro Social, julianmartinezc98@gmail.com

³ Caja Costarricense del Seguro Social, manuel701@gmail.com

Palabras clave: Viruela Símica, Mpox, VIH

Introducción:

El virus de viruela símica (Mpox), causa una enfermedad zoonótica que previamente se consideraba endémica de África Central y Occidental. Fue declarada en el 2022 una emergencia de salud pública por la Organización Mundial de la Salud. Se caracterizo por afectar a hombres jóvenes que tienen sexo con y hasta en un 50% de los casos existía el antecedente de infección por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH). El presente documento pretende presentar los dos primeros casos confirmados con infección por Mpox hospitalizados en Costa Rica.

Objetivo(s):

Valorar el comportamiento clínico de la infección por Mpox en pacientes coinfectados con VIH. Determinar los principales factores de riesgo para el desarrollo de dicha enfermedad. Valorar la respuesta de la infección por Mpox posterior al inicio de terapia antirretroviral.

Métodos:

Se realiza un análisis descriptivo y retrospectivo de los dos primeros casos clínicos con diagnóstico de viruela símica grave que ameritan internamiento durante el año 2023 en el Hospital San Juan de Dios del seguro social de Costa Rica. Ambos casos con diagnóstico confirmado mediante prueba molecular positiva de la muestra de las lesiones y además coinfectados con VIH.

Resultados:

Como características en común presentaron coinfección con VIH y abandono de terapia antirretroviral además de un conteo de menos de 100 CD4 con lesiones necróticas en mucosa genital y oral. Se brindaron medidas de soporte además de valoración interdisciplinaria por diferentes servicios (Infectología, Psicología, Medicina del Dolor, Proctología, Urología) y se inició de forma temprana terapia antirretroviral, el caso 1 amerito colostomía por el riesgo de sobreinfección de lesiones en región glútea sin embargo tuvo una evolución favorable logrando el alta al mes de internamiento. El caso 2 asoció deterioro clínico progresivo en las siguientes 72 horas del inicio de la terapia antirretroviral con empeoramiento de lesiones y marcadores inflamatorios con alta sospecha de síndrome

de reconstitución inmunológica por lo que se iniciaron esteroides y cobertura antibiótica de amplio espectro sin embargo el paciente falleció a las dos semanas de internamiento.

Conclusiones:

Mpox es un problema de salud pública, es necesario aumentar las campañas de prevención en poblaciones de mayor riesgo , no está definido el porcentaje de síndrome de reconstitución inmunológica en pacientes VIH positivos asociado al inicio temprano de terapia antirretroviral por lo que el momento oportuno para el inicio de la misma debe ser individualizado.



Figura 1. Enfermedad por Mpox Severa paciente coinfectado con VIH, Caso 1



Figura 2. Enfermedad por Mpox Severa paciente coinfectado con VIH, Caso

Coog - Leucoencefalopatía multifocal progresiva en el contexto del VIH: reporte de casos

Progressive multifocal leukoencephalopathy in the context of HIV: Case reports

*María José Gómez Álvarez¹, Duilio Salvador Núñez², Lis Faviola Rondelli Martínez³,
María Mercedes Bogado Oviedo⁴, Osvaldo Javier Espínola⁵, Rocío Delcarmen Olmedo Rodríguez⁶,
María Stela Samaniego Nielebock⁷*

¹ Hospital Central del Instituto de Previsión Social, Paraguay, majo.gmlv14@gmail.com

² Hospital Central del Instituto de Previsión Social, Paraguay,

³ Hospital Central del Instituto de Previsión Social, Paraguay, lfrondelli94@gmail.com

⁴ Hospital Central del Instituto de Previsión Social, Paraguay, mari_bogado92@hotmail.es

⁵ Hospital Central del Instituto de Previsión Social, Paraguay, osjav93@gmail.com

⁶ Hospital Central del Instituto de Previsión Social, Paraguay, rdolme@ips.gov.py

⁷ Hospital Central del Instituto de Previsión Social, Paraguay, marsaman@ips.gov.py

Palabras clave: Leucoencefalopatía multifocal progresiva, VIH, virus JC.

Introducción:

La leucoencefalopatía multifocal progresiva (LMP) es una enfermedad desmielinizante que afecta la sustancia blanca subcortical, principalmente en los lóbulos occipitales y temporales, causada por el virus JC. Tras la primoinfección, el virus permanece en estado latente y puede reactivarse en pacientes inmunodeprimidos, especialmente aquellos con patologías hemato-oncológicas, receptores de trasplantes de órganos sólidos e infección por VIH.

Metodología:

Se realizó un estudio descriptivo y retrospectivo en el Hospital Central del IPS, Asunción- Paraguay, durante el período 2021-2024, con un total de siete pacientes diagnosticados con LMP.

Descripción de casos:

Se analizaron siete casos de pacientes con diagnóstico de LMP y VIH/sida. Seis eran hombres, con edades comprendidas entre los 32 y 65 años. Cuatro pacientes fueron diagnosticados de VIH durante su hospitalización, dos habían abandonado el tratamiento y uno tenía un tratamiento reciente.

La mayoría presentó un recuento de CD4 inferior a 90 células/mm³, con excepción de un caso con 492 células/mm³. La carga viral osciló entre 52,092 y 264,000 copias/ml. Los síntomas iniciales más frecuentes fueron mareos, ataxia, disartria y fiebre.

El diagnóstico se realizó mediante resonancia magnética (RMN) en cuatro pacientes, detección de ADN viral en líquido cefalorraquídeo (LCR) y RMN en dos, y biopsia cerebral en uno. En todos los casos, la afectación del sistema nervioso central se localizó principalmente en el cerebelo y el tronco encefálico.

Conclusiones:

La LMP es una patología poco frecuente. En este estudio, se observó una mayor prevalencia en hombres jóvenes con recuentos bajos de CD4. Además, la afectación predominante en el cerebelo y el tronco encefálico, que corresponde al 10 % de los casos reportados en la literatura, resalta una manifestación poco habitual de la enfermedad.

Tabla 1. Descripción de casos.

	Caso1	Caso2	Caso3	Caso4	Caso5	Caso6	Caso7
Edad	41	43	34	45	42	32	65
Sexo	Masculino	Masculino	Masculino	Femenino	Masculino	Masculino	Masculino
Síntomas al ingreso	Fiebre, astenia	Astenia, ataxia, disartria	Astenia, disartria, afasia de expresión	Disartria, adiadococinesia, ataxia, dismetría	Astenia, disartria, ataxia, mareos	Fiebre, cefalea, mareos, confusión	Astenia, mareos, disartria, afasia de expresión
Tiempo de diagnóstico de Infección por VIH	Durante la estancia hospitalaria	Diagnóstico hace 12 años con abandono de tratamiento	Durante la estancia hospitalaria	Durante la estancia hospitalaria	Diagnóstico 9 meses antes de la internación, en tratamiento	Durante la estancia hospitalaria	Diagnóstico hace 3 años sin tratamiento
Recuento de CD4	492	66	88	74	46	23	39
Carga viral	272,616	174,000	257,000	264,000	115,000	296,000	52,096
Diagnóstico de LMP	Biopsia cerebral + hallazgo por imágenes de resonancia magnética	Hallazgo por imágenes de resonancia magnética	Detección de ADN del virus JC en LCR+ hallazgo por imágenes de resonancia magnética	Hallazgo en imágenes de resonancia magnética	Detección de ADN del virus JC en LCR+ hallazgo imagenológico por resonancia magnética	Hallazgo en imágenes de resonancia magnética	Hallazgo en imágenes de resonancia magnética
Hallazgos imagenológicos	Cambios amorfos y difusos a nivel de la sustancia blanca en hemisferio izquierdo cerebeloso, además de imagen anular con realce periférico en hemisferio cerebeloso derecho	Cambios amorfos y difusos de brillo en fosa posterior, distribución asimétrica, con mayor compromiso del hemisferio derecho y pedúnculo cerebeloso medio ipsilateral	Lesión desmielinizante difusa en el pedúnculo cerebeloso y regiones hemisféricas izquierda, con expansión de la misma a protuberancia y en la transición de médula espinal	Modificaciones en la sustancia blanca pontina, bulbar, pedúnculos cerebelosos medios y regiones profundas de ambos hemisferios cerebelosos. Patrón del signo de la vía láctea	Modificaciones a nivel del pedúnculo cerebeloso medio izquierdo, bordes irregulares, parcialmente delimitada, además a nivel subcortical de región temporal e insular izquierdo y aprietal bilateral	Lesiones puntiformes a nivel de la sustancia blanca corticales y subcorticales. Cambios en el núcleo lenticular, y tálamo izquierdo; puente y hemisferios cerebeloso derecho con realce amorfo y leptomeníngeo que sugiere LMP atípica	Afectación difusa de la sustancia blanca periventricular y subcortical fronto-parieto-temporal derecho, porción lateral del hemipuente y hemi mesencéfalo derecho y en la región posterior de los pedúnculos cerebelosos medios del lado izquierdo
Desenlace	Óbito	Óbito	Óbito	Alta	Alta	Alta	Alta

D001 - Fusariosis en pacientes pediátricos con cáncer: serie de 19 casos y revisión de la literatura

Fusariosis in pediatric cancer patients: A series of 19 cases and literature review

Ana Gabriela Cordova Recinos¹, Alicia Chang Cojulún², Mario Augusto Melgar Toledo³, Mauricio Castellanos⁴.

¹ Unidad Nacional de Oncología Pediátrica, Guatemala, gabyana.cordova@gmail.com

² Unidad Nacional de Oncología Pediátrica, Guatemala, aliciachc18@gmail.com

³ Unidad Nacional de Oncología Pediátrica, Guatemala, mariomelgart@gmail.com

⁴ Unidad Nacional de Oncología Pediátrica, Guatemala, mcastellanos@unop.org.gt

Palabras clave: *Fusarium*, oncológico, voriconazol, fungemia.

Introducción:

Las infecciones por hongos filamentosos, llamadas hialofomicosis, se presentan en pacientes cuyos factores de riesgo principal son neutropenia prolongada y uso de corticoesteroides. La mortalidad asociada suele ser mayor al 50%. La fusariosis es una micosis oportunista debida a *Fusarium spp.* La presentación clínica en el inmunocomprometido es variable. En pacientes hemato-oncológicos las infecciones pueden ser localizadas o invasoras. El gold estándar es el cultivo y el tratamiento usualmente es la combinación con anfotericina B y voriconazol.

Objetivo:

Describir las manifestaciones clínico-epidemiológicas en los pacientes oncológicos pediátricos infectados con *Fusarium spp.*, tratamiento y pronóstico.

Métodos:

Análisis descriptivo retrospectivo en un hospital de oncología pediátrica de los casos confirmados por cultivo con *Fusarium spp.* a través de la recolección de datos por medio de revisión de expedientes registrados durante los años 2017-2024.

Resultados:

Se documentaron 19 casos de infección por *Fusarium spp.* La edad media fue 10 años con predominio del sexo femenino (63%). La neoplasia hematológica que predominó fue la leucemia linfocítica aguda (LLA) 80%; leucemia mieloide aguda (LMA) 5%; leucemia promielocítica (APL) 10% y linfoma NK 5%. La presentación clínica localizada, sinusitis o cultivo positivo de aspirado orotraqueal fue en 40% de los casos y el resto presentó nódulos cutáneos o úlceras en piel lo que indican enfermedad fúngica invasora.

La fase de quimioterapia en al que se encontraban 18/19 pacientes fue la de inducción, la cual es la fase de mayor intensidad y se caracteriza por producir períodos prolongados de neutropenia, principal factor, que hace susceptible al huésped para una infección fúngica diseminada. Al momento del diagnóstico 60% (12/19) presentaron un recuento total de neutrófilos (ANC) menor a $300 \times 10^3/\text{u/L}$. La mortalidad fue de 63% (12/19) y 68%

de los pacientes presentaron comorbilidades infecciosas (Bacteriemia por gram negativos, colitis neutropénica, síndrome diarreico por *Clostridium difficile*, neumonía).

Conclusiones:

Los pacientes oncológicos presentan un riesgo aumentado de fungemias y el pronóstico se encuentra directamente relacionado con el estado inmunológico del huésped. La fase del tratamiento y la neutropenia relacionada suponen un riesgo aumentado para la infección fúngica invasora por lo que el apareamiento de nódulos subcutáneos siempre debe aumentar el índice de sospecha.

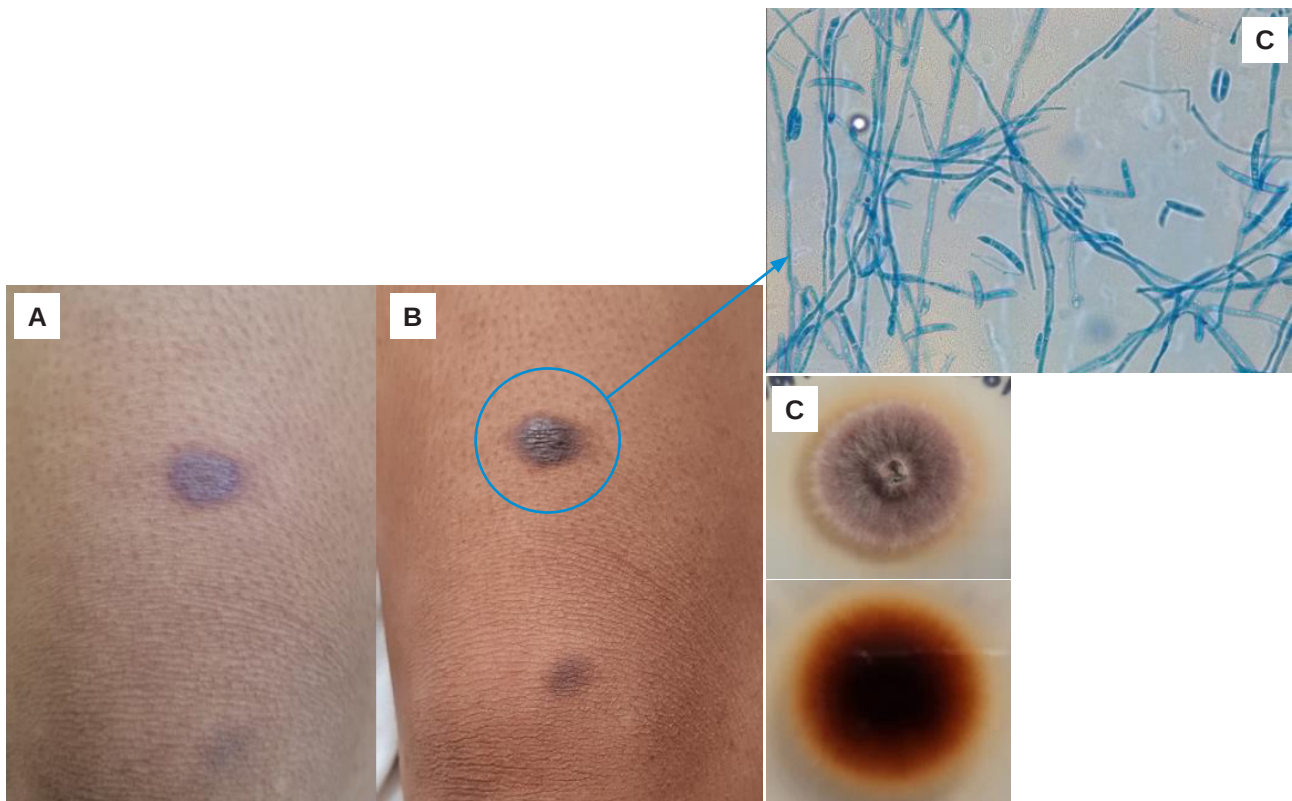


Figura A,B: Descripción de fotografías: nódulo cutáneo doloroso, violáceo con evolución a necrosis.

Figura C: Cultivo Sabouraud: Colonia de crecimiento rápido y micelio aéreo abundante, textura algodonosa coloración blanquecina que al pasar los días cambió a violeta. Microscópico: Se observó un hongo con hifas septadas y conidióforos ramificados. Se observan microconidias y macroconidias con 2 a 5 septos en forma de canoa.

D004 - Manifestaciones y consecuencias clínicas de la mucormicosis en una serie local

Clinical manifestations and consequences of mucormycosis in a local case series

Jaime Antonio Collins Camones¹, Silvia Paola Girano Corbera²

¹ Vicerrectorado de Investigación, Universidad Nacional Federico Villarreal. Lima, Perú. Servicio de Infectología, Departamento de Medicina Interna, Hospital G. Almenara, EsSalud. Lima, Perú, jcollinslp@gmail.com

² Médica residente de Enfermedades Infecciosas y Tropicales, Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú. Servicio de Infectología, Departamento de Medicina Interna, Hospital G. Almenara, EsSalud. Lima, Perú, renatomoran38@gmail.com

Palabras clave: Mucormicosis, diabetes, exenteración orbitaria, letalidad, Perú

Introducción:

La información clínica sobre mucormicosis se limita al reporte de casos en nuestro medio.

Objetivos:

Determinar las manifestaciones y consecuencias clínicas de esta enfermedad en una serie.

Métodos:

Serie longitudinal retrospectiva de pacientes adultos con mucormicosis probada atendidos en el Hospital Guillermo Almenara, EsSalud, entre enero de 2020 y julio de 2024. El rastreo de los casos se extendió hasta el 31 de diciembre de 2024 para determinar la letalidad.

Resultados:

Fueron evaluados 12 pacientes (media de edad, 50 años [DE: 13]; cinco mujeres, 42%). La mucormicosis fue confirmada por histopatología en diez casos (83%) y por microbiología, cultivo, en dos casos (17%). Once pacientes (92%) tuvieron una diabetes subyacente. En estos pacientes, al inicio de la infección clínica hubo cuatro casos de cetoacidosis y otros cuatro casos de absceso y extracción dental (36%, 4/11, respectivamente). Tres de estos pacientes tuvieron ambos problemas. La enfermedad afectó la región de la cabeza en 11 casos (92%), y el pulmón en el caso restante (8%, región de la lengua). En la cabeza se afectaron las fosas nasales en un 82% (9/11, cuatro del lado derecho y cinco del lado izquierdo), los senos maxilares en un 91% (10/11, cuatro del lado derecho, cinco del lado izquierdo y uno bilateral) y la base del cerebro en un 27% (3/11). Como terapia antifúngica inicial, nueve pacientes recibieron amfotericina B deoxicolato (75%), dos isavuconazol (17%) y el restante ninguno (8%). Todos los pacientes con afectación de la cabeza fueron operados, lo que incluyó exenteración orbitaria en cinco casos (45%, 5/11; uno de forma bilateral), enucleación ocular en un caso (9%, 1/11), y resección de un absceso cerebral en un caso (dos veces). La serie completa acumuló un total de 277 meses de seguimiento desde la fecha del diagnóstico, con una letalidad del 25% (3/12). El deceso de los pacientes ocurrió en una media de 1.3 meses.

Conclusiones:

Las manifestaciones clínicas de la mucormicosis fueron similares a las descritas en otras regiones, con la diabetes como enfermedad subyacente en prácticamente todos los pacientes. En este contexto, cetoacidosis o patología dental pueden ser indicadores clínicos tempranos de la enfermedad. El manejo de la mucormicosis implica cirugías amplias o radicales, como la exenteración orbitaria que puede llegar a ser bilateral, con consecuencias serias en la calidad de vida. La letalidad de la serie fue menor a la de otras regiones.

Do06 - Aspectos clínico-epidemiológicos de la paracoccidioidomicosis en un centro de referencia en Paraguay

Clinical and epidemiological aspects of paracoccidioidomycosis at a reference center in Paraguay

Amanda María Nuñez Sanabria¹, Fátima Gómez Brugada², Matias Darío Ortiz Brítez³,
Roxana Claudia Iquize Condori⁴, Gustavo Gregorio Benítez Estigarribia⁵, Aurelia Taboada Ojeda⁶,
Virgilio Gastón Lezcano Dávalos⁷

¹ Instituto de Medicina Tropical de Asunción, Paraguay, amynu33@gmail.com

² Instituto de Medicina Tropical de Asunción, Paraguay, fatigobru@hotmail.com

³ Instituto de Medicina Tropical de Asunción, Paraguay, 92matiortbri@gmail.com

⁴ Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán, Ciudad de México, México, claudia.iquize1@gmail.com

⁵ Instituto de Medicina Tropical de Asunción, Paraguay, gbenite@yahoo.com.ar

⁶ Instituto de Medicina Tropical de Asunción, Paraguay, aurette@hotmail.com

⁷ Instituto de Medicina Tropical de Asunción, Paraguay, virgilio.lezcano@gmail.com

Palabras clave: Paracoccidioidomicosis, Paraguay, epidemiología.

Introducción:

La paracoccidioidomicosis (PCM) es una infección fúngica invasiva causada por el hongo dimorfo *Paracoccidioides brasiliensis*, con una presentación clínica aguda/subaguda y crónica, siendo esta última la más frecuente. Presenta alta prevalencia en zonas tropicales y subtropicales de América Latina y en Paraguay constituye un importante problema de salud pública.

Objetivo:

Describir las características clínicas, epidemiológicas y diagnósticas de los pacientes con diagnóstico de PCM durante el periodo 2020-2024 internados en el Instituto de Medicina Tropical, Asunción.

Métodos:

Estudio retrospectivo y descriptivo de fichas clínicas de pacientes con diagnóstico de PCM internados en el IMT.

Resultados:

Se identificaron 15 casos de PCM. El departamento con mayor prevalencia fue el de San Pedro con 4 casos (26.6%), en su mayoría (66.7%) agricultores, con edades comprendidas entre 37 y 69 años y una mediana de 57 años. 14 (93%) fueron del sexo masculino.

Con relación a los antecedentes patológicos personales 10 (66.6%) refirieron etilismo, 12 (80%) tabaquismo.

Con respecto a las comorbilidades, 7 (46%) presentaban un IMC <18.5 kg/m², 2 (13%) eran portadores de DM2, 2 (13%) con HTA, 2 (13%) con EPOC y 2 (13%) con Hiperplasia prostática benigna. La presentación clínica crónica fue más frecuente, presente en 13 (86%) pacientes, con una mediana de tiempo de evolución de 4 meses. La principal afectación fue cutáneo-mucosa en 11 (73%) pacientes, siendo el sitio más frecuente a nivel de la cavidad nasobucofaringea; la afectación pulmonar estaba presente en 6 (40%) casos, y 2 (13%) pacientes con afectación ganglionar. El diagnóstico en 6 (40%) casos fue por examen directo, y 9 (60%) por Histopatología. En cuanto al tratamiento, 7 (46%) individuos recibieron tratamiento con Anfotericina B + Itraconazol, 2 (13%) con Anfotericina B + Trimetoprim/Sulfametoxazol, 2 (13%) con Itraconazol en monoterapia. La mortalidad fue del 6.7%.

Conclusiones:

La PCM es una enfermedad endémica del Paraguay, con un pleomorfismo clínico que podría asemejarse a otras enfermedades y evolucionar a una forma crónica. El diagnóstico mostró una dependencia considerable de la histopatología, lo que sugiere la necesidad de mejorar la capacitación en el examen directo para agilizar el diagnóstico y tratamiento, con el cual presenta una baja mortalidad.

Do10 - De lo raro a lo letal: meningitis criptococócica en pacientes no VIH en República Dominicana

From rare to lethal: Cryptococcal meningitis in non-HIV patients in the Dominican Republic

Heidy Adames Espinal¹, Lorenzo Almonte², Yire Hermenegildo³, Luisa Espaillat⁴, Roque Ureña⁵, Miguel Venega⁶

¹ Clínica Corominas, Santiago de los Caballeros, R. D., adames_espinal@hotmail.com

² Clínica Corominas, Santiago de los Caballeros, R. D., Tamilee_almonte@hotmail.com

³ Clínica Corominas, Santiago de los Caballeros, R. D., yirehermenegildo@gmail.com

⁴ Clínica Corominas, Santiago de los Caballeros, R. D., Luisa_melina@hotmail.com

⁵ Clínica Corominas, Santiago de los Caballeros, R. D., roqueurena@hotmail.com

⁶ Clínica Corominas, Santiago de los Caballeros, R. D.

Introducción:

La meningoencefalitis criptococócica (MC) es una infección fúngica del sistema nervioso central (SNC) comúnmente asociada a pacientes con VIH u otras condiciones de inmunosupresión. Sin embargo, en individuos inmunocompetentes o sin VIH, la MC es una manifestación rara y poco frecuente, lo que hace que su diagnóstico sea aún más desafiante. La literatura científica en torno a la meningoencefalitis criptococócica en pacientes no VIH es escasa, especialmente en regiones subtropicales como la República Dominicana, donde la falta de reportes específicos sobre esta enfermedad limita la comprensión de su prevalencia y diagnóstico.

Objetivo:

Describir las características clínico-radiológicas de los dos primeros casos de MC en pacientes sin inmunocompromiso en República Dominicana.

Métodos:

Se realizó un estudio descriptivo, observacional y retrospectivo, utilizando la recolección de datos de registros clínicos.

Resumen. Masculino de 37 años, antecedente de hepatitis B. Que presentó datos de hipertensión intracraneal, fiebre y somnolencia. Clínicamente con irritación meníngea y parálisis de VI nervio. Se sospechó meningitis bacteriana e inició tratamiento con Ceftriaxona y Vancomicina, sin mejoría clínica.

El segundo caso es un masculino de 75 años, antecedente de hipertensión arterial, historia de demencia e hidrocefalia de 8 años requiriendo SDVP en dos ocasiones. Fue ingresado por ptosis palpebral derecha y estupor. Se inició tratamiento con Ceftriaxona, Vancomicina y Aciclovir, sin obtener respuesta clínica.

El LCR en ambos casos tuvo hiperproteínorraquia, hipoglucorraquia y pleocitosis. En el primer caso la tinta china mostró levaduras encapsuladas, en el segundo paciente se reportó negativa. El panel para meningoencefalitis en ambos casos fue positivo para *Criptococo neoformans/gatti*.

En la TC y RM de cráneo del primer paciente se evidenció infarto en núcleos de la base. El segundo caso mostró hidrocefalia y posteriormente presentó hemorragia intraparenquimatosa frontal izquierda. Ambos pacientes fueron tratados con Anfotericina B más Fluconazol.

Conclusión:

Estos casos constituyen los primeros pacientes con diagnóstico microbiológicos de MC confirmados en Rep. Dom., sin embargo, debido a la baja sospecha clínica, sumada al desconocimiento sobre las MC, contribuyó a dificultades en la identificación temprana, lo que retrasó el referimiento y consecuentemente el diagnóstico e inicio del tratamiento oportuno. En este contexto, es fundamental sensibilizar a los profesionales de la salud sobre esta rara pero grave infección, para mejorar las estrategias diagnósticas y terapéuticas y reducir la mortalidad asociada a la enfermedad.

D012 - Caracterización genotípica y clínica del complejo *Cryptococcus neoformans* en pacientes con VIH: en el HNDAC (Perú)

Genotypic and clinical characterization of the *Cryptococcus neoformans* complex in HIV patients at HNDAC (Peru)

Nilo Bonifacio Morales¹, José María Miguel Guevara Granados², Eliza Gamarra Villegas³, Vilma Béjar Castillo⁴, Germán Vergaray Ulfe⁵, Freddy Villanueva-Cotrino⁶

¹ Hospital Nacional Daniel A. Carrión, Centro de investigación de la FMH de la USMP, nilbon2000@yahoo.com

² Hospital Nacional Daniel A. Carrión, Instituto de Medicina Tropical «Daniel Alcides Carrión», Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

³ Hospital Nacional Daniel A. Carrión.

⁴ Instituto de Medicina Tropical «Daniel Alcides Carrión», Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

⁵ Instituto de Investigaciones Ciencias Biológicas «Antonio Raimondi», Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

⁶ Instituto de Medicina Tropical «Daniel Alcides Carrión», Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

Palabras clave: Criptococosis, genotipificación criptocócica, clínica de criptococosis

Introducción:

La tipificación genotípica del criptococo podría ayudar en el conocimiento del pronóstico de esta micosis.

Objetivo:

Realizar la caracterización genotípica de los aislamientos clínicos del complejo *Cryptococcus neoformans* de pacientes con infección por VIH hospitalizados en el servicio de Infectología del HNDAC y describir las características clínicas según genotipo, y evaluar su severidad.

Métodos:

En un estudio descriptivo y retrospectivo se identificaron inicialmente en el laboratorio de microbiología del HNDAC cultivos positivos de *Cryptococcus neoformans* de muestras enviadas entre el 2015 al 2020, posteriormente tipificadas genotípicamente mediante PCR-RFLP en el Laboratorio de Micología del Instituto de Medicina Regional de la Universidad del Noreste (Argentina). Las características clínicas fueron evaluadas a través de la revisión de historias clínicas (HC).

Resultados:

Se encontraron cultivos positivos en 11 muestras, todas de LCR, de ellos 7 pacientes tenían historias clínicas y 4 pacientes no tenían. El 100% (los 7 pacientes con HC) tenían diagnóstico de VIH, de ellos 42.85% (3 pacientes) eran de reciente diagnóstico y no tomaban TARV y el 57.14% (4 pacientes) ya tenían el diagnóstico de VIH y tomaban TARV irregular. El rango de edad fue entre 33 y 44 años (media 37), todos masculinos, 5 heterosexuales y dos HSH. El nivel de CD4 entre 14 a 184 células/mm³ (media 82), y una carga viral entre 1180 y 557 mil copias ARN/ml (media 242419) en el momento de diagnóstico de Neurocriptococosis.

Las manifestaciones clínicas más frecuentes fueron cefalea, fiebre y vómitos. Un 28.57% (2 pacientes) presentaban trastorno de nivel de conciencia (TNC) y 1 convulsiones. Los criterios de mal pronóstico fueron: CD4 bajo, hipocelularidad e hipertensión endocraneana en 71.42%, hipoglucorraquia en 42.85% y TNC 28.57%. El 100% recibieron tratamiento solo con Anfotericina B deoxicolato. El 85.70% (6 pacientes) tuvieron mejoría clínica y un paciente falleció. En los 7 pacientes se encontró *Cryptococcus* spp, de estos en 5 se detectó el complejo *Neoformans* variante Grubii: serotipo A VNI (4 pacientes) y VNII (1 paciente) y en los otros dos pacientes no se logró genotipificar. De los 4 pacientes que no contaban con HC pero con cultivo positivo a criptococo, en 3 pacientes se lograron tipificar: 2 resultaron ser VNI y el tercero VNII.

Conclusiones:

El criptococo prevalente fue el *Neoformans* variante Grubii de genotipo VNI y GNII, causando compromiso cerebral y afectando a pacientes con inmunosupresión por VIH. Ambos genotipos produjeron cuadros graves de neurocriptococosis con criterios de mal pronóstico.

E002 - Coinfección bacteriana y parasitaria en derrames pleurales: reporte de dos casos

Bacterial and parasitic coinfection in pleural effusions: report of two cases

Julio Cruz Mateo¹, Katherine Pamela Rodríguez Martínez², Karina Espailat³, Ana Raquel Fernández⁴, Antonio Villegas⁵, Xiomara Rodríguez⁶, Claudia Blanco⁷, Talía Flores⁸

¹ Hospital Salvador B. Gautier, juliocruzmateo06@gmail.com

² Hospital Salvador B. Gautier, drakatherinepamela@gmail.com

³ Hospital Salvador B. Gautier, Karinaespailat@gmail.com

⁴ Hospital Salvador B. Gautier, anafdeztaveras@gmail.com

⁵ Hospital Salvador B. Gautier, antoniovillegas244@gmail.com

⁶ Hospital Salvador B. Gautier, dra.xiomararn@gmail.com

⁷ Hospital Salvador B. Gautier, dracpblanco@gmail.com

⁸ Hospital Salvador B. Gautier

Palabras clave: Derrame pleural infeccioso, coinfección bacteriana y parasitaria, Pleurostomía y tratamiento antimicrobiano

Introducción:

Las infecciones pleuropulmonares son una causa significativa de morbilidad y mortalidad. *Acinetobacter baumannii* y *Escherichia coli* productora de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) representan un desafío debido a su resistencia antimicrobiana. La identificación de *Cyclospora cayetanensis* y *Entamoeba histolytica* en estos cuadros clínicos es poco frecuente y su impacto clínico aún no está bien definido. Presentamos dos casos de derrame pleural infeccioso con hallazgos microbiológicos inusuales, resaltando la necesidad de un abordaje integral en su diagnóstico y tratamiento.

Objetivos:

1. Describir las características clínicas y microbiológicas de dos pacientes con derrame pleural infeccioso asociado a coinfección bacteriana y parasitaria.
2. Analizar el abordaje diagnóstico y terapéutico implementado.
3. Discutir la relevancia de la identificación de parásitos en infecciones pleuropulmonares.

Métodos:

Se realiza una serie de casos clínicos con dos pacientes hospitalizados con diagnóstico de derrame pleural infeccioso en el Hospital Salvador B. Gautier, en periodo diciembre – enero 2025 mediante revisión de expedientes clínicos, resultados de cultivos microbiológicos y exámenes de microscopía, garantizando confidencialidad según las normas éticas y regulatorias aplicables.

Resultados:

Caso 1: Paciente femenina de 66 años con antecedente de osteoporosis, ingresada previamente por neumonía y tratada con moxifloxacina. Posteriormente, presentó recidiva con derrame pleural derecho aunado con episodios diarreicos sin aislamientos por microscopía en heces. Esta presenta virales negativos. Se realizó pleurostomía con aislamiento de *Acinetobacter baumannii* sensible a carbapenémicos, *Cyclospora cayetanensis* y *Entamoeba histolytica*. Presentó tomografía abdominal sin hallazgos. Evidenciándose este cuadro en una paciente sin factores de riesgo de desarrollar efusión pleural con presencia de dichos parásitos. Se instauró tratamiento con meropenem, trimetoprim-sulfametoxazol y metronidazol.

Caso 2: Paciente masculino de 76 años con hipertensión arterial y antecedente de absceso hepático tratado previamente. Consultó por fístula pleurocutánea con hallazgos de colecciones pleurales loculadas, efusión pleural y absceso hepático. Se realizó pleurostomía con aislamiento de *Escherichia coli* BLEE y *Entamoeba histolytica*, manejándose con meropenem y metronidazol, logrando mejoría clínica.

Conclusiones:

Los casos presentados resaltan la importancia de un enfoque diagnóstico amplio en pacientes con infecciones pleuropulmonares, considerando la posibilidad de coinfección bacteriana y parasitaria. Es interesante destacar ambos pacientes sin comorbilidades que justifiquen el hallazgo de presentar factores de riesgo para el desarrollo de efusión pleural parasitaria. La identificación de parásitos en el líquido pleural sugiere la necesidad de mayor investigación sobre su papel patogénico en estos cuadros clínicos. Un manejo integral con antibióticos y antiparasitarios puede contribuir a mejores desenlaces clínicos en estos pacientes.

F004 - Tuberculosis genitourinaria en pacientes con VIH. Serie de casos. Instituto de Medicina Tropical - Asunción-PY

Genitourinary tuberculosis in patients with HIV: Case series. Institute of Tropical Medicine – Asunción, Paraguay

Gerardo Arguello¹, María Belén Gaona², Gustavo Benítez³, Amanda Núñez⁴, Miguel Cardozo⁵

¹ Instituto de Medicina Tropical, Paraguay, gerardo_arteta@outlook.com

² Instituto de Medicina Tropical, Paraguay, belu92gaon@hotmail.com

³ Instituto de Medicina Tropical, Paraguay, gbenite@yahoo.com.ar

⁴ Instituto de Medicina Tropical, Paraguay, aminunez@gmail.com

⁵ Instituto de Medicina Tropical, Paraguay, miguelcardozo.doc@gmail.com

Palabras clave: tuberculosis genitourinaria, HIV

Introducción:

La tuberculosis (TB) genitourinaria es una forma infrecuente de presentación, constituye la tercera forma de presentación extrapulmonar (después de la ganglionar y la pleural), con relevancia en paciente con VIH.

Objetivos:

Describir las características clínicas de la tuberculosis genitourinaria en pacientes con VIH. - Evaluar los métodos diagnósticos, evolución clínica y respuesta al tratamiento de la tuberculosis genitourinaria en pacientes con VIH.

Materiales y métodos:

Revisión retrospectiva de tres casos atendidos en un hospital de tercer nivel. Se incluyeron a los pacientes con diagnósticos confirmados de tuberculosis genitourinaria y VIH. Los datos fueron recogidos a partir de fichas clínicas.

Caso 1: Paciente, Femenino, 29 años. Antecedentes: Portadora de VIH y TB pulmonar con abandono de tratamiento. Síntomas: Tumoración genital. Diagnóstico: Tuberculosis genital (Bartolinitis). BAAR en secreción purulenta. Tratamiento: HRZE por 9 meses. Evolución: Se realizó drenaje de tumoración con buena evolución clínica.

Caso 2: Paciente, Masculino, 29 años. Antecedentes: Portador del VIH y antecedentes de TB pulmonar con abandono de tratamiento. Síntomas: Disuria y tenesmo vesical 2 meses de evolución. Diagnóstico: Tuberculosis genitourinaria, injuria renal aguda, piuria estéril con PCR para *Mycobacterium tuberculosis* positivo en orina. Tratamiento: HRZE por 9 meses y colocación de catéter doble J. Evolución: Resolución de injuria renal aguda y mejoría de los síntomas.

Caso 3: Paciente, Masculino, 31 años. Antecedentes: Portador de VIH y TB pulmonar no tratado, tabaquista, privado de libertad. Síntomas: Astenia, fiebre, disuria. Diagnóstico: Tuberculosis urogenital – BAAR en orina. Tratamiento: HRZE por 9 meses. Evolución: Mejoría clínica.

Resultados:

Ante el tratamiento médico y quirúrgico adecuado los presentados los pacientes presentaron mejoría clínica de sus síntomas.

Conclusión:

El diagnóstico de la tuberculosis genitourinaria requiere alta sospecha por la amplia variedad de presentaciones clínicas y la baja rentabilidad de los métodos diagnósticos. El retraso en el diagnóstico puede llevar a la afectación renal grave. El antecedente de TB pulmonar debe orientar a investigar dicha patología cuando se presentan síntomas de afectación del sistema genitourinario.

1001 - Bacteriemia por *Sphingomonas paucimobilis*, serie de casos pediátricos y adultos en un hospital de referencia del Seguro Social del Perú. 2020-2024

Sphingomonas Paucimobilis Bacteremia: Pediatric and Adult Case Series in a Referral Hospital of the Social Security System in Peru, 2020–2024

Mario Agramonte-Vilca¹, Stalin Vilcarromero-Llaja², Olguita del Águila³, Norka Luarte-Saldaña⁴

¹ Universidad San Antonio Abad del Cusco, Perú, 081677@unsaac.edu.pe

² Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú, stalinf@yahoo.com

³ Unidad Infectología Pediátrica del Hospital Nacional Edgardo Rebagliati Martins, Perú, odaguila@hotmail.com

⁴ Servicio de Microbiología del Hospital Nacional Edgardo Rebagliati Martins, Perú, norlusal90@yahoo.com

Palabras clave: *Sphingomonas paucimobilis*, bacteriemia, pediatría.

Introducción:

Sphingomonas paucimobilis es una bacteria ubicua en medios acuosos, suelo y puede ser aislada del ambiente hospitalario. Se describe variedad de presentaciones asociadas a la atención de salud o provenientes de la comunidad, especialmente en pacientes con inmunocompromiso. Las infecciones más frecuentes son bacteriemias, artritis, osteomielitis, peritonitis, y brotes de neumonías asociadas a ventilación mecánica en neonatos y adultos. Tiene baja virulencia y las infecciones se caracterizan por su baja mortalidad. No existen reportes recientes sobre este patógeno en el Perú, ni acerca de su perfil de resistencia.

Objetivo(s):

Describir los aspectos clínicos y patrón de resistencia microbiológica de esta bacteria en el periodo 2020-2024 en el Hospital Edgardo Rebagliati Martins (HNERM).

Métodos:

Estudio retrospectivo de tipo descriptivo, observacional. La población fueron pacientes hospitalizados pediátricos o adultos hospitalizados durante el período: enero del 2020 a septiembre del 2024, en los diferentes servicios del HNERM y que tuvieran confirmación microbiológica en uno o más hemocultivos para *Sphingomonas paucimobilis*. Se extrajo la información del registro de vigilancia del servicio de Microbiología del HNERM. Nuestro servicio de Microbiología procesa los hemocultivos en el sistema automatizado BACTEC 9120. La sensibilidad a antimicrobianos se determinó mediante el método de Kirby- Bauer y la determinación de la concentración mínima inhibitoria (CMI), por medio de paneles de Wider (Dade Microscan Inc., West Sacrament, EEUU). El estudio cuenta con la aprobación del Comité de Ética en Investigación del HNERM.

Resultados:

Identificamos 6 casos, 3 de ellos en menores de 2 años. Las características clínicas se describen en las tablas 1 y 2.

Conclusiones:

En conclusión, *S. paucimobilis* es un patógeno emergente, que en nuestro entorno ha sido identificado principalmente en medio hospitalario, como causante de bacteriemias, en pacientes con factores de riesgo. El tratamiento debe guiarse según los patrones de sensibilidad en cada caso.

Tabla 1. Características clínica y de laboratorio de los pacientes con bacteriemia por *Sphingomonas paucimobilis* durante el periodo 2020-2024.

Caso	Edad	Antecedente	Comorbilidad	Inmunosupresión	Fiebre	Diarrea	Irritabilidad	Convulsión	Distensión abdominal	Somnolencia	Sepsis	Tos	Disnea	Otros Síntomas:	Resultado de la infección	Leucocitos (cel/uL)	Neutrófilos (cel/uL)	Linfocitos (cel/uL)	Recuento de Plaquetas	Hb	PCR	Creat	K+	Na+	Resultado de la infección
1	1 año	RN por cesarea con melomeningocele 33 semanas	Hidrocefalia congénita y melomeningocele	Pretermino	No	No	Si	No	No	Si	No	No	No	No	Sobreviva	8670	4120	2810	232000	16.8	<0.4	0.77	5.6	138	Sobreviva
				Desnutrición crónica severa/marasma	Si	No	Si	No	No	No	No	Si	Si	Secreciones respiratoria, hipoxia	Sobreviva	2650	2260	3000	370000	10.9	14	0.18	5	143	Sobreviva
				Desnutrición crónica severa/marasma	Si	No	Si	No	No	No	No	Si	Si	Secreciones respiratoria, hipoxia	Sobreviva	37410	16950	15730	125000	9	12	0.18	5	134	Fallece
2	2 años	Atrofia cerebral, hidrocefalia, retraso global del desarrollo.	Hidrocefalia	Probable Inmunodeficiencia primaria EAD	Si	Si	Si	Si	Si	No	Si	Si	No	No	Sobreviva	9670	7550	1790	268000	7.9	<0.4	0.13	3.8	126	Sobreviva
				Probable Inmunodeficiencia primaria EAD	Si	Si	Si	Si	Si	No	Si	Si	No	No	Sobreviva	9670	7550	1790	268000	7.9	<0.4	0.13	3.8	126	Sobreviva
				Probable Inmunodeficiencia primaria EAD	Si	Si	Si	Si	Si	No	Si	Si	No	No	Sobreviva	9670	7550	1790	268000	7.9	<0.4	0.13	3.8	126	Sobreviva
3	2 meses	Malrotación intestinal operada al 5to día de vida, diarrea crónica por alergia proteína de la leche.	Diarrea crónica, Desnutrición crónica	Probable Inmunodeficiencia primaria EAD	Si	Si	Si	No	Si	Si	Si	No	No	Hipoactivo	Fallece	37410	16950	15730	125000	9	12	0.18	5	134	Fallece
				Probable Inmunodeficiencia primaria EAD	Si	Si	Si	No	Si	Si	Si	No	No	Hipoactivo	Fallece	37410	16950	15730	125000	9	12	0.18	5	134	Fallece
				Probable Inmunodeficiencia primaria EAD	Si	Si	Si	No	Si	Si	Si	No	No	Hipoactivo	Fallece	37410	16950	15730	125000	9	12	0.18	5	134	Fallece
4	2 años	Atrofia cerebral, hidrocefalia, retraso global del desarrollo.	Hidrocefalia	Probable Inmunodeficiencia primaria EAD	Si	Si	Si	Si	Si	No	Si	Si	No	No	Sobreviva	9670	7550	1790	268000	7.9	<0.4	0.13	3.8	126	Sobreviva
				Probable Inmunodeficiencia primaria EAD	Si	Si	Si	Si	Si	No	Si	Si	No	No	Sobreviva	9670	7550	1790	268000	7.9	<0.4	0.13	3.8	126	Sobreviva
				Probable Inmunodeficiencia primaria EAD	Si	Si	Si	Si	Si	No	Si	Si	No	No	Sobreviva	9670	7550	1790	268000	7.9	<0.4	0.13	3.8	126	Sobreviva
5	87 años	Hipertensión arterial, Diabetes mellitus, Insuf. cardiaca	Enfermedad Renal Crónica en hemodialis por CVC larga permanencia	Desnutrición crónica severa, ERC en hemodialis	No	No	No	No	No	No	Si	No	Si	No	Fallece	11230	9550	8100	17000	11.4	19.8	5.5	4.7	138	Fallece
				Desnutrición crónica severa, ERC en hemodialis	No	No	No	No	No	No	Si	No	Si	No	Fallece	11230	9550	8100	17000	11.4	19.8	5.5	4.7	138	Fallece
				Desnutrición crónica severa, ERC en hemodialis	No	No	No	No	No	No	Si	No	Si	No	Fallece	11230	9550	8100	17000	11.4	19.8	5.5	4.7	138	Fallece
6	42 años	Esclerosis sistémica, Cirrosis biliar primaria e insuficiencia cardiaca	Desnutrición crónica con NPT, trombosis venosa cardiaca	Ciclofosfamida por ES	No	Si	No	No	Si	No	No	No	No	No	Sobreviva	5180	3100	152	293000	10.3	<0.4	0.14	4	139	Sobreviva
				Ciclofosfamida por ES	No	Si	No	No	Si	No	No	No	No	No	Sobreviva	5180	3100	152	293000	10.3	<0.4	0.14	4	139	Sobreviva
				Ciclofosfamida por ES	No	Si	No	No	Si	No	No	No	No	No	Sobreviva	5180	3100	152	293000	10.3	<0.4	0.14	4	139	Sobreviva

Hb: Hemoglobina, PCR: Proteína C reactiva, K+:Potasio, Na+:Sodio, Creat: Creatinina Sérica, EAD: Etiología a determinar, ERC: enfermedad renal crónica, CVC: cateter venoso central, NPT: nutrición parenteral total, ES: esclerosis sistémica

Tabla 2. Patrones de sensibilidad reportados para los aislamientos de *Sphingomonas paucimobilis* durante el periodo 2020-2024, HNERM

Fuente	Atracium		Cefepima		Cefazidim		Ceftriaxona		Ciprofloxacino		Amikacina		Imipenem		Levofloxacino		Meropenem		Piperacilina		Sulfametoxazol		
	Interpretación	CMI	Interpretación	CMI	Interpretación	CMI	Interpretación	CMI	Interpretación	CMI	Interpretación	CMI	Interpretación	CMI	Interpretación	CMI	Interpretación	CMI	Interpretación	CMI	Interpretación	CMI	
Caso 1 Sangre	R	>8	R	>8	R	<=1	S	8	S	N/R	S	<=16	S	2	S	<=2	S	<=1	S	<=16	S	<=2/38	S
Caso 2 Sangre		>8	R	8	S	8	I	16	I	N/R	I	<=16	S	<=1	S	<=2	S	<=1	S	<=16	S	<=2/38	S
Caso 3 Sangre		>16	R	>16	R	16	I	16	I	>2	I	<=8	S	<=1	S	1	S	<=0.5	S	>64	R	<=2/38	S
Caso 4 Sangre		>16	R	>16	R	16	I	16	I	>2	I	<=8	S	<=1	S	1	S	<=0.5	S	64	I	<=2/38	S
Caso 5 Sangre		>16	R	8	S	<=2	S	4	S	<=1	S	<=8	S	<=1	S	<=0.5	S	<=0.5	S	<=16	S	<=2/38	S
Caso 6 Sangre		>16	R	<=2	S	<=2	S	8	S	<=1	S	<=8	S	2	S	<=0.5	S	2	S	<=16	S	<=2/38	S

Patrones de Susceptibilidad reportados. Los aislamientos reportados fueron obtenidos mediante el método de Kirby-Bauer; la concentración mínima inhibitoria (CMI) se determinó por medio de paneles de Wider (Dade Microscan Inc., West Sacramento, EEUU). Los procedimientos se realizaron según Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI 2009).

O001 - Neurotoxicidad asociada al uso de Ertapenem en pacientes del Hospital Nacional Alberto Sabogal Sologuren del Callao, 2023-2024

Neurotoxicity associated with the use of ertapenem in patients at the Alberto Sabogal Sologuren National Hospital in Callao, 2023–2024

Ramón Rolando Cámara Reyes¹, Eddie Giampiere Diaz Carrión², Marco Antonio Zuñiga Rosas³, Erika Cecilia Agurto Lescano⁴

¹ Hospital Nacional Alberto Sabogal, Perú, ramon.camara.03@gmail.com

² Hospital Nacional Alberto Sabogal, Perú, eddiedc.21eddiedc.21@gmail.com

³ Hospital Nacional Alberto Sabogal, Perú, marc.an.zr.17@gmail.com

⁴ Hospital Nacional Alberto Sabogal, Perú, ceciliaagurto@gmail.com

Palabras clave: Ertapenem, Síndromes de Neurotoxicidad, Efectos Colaterales y Reacciones Adversas Relacionados con Medicamentos (Fuente: DeCS-BIREME)

Introducción:

El uso del ertapenem ha aumentado debido a su eficacia frente a patógenos resistentes. No obstante, se ha reportado un incremento de reacciones adversas, destacando la neurotoxicidad. Una revisión sistemática evidenció que la mayoría de los pacientes con neurotoxicidad presentaban enfermedad renal o afecciones neurológicas previas, y algunos recibieron dosis no ajustadas. Los síntomas más frecuentes fueron convulsiones, alteración de conciencia y alucinaciones. Sin embargo, la neurotoxicidad es un diagnóstico de exclusión debido a la dificultad de diferenciarla de otras condiciones, incluso con dosis recomendadas.

Objetivo(s):

Describir las principales características clínicas y factores de riesgo asociados a la neurotoxicidad relacionada con el uso de ertapenem en pacientes hospitalizados.

Métodos:

Se realizó un estudio observacional, descriptivo y retrospectivo en pacientes tratados con Ertapenem durante los años 2023 y 2024 en el Hospital Nacional Alberto Sabogal Sologuren del Callao, Perú. La recolección de datos se realizó de forma consecutiva en enero y febrero de 2025. Se analizaron antecedentes médicos, exámenes auxiliares y datos relacionados al uso de ertapenem, aplicando la Escala de Naranjo para determinar la probabilidad de causalidad. Los datos se registraron en una ficha de recolección y se presentaron en una tabla descriptiva, obteniéndose posteriormente porcentajes para la presentación de los resultados. El estudio contó con la aprobación del Comité de Ética en Investigación de la institución (Memorando N° 022-CIEI-OlyD-GRPS-ESSALUD-2025).

Resultados:

Se registraron siete pacientes mayores de 60 años con antecedentes de hipertensión arterial (85.7%), enfermedad renal crónica (71.4%) y diabetes mellitus (57.1%). El 85.7% presentó algún grado de anemia y el 71.4%, hipoalbuminemia. La infección del tracto urinario por agente BLEE fue el diagnóstico más común (57.1%). Los síntomas neurológicos aparecieron en promedio a los 5.7 días, destacando la confusión (71.4%) y la agitación psicomotriz (42.8%). La duración promedio del tratamiento fue de 7 días y los síntomas remitieron en 4.1 días tras suspenderlo. El 80% de los pacientes que contaron con tomografía cerebral presentó cambios crónicos o involutivos. La escala de Naranjo clasificó todos los casos como “relación probable”

Conclusiones:

La neurotoxicidad por ertapenem se manifestó principalmente como confusión y agitación psicomotriz. Los factores de riesgo identificados fueron enfermedad renal, hipoalbuminemia, anemia, edad avanzada y cambios involutivos en imágenes cerebrales. Se resalta la necesidad de monitoreo y ajuste de dosis para reducir el riesgo, especialmente en pacientes vulnerables, lo que podría mejorar los desenlaces clínicos y optimizar el uso de antimicrobianos.

Tabla 1. Características y exámenes de apoyo al diagnóstico de los pacientes que presentaron Neurotoxicidad relacionada al Ertapenem

	Paciente 1	Paciente 2	Paciente 3	Paciente 4	Paciente 5	Paciente 6	Paciente 7
Edad (años)	82	65	81	61	77	82	70
Sexo	Masculino	Masculino	Masculino	Masculino	Masculino	Masculino	Masculino
Antecedentes médicos	HTA ¹ ACV ² isquémico subcortical	DM ³ HTA ERC ⁴ en HD ⁵ Hipotiroidismo	HTA HBP ⁶ ERC en HD	ERC IV Monorreno Hidronefrosis	DM HTA Enf. de Parkinson	ERC en HD DM HTA	ERC en HD HTA DM NM ⁹ próstata
Alteración de la conciencia previa	No	No	No	No	No	No	No
Diagnóstico para inicio de tratamiento	ITU BLEE ⁷ por <i>Salmonella</i> spp	ISO ⁸ por prótesis de fractura de Tibia	ITU por <i>E. coli</i> BLEE	ITU complicada	Pie diabético abscedado	ITU por <i>K. pneumoniae</i> BLEE	ITU por <i>E. coli</i> BLEE
TFG por MDR (ml/min/1.73 m²)	< 15	< 15	30	< 15	108	< 15	< 15
Albúmina sérica (mg/dl)	3.8	-	2.2	2.3	1.9	2.2	2.92
Hemoglobina (mg/dl)	15.1	8.8	10.1	8.2	8	8.3	7.5
Dosis de Ertapenem (Vía Endovenosa a)	1 gr cada 24 horas	500 mg cada 24 horas	500 mg cada 24 horas	1 gr cada 24 horas	1 gr cada 24 horas	500 mg cada 24 horas	500 mg cada 24 horas
Síntomas de neurotoxicidad	Agitación psicomotriz	Confusión, Alucinaciones visuales	Confusión	Confusión	Agitación psicomotriz	Confusión	Confusión, Agitación psicomotriz
Inicio de síntomas de neurotoxicidad (días)	5	9	8	3	3	6	6
Duración de tratamiento con Ertapenem (días)	5	11	8	7	5	7	6

Acción respecto al uso de Ertapenem	Término de tratamiento	Cambio a Meropenem 500 mg cada 24 horas	Término de tratamiento	Cambio a Meropenem 500 mg cada 24 horas	Cambio a Meropenem 1gr cada 8 horas	Término de tratamiento	Término de tratamiento
Medicamentos que pueden asociarse	No	No	No	No	No	No	No
Tomografía cerebral	Sí. Lesiones hipodensas periventriculares confluentes crónicas	Sí. Normal	Sí. Cambios involutivos cortico-subcorticales cerebrales	No	No	Si. Cambios asociados a la edad.	Sí. cambios involutivos del parénquima cerebral
Resolución de síntomas de suspendido o cambiado el Ertapenem (días)	3	8	2	2	3	3	8

Fuente: Elaborada por los autores a partir de los datos obtenidos de los registros médicos electrónicos.

¹ Hipertensión arterial ² Accidente cerebrovascular ³ Diabetes Mellitus ⁴ Enfermedad Renal Crónica ⁵ Hemodiálisis ⁶ Hiperplasia Benigna de Próstata ⁷ Betalactamasa de Espectro Extendido ⁸ Infección de sitio operatorio ⁹ Neoplasia maligna de próstata

O002 - Retinitis por citomegalovirus en pacientes inmunocompetentes: serie de casos

Cytomegalovirus Retinitis in Immunocompetent Patients: Case Series

Liz Carina Benítez Elizaur¹, Amanda María Nuñez Sanabria², Fátima Gómez Brugada³,
Matias Darío Ortiz Brítez⁴, Claudia Leticia Delgado Herrera⁵, Villalba Ramos Joaquín Rodrigo⁶,
Gustavo Gregorio Benítez Estigarribia⁷

¹ Instituto de Medicina Tropical de Asunción, Paraguay, elizaurlizca@hitmail.com

² Instituto de Medicina Tropical de Asunción, Paraguay, amynu33@gmail.com

³ Instituto de Medicina Tropical de Asunción, Paraguay, fatigobru@hotmail.com

⁴ Instituto de Medicina Tropical de Asunción, Paraguay, 92matiortbri@gmail.com

⁵ Instituto de Medicina Tropical de Asunción, Paraguay, letu.delgado@gmail.com

⁶ Instituto de Medicina Tropical de Asunción, Paraguay, joaquinvillalba@unc.edu.py

⁷ Instituto de Medicina Tropical de Asunción, Paraguay, gbenite@yahoo.com.ar

Palabras clave: Retinitis, Inmunocompetente, Citomegalovirus.

Introducción:

La retinitis por citomegalovirus (CMV) es una infección ocular grave que se presenta principalmente en pacientes con VIH. Se describen tres casos de retinitis por CMV que tienen en común la inusual presentación en pacientes inmunocompetentes, con diferencias en la evolución y abordaje de tratamiento.

Objetivos:

Describir las características clínicas de presentación de retinitis por CMV en pacientes inmunocompetentes.

Evaluar la evolución y tratamiento en los pacientes con retinitis por CMV.

Métodos:

Estudio retrospectivo de tres pacientes con retinitis por CMV en un hospital de tercer nivel. Los datos fueron recogidos de registros médicos e incluyeron antecedentes patológicos, síntomas, métodos diagnósticos, tratamiento y evolución clínica.

Resultados:

Caso 1

Paciente: Hombre, 46 años. Sin patologías de base. Síntomas: Disminución de la agudeza visual del ojo izquierdo.

Diagnóstico: Retinitis por CMV confirmado por fondo de ojo y PCR de humor vítreo del ojo izquierdo.

Tratamiento: Ganciclovir intravenoso y valganciclovir oral.

Evolución: Completó 21 días de valganciclovir 900 mg c/12h. Un mes después presentó pérdida de la visión del ojo izquierdo, constatando desprendimiento de retina en ojo izquierdo y focos de retinitis en ojo derecho. Inició ganciclovir 5mg/kg c/12h por 21 días. Posteriormente presentó signos de retinitis con cicatrización en el ojo derecho. Continuó el tratamiento con valganciclovir 900 mg c/24h durante 6 meses.

Caso 2

Paciente: Mujer, 27 años. Sin patologías de base. Síntomas: Destellos de luz en ojo derecho.

Diagnóstico: Retinitis y vasculitis en ojo derecho, compatibles con retinitis por CMV. Tratamiento: Ganciclovir intravítreo 2mg/semanal dos dosis y valganciclovir 900 mg c/12h por 21 días.

Evolución: Cicatrización de parches de retinitis y vasculitis en resolución. Continuó con valganciclovir 900 mg c/24h durante 6 meses.

Caso 3

Paciente: Mujer, 36 años. Sin patologías de base. Síntomas: Visión borrosa del ojo derecho.

Diagnóstico: Necrosis retiniana y hemorragias compatibles con retinitis por CMV en ojo derecho.

Tratamiento: Ganciclovir intravítreo 2mg/semanal 6 dosis.

Evolución: Cicatrices retinianas. Controles oftalmológicos mensuales sin signos de reactivación.

Conclusiones:

Se demuestra la importancia de considerar la retinitis por CMV en esta población infrecuente y la dificultad para establecer un tratamiento adecuado debido a la falta de consenso sobre la vía de administración y la duración para pacientes no inmunodeprimidos.



UNIVERSIDAD PERUANA
CAYETANO HEREDIA

Av. Honorio Delgado 430
Urb. Ingeniería, Lima-Perú
Contacto: famed.revista.medica@oficinas-upch.pe