

## Sesión 4: Brotos o epidemias

### 050

#### **DIAGNÓSTICO DE PAROTIDITIS POR RT-NPCR, AISLAMIENTO Y SEROLOGÍA: EXPERIENCIA DURANTE UN BROTE.**

A. Galar, M.E. Portillo, M. Iñigo, A. Serrera, M. Alonso, M. Fdez-Alonso, M. Rubio y J. Leiva

*Servicio de Microbiología. Clínica Universitaria de Navarra. Universidad de Navarra. Pamplona.*

**Introducción:** La introducción de la vacuna de la parotiditis en el calendario vacunal en los años 80 supuso un descenso considerable de la incidencia de la enfermedad, sin embargo, en los últimos años se ha observado un incremento del número de casos en España y otros países europeos.

**Objetivos:** Estudiar la utilidad de la amplificación de RNA, detección de IgG e IgM y cultivo celular en shell-vial para el diagnóstico de la parotiditis.

**Material y métodos:** Se estudiaron muestras de saliva y suero de pacientes con síntomas compatibles con parotiditis aguda que acudieron a nuestro centro. Las muestras remitidas al Servicio de Microbiología se cultivaron en shell-vial en H292 y MRC5. Se realizaron inmunofluorescencias con anticuerpos monoclonales. La extracción del RNA se hizo mediante MagnaPure® y se amplificó con RT-PCR anidada la región que comprende entre los genes 1490 y 1680 que codifican para la nucleocápside. Los productos obtenidos se analizaron mediante electroforesis en gel de agarosa al 2%, y se visualizaron por tinción con bromuro de etidio en solución. Para la detección de anticuerpos de clase IgG e IgM para el virus de la parotiditis se utilizó enzimoanálisis.

**Resultados:** Se recibieron un total de 51 muestras de saliva. Veintiocho procedían de pacientes mujeres, y 21 de varones. La edad media fue de 21,33 (SD = 6,93). El cultivo en shell-vial detectó el 57,1% de los casos, y la RT-nPCR aportó un 4,1% más. En dos pacientes se aisló Virus Herpes-1. Todas los sueros fueron positivos para la IgG, no detectándose diferencias significativas entre los pacientes con y sin aislamiento del virus. Dos pacientes tuvieron IgM positiva, uno con aislamiento del virus.

**Conclusiones:** El método de cultivo en shell-vial se presenta como una buena opción para el diagnóstico de la parotiditis. Los datos serológicos de IgG e IgM no aportaron un valor adicional al diagnóstico.

### 051

#### **¿ES POSIBLE DETECTAR LA ELIMINACIÓN ASINTOMÁTICA DE VIRUS DURANTE UN BROTE DE PAROTIDITIS?: EXPERIENCIA EN VOLUNTARIOS SANOS**

M. Alonso, M. Iñigo, A. Galar, M.E. Portillo, A. Serrera, M. Rubio, M. Fdz-Alonso y J. Leiva.

*Servicio de Microbiología. Clínica Universitaria de Navarra. Universidad de Navarra. Pamplona.*

**Introducción:** Aunque hay afirmaciones de que no existe el estado de portador asintomático, la disponibilidad de técnicas de cultivo en shell-vial y biología molecular permiten detectar el virus de la parotiditis con alta sensibilidad.

**Objetivos:** Conocer la tasa de eliminación del virus de la parotiditis en personas asintomáticas y relacionarla con la vacunación, sexo y contactos. La razón del estudio viene dada por el brote que afecta a una población comprendida entre 16 y 32 años.

**Material y métodos:** Se estudiaron 90 muestras de saliva de un total de 120 voluntarios de edades comprendidas entre 18 y 23 años. Se registró la edad, sexo, estado vacunal frente al virus de la parotiditis, y eventual contacto con personas afectadas de parotiditis. Se consideró como criterio de exclusión haber sido diagnosticado de parotiditis durante el presente brote. Se realizó cultivo en shell-vial en células H292 y tinción con anticuerpos monoclonales. La extracción del RNA se hizo mediante MagnaPure® y se amplificó con RT-PCR anidada la región que comprende entre los genes 1490 y 1680 que codifican para la nucleocápside. Los productos obtenidos se analizaron mediante electroforesis en gel de agarosa al 2%, y se visualizaron por tinción con bromuro de etidio en solución.

**Resultados:** El 95,55% de los voluntarios estaban vacunados, y el 77,77% refirieron contacto reciente con alguna persona diagnosticada de parotiditis. No se amplificó RNA del virus de la parotiditis en ninguna de las muestras y todas ellas resultaron negativas para el cultivo en shell-vial.

**Conclusiones:** No se ha podido demostrar la eliminación del virus de la parotiditis en personas asintomáticas durante un brote, incluso existiendo un elevada tasa de contactos.

## 052

### DESCRIPCIÓN DE UN BROTE DE SARAMPIÓN EN CANARIAS

E. Espinosa-Vega<sup>1</sup>, F. Artiles<sup>2</sup>, M.C. Pérez<sup>2</sup>, I. Horcajada<sup>2</sup>, F. Troncoso<sup>2</sup>, B. Lafarga<sup>2</sup>, A.J. García<sup>3</sup>, N. Abadía<sup>3</sup> y M.M. Mosquera<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Servicio de Microbiología. Hospital Universitario Insular de Gran Canaria. <sup>2</sup>Servicio de Microbiología. Hospital Universitario de Gran Canaria Doctor Negrín. <sup>3</sup>Servicio de Epidemiología. Dirección General de Salud Pública. <sup>4</sup>Servicio de Microbiología Diagnóstica. Centro Nacional de Microbiología.

**Objetivo:** Describir un brote de sarampión ocurrido en 2006, detectado en el Laboratorio de Referencia de Virología de las Islas Canarias, perteneciente a la Red del Plan Nacional de Eliminación del Sarampión.

**Material y métodos:** Se incluyeron 48 pacientes con sospecha de sarampión, entre los meses de febrero y octubre de 2006. En todos los casos se recogieron datos clínicos y epidemiológicos, y se obtuvieron muestras de suero, frotis faríngeo y orina, en la fase aguda de la enfermedad. Se realizaron las siguientes determinaciones: a) detección de IgM específica (Enzygnost® Antivirus del Sarampión-IgM, Dade Behring) en suero, b) cultivo de orina y frotis faríngeo en línea celular B95a con posterior detección de antígeno por inmunofluorescencia (Measles® IFA Kit, Light Diagnostics, Chemicon), y c) PCR múltiple en orina y frotis faríngeo para la detección de Sarampión, Parvovirus B19 y Rubéola. En los casos diagnosticados por técnicas directas se realizó genotipado por RT-PCR.

**Resultados:** Un total de 22 (46%) casos fueron positivos para al menos un marcador diagnóstico de sarampión, de los cuales 13 correspondieron a la provincia de Las Palmas, y 9 a Santa Cruz de Tenerife. Todos los casos fueron diagnosticados mediante serología, excepto uno, confirmado por aislamiento y PCR. Sólo se aisló el virus del sarampión mediante cultivo viral en 7 pacientes. La distribución por edades fue la siguiente: 3 niños menores de 15 meses; 8 niños mayores de 15 meses, de los cuales sólo 3 estaban correctamente vacunados; 11 adultos mayores de 20 años. Los casos confirmados de la provincia de Las Palmas se agruparon en febrero y marzo, y correspondieron en su totalidad al genotipo B3. En cuanto a la provincia de Santa Cruz de Tenerife, los casos se concentraron en abril y junio, detectándose el genotipo B3 en 6 casos y el genotipo D6 en tres hermanos de 1, 3 y 5 años de edad, no vacunados y procedentes de Alemania. Del total de casos descartados se diagnosticaron dos infecciones por Parvovirus B19 y un caso de Rubéola.

**Conclusiones:** 1. En nuestra serie el marcador diagnóstico más sensible fue la detección de IgM específica. 2. La rentabili-

dad diagnóstica del cultivo celular fue baja. 3. La PCR no aumentó el número de casos diagnosticados por métodos convencionales. 4. A pesar de los esfuerzos dirigidos a erradicar el sarampión en España, aún hoy se siguen describiendo casos, por lo que se debe mantener una estrecha vigilancia de los mismos.

## 053

### SARAMPIÓN EN UN ÁREA SANITARIA DE MADRID: UN VIEJO PROBLEMA, UN NUEVO PROBLEMA

I. García-Bermejo<sup>1</sup>, C. García-Esteban<sup>1</sup>, A. Pérez-Meixeira<sup>2</sup>, T. Soria<sup>1</sup>, J.C. Sáenz-Moreno<sup>3</sup>, F.J. Pérez-Millán<sup>1</sup> y M. Mosquera<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Servicio de Microbiología. Hospital Universitario de Getafe. Madrid. <sup>2</sup>Servicio de Salud Pública Área 10. <sup>3</sup>Laboratorio Regional de Salud Pública de la Comunidad de Madrid. <sup>4</sup>Centro Nacional de Microbiología ISCIII. Madrid.

**Objetivos:** Analizar los casos de sarampión declarados durante el año 2006 en el Área Sanitaria nº 10 de la Comunidad de Madrid (CM).

**Métodos:** Se ha seguido la estrategia de vigilancia y control del sarampión contemplada en el Plan de Eliminación del Sarampión de la CM. Se estudian 22 casos: 11 varones y 11 mujeres con edades comprendidas entre los 7 meses y los 36 años. En 15 pacientes (68%) se recogieron muestras clínicas: suero (15), exudado faríngeo (13), orina (11). Se investigaron los anticuerpos específicos (IgM e IgG), y se efectuó cultivo viral y RT-PCR en las muestras faríngeas y de orina. El resto de los pacientes se confirmaron por vínculo epidemiológico.

**Resultados:** De los 22 casos, 21 corresponden a un brote ocurrido en la CM durante el primer semestre del año, y el restante a 1 caso aislado declarado en el mes de noviembre. Este brote afectó a las 11 Áreas sanitarias de la CM detectándose el caso inicial en el Área 10 en un viajero procedente del Reino Unido. La tasa de incidencia es de 7,6 por 100.000 habitantes. Sólo el 10% de los pacientes estaban vacunados. Por edad, 9 casos (40,9%) tenían entre 21 y 36 años. Los síntomas más frecuentes fueron exantema, fiebre y tos. Ningún caso requirió hospitalización. El 54,5% de los casos eran inmigrantes, detectándose dos brotes familiares, siendo el más numeroso el ocurrido en una familia rumana de etnia gitana. La IgM específica fue positiva en 15 casos; 11 carecían de IgG específica, 3 (20%) presentaron IgG positiva, y en 1 (7%) el resultado de la IgG fue dudoso. El cultivo fue positivo en 2 muestras faríngeas y en 4 orinas, mientras que la PCR resultó positiva en 13 exudados faríngeos y 8 orinas. Todas las cepas pertenecían al genotipo B3 y mostraban una secuencia genómica idéntica a los otros casos del brote. Estos resultados apuntan a una fuente común.

**Conclusiones:** La enfermedad se ha producido, principalmente, en población no vacunada. En el siglo XXI todavía hay que pensar en el sarampión ante una fiebre exantemática en adultos jóvenes no inmunizados y en menores de 15 meses. La serología es una herramienta muy útil para efectuar el diagnóstico rápido que permita la adopción precoz de medidas de control para evitar la diseminación del virus. El cultivo y las técnicas moleculares resultan adecuadas para caracterizar los genotipos circulantes.

## 054

### ESTUDIO CLINICO-EPIDEMIOLOGICO DE UN BROTE DE MENINGITIS VÍRICA EN POBLACIÓN PEDIÁTRICA

M.L. Julia<sup>1</sup>, J. Colomina<sup>1</sup>, I. Llacer<sup>2</sup>, E. Ferrándiz<sup>2</sup>, A. Cambronero<sup>2</sup>, M<sup>a</sup>.V. Domínguez<sup>1</sup> y A. Guerrero<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Área Diagnóstico Biológico, Hospital de La Ribera. <sup>2</sup>Unidad de Epidemiología, Centro de Salud de Alzira. Valencia.

**Introducción:** Las meningitis linfocitarias pueden ser causadas por distintos agentes, si bien en muchos casos no es

posible su identificación. Los virus son los agentes etiológicos que se detectan con más frecuencia (especialmente enterovirus, virus de la parotiditis y virus herpes simple tipo D), con distintos patrones epidemiológicos según tiempo y lugar. En general, las meningitis víricas presentan un curso agudo, benigno y con buen pronóstico, siendo infrecuentes signos de mayor afectación neurológica. El objetivo del presente estudio fue describir un brote de meningitis que motivó la hospitalización de 44 niños pertenecientes a nuestro Departamento de Salud durante los meses de noviembre y diciembre del 2006.

**Material y métodos:** Se consideró como caso a todo niño con un cuadro de fiebre, cefalea y pleocitosis en LCR, que requirió ingreso hospitalario. La recogida de datos se realizó de forma sistemática a través de la historia clínica informatizada. Además se realizó una encuesta epidemiológica entre casos y familiares. En todos los casos se realizaron estudios cito-bioquímicos y microbiológicos del LCR.

**Resultados:** La edad media (DS) de los pacientes fue de 5,5 (2,9), siendo el 72,3% varones. Un total de 42 casos estaban escolarizados, 8 de los cuales acudían al mismo colegio situado en la población donde se dio el mayor número de casos (n = 22). Más de la mitad de los pacientes (51,1%) presentó la tríada típica de fiebre, vómitos y rigidez de nuca. La pleocitosis de LCR fue de predominio linfocitario en un 39% de los casos. Todos los cultivos bacterianos de LCR fueron negativos. En 4 pacientes se obtuvo un resultado positivo para RNA de enterovirus. La estancia media de hospitalización fue de 3,1 días. Todos los casos evolucionaron favorablemente.

**Conclusiones:** Este ha sido el primer brote de meningitis infecciosa documentado en nuestro Departamento de Salud. La presentación súbita de los casos, la sintomatología y evolución clínicas y los hallazgos de laboratorio sugieren que el presente brote fue de etiología vírica. La estrecha colaboración entre epidemiólogos, preventivistas, pediatras y microbiólogos fue determinante en la rápida detección del brote.

## 055

### CARACTERÍSTICAS CLÍNICAS DE UN BROTE DE MENINGITIS POR ENTEROVIRUS EN PACIENTES PEDIÁTRICOS

A. Rodríguez<sup>1</sup>, J.L. Fernández<sup>2</sup>, S. Melón<sup>3</sup>, M. de Oña<sup>3</sup>, M.J. López<sup>4</sup> y M. Crehuet<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Unidad de Microbiología, <sup>2</sup>Servicio de Pediatría, <sup>4</sup>Unidad de Infecciosos. Complejo Hospitalario Xeral Calde. Lugo. <sup>3</sup>Unidad de Virología. HUCA. Oviedo.

**Objetivos:** Describir las características clínicas de un brote de meningitis por enterovirus en pacientes pediátricos detectado en 2006 en nuestro hospital.

**Material y métodos:** Las muestras de LCR de pacientes con meningitis se procesaron para cultivo bacteriológico y diagnóstico viral. Se extrajeron con el sistema Ampliprep (Roche) y la detección genómica se realizó mediante RT-PCR desarrollada en el laboratorio frente al fragmento no codificante (5-NTR). Cuando dispusimos de frotis faríngeos y heces, se procesaron para cultivo de virus.

**Resultados:** Desde abril a noviembre de 2006 se detectaron 26 casos de meningitis con PCR positiva a enterovirus en LCR. En otros dos casos el virus se aisló de frotis faríngeo, identificándose como Echovirus tipo 30. La edad de los pacientes osciló entre 1 mes y 12 años en 16 varones y 12 mujeres. En 23 casos el LCR mostró un perfil de meningitis linfocitaria. En 5 casos (18%) el perfil era de pleocitosis con predominio PMN. Además de la afectación meníngea, 2 pacientes presentaron diarrea, 2 exantema, 3 faringitis y 1 sinusitis maxilar bilateral. El tiempo de hospitalización osciló entre 2-16 días. La evolución fue buena en todos los casos.

**Conclusiones:** Es bien conocido que los enterovirus son la primera causa de meningitis viral en niños. Queremos resaltar el 18% de pacientes que presentaron un perfil de LCR su-

gestivo de meningitis bacteriana. Al menos en estos casos, la búsqueda de enterovirus mediante técnicas de PCR en LCR permitiría mejorar el manejo del paciente y evitar tratamientos antibióticos innecesarios.

## 056

### DESCRIPCIÓN DE UN BROTE EPIDÉMICO DE GASTROENTERITIS POR NOROVIRUS

L. Mora<sup>1</sup>, M.A. Fernández<sup>2</sup>, F. Romero<sup>1</sup>, A. Gutiérrez<sup>1</sup>, E. Granados<sup>1</sup>, M. Ortega<sup>1</sup>, C. Arana<sup>1</sup>, M.A. Sánchez<sup>1</sup> y A. Pinedo<sup>1</sup>

<sup>1</sup>S. de Microbiología. H. Clínico Universitario Virgen de la Victoria. Málaga. <sup>2</sup>Distrito Sanitario Málaga.

**Introducción/objetivos:** Los Norovirus son virus RNA pertenecientes a la familia Caliciviridae, capaces de provocar cuadros de gastroenteritis aguda, generalmente asociados a brotes en ambientes cerrados. Nuestro objetivo ha sido describir un brote de gastroenteritis por Norovirus en una residencia de ancianos.

**Material y métodos:** En octubre de 2006 tuvo lugar un brote de gastroenteritis aguda en una residencia de ancianos, con afectación de 74 residentes (tasa de de ataque 68,5%) y 11 trabajadores. Se procedió a investigar las causas del mismo por parte de los técnicos de sanidad ambiental y alimentaria de Distrito Sanitario de la zona. Como única sospecha se observó que el agua del comedor pasaba previamente por un dispositivo de ósmosis inversa que elimina todos los iones incluido el cloro, por lo que se recomendó eliminar este dispositivo. Se remitieron a nuestro laboratorio para estudio microbiológico, muestras de heces de 8 pacientes.

**Resultados:** La sintomatología fue leve en todos los casos requiriendo solo tratamiento sintomático y rehidratación. Sin embargo una paciente demenciada falleció como consecuencia de un broncoaspirado. La duración del brote fue de 13 días sin tasa de ataque secundaria. 70 pacientes (64,8%) presentaron diarrea, 23 (31,1%) náuseas y vómitos y 5 (6,8%) fiebre. La duración del cuadro clínico fue de 1 a 5 días con una media de 3,5. Aunque se afectó un mayor porcentaje de pacientes dependientes, las diferencias no fueron estadísticamente significativas.

Estudio microbiológico: en el examen en fresco de las heces no se evidenció presencia de leucocitos ni sangre. No se identificaron enteropatógenos habituales. Se remitieron 8 muestras al Centro Nacional de Microbiología de Majadahonda para estudio virológico, siendo dos de ellas positivas a Norovirus mediante microscopía electrónica.

**Conclusiones:** Dado que las características clínicas y epidemiológicas del brote sugirieron desde su comienzo la etiología vírica del mismo, las medidas adoptadas fueron eficaces para su erradicación.

## 057

### ROTAVIRUS G9[P8] EN GIPUZKOA EN LA EPIDEMIA INVERNAL 2005-06

G. Cilla, M. Montes, M. Gomariz, J. Mendiola y E. Pérez-Trallero

Servicio de Microbiología, Hospital Donostia, San Sebastián. Gipuzkoa.

**Introducción:** Rotavirus es una causa importante de gastroenteritis en todo el mundo, con más de 500.000 muertes/año en niños de países en vías de desarrollo y una alta tasa de hospitalización en los países desarrollados. Rotavirus se clasifica en genotipos según las variantes de las proteínas de superficie VP7 y VP4. Las actuales vacunas frente a rotavirus se basan en los genotipos VP7 tipo 1 o 1-4 y VP4 tipo P8 (principales rotavirus humanos circulantes en España

en los años 90). El presente trabajo pretende averiguar la distribución de los genotipos VP7/VP4 en las cepas detectadas en Gipuzkoa en la epidemia 2005-06.

**Métodos:** La presencia de rotavirus se investigó en heces mediante EIA (IDEIA, Dako). Se incluyeron niños menores de 15 años con gastroenteritis entre Julio de 2005 y Junio de 2006. La clasificación en genotipos se efectuó mediante RT-PCR nested multiplex2, tras extraer el RNA viral en el extractor M48 (Qiagen).

**Resultados.** Se detectó rotavirus en 400 de 4762 muestras investigadas (8,4%). En las muestras de 244 pacientes hubo material suficiente para proceder al genotipado, detectándose un genotipo VP7 en 225 (92%). Rotavirus G9 y G1 fueron los más frecuentes (46% y 44% respectivamente), seguidos de G3 (7%) y G2 (0,4%). Tras efectuar el genotipado VP4 a las 225 muestras VP7 positivas, se obtuvieron las siguientes combinaciones: G9[P8] (43%), G1 [P8] (40%), G3[P8] (6%), G2[P4] (0,4%) y 7 infecciones mixtas (3%): G1+G9[P8] (n = 4), G1+G3[P8] (n = 2) y G1 [P8+P6] (n = 1). En los restantes casos no se detectó un tipo P (8%).

**Conclusión:** El nuevo genotipo de rotavirus G9[P8] está presente en nuestro medio, circulando ampliamente en Gipuzkoa en la epidemia 2005-06. Al no incluir las actuales vacunas rotavirus G9, es preciso averiguar si existe un efecto suficientemente protector del componente P8 o si es esperable en poblaciones ampliamente inmunizadas un aumento en la circulación (reemplazamiento) del G9.

1. Cilla G, Pérez-Trallero E, López-Lopategui C, Gil A, Gómáriz M. *Epidemiol Infect* 2000; 125: 677-83.
2. Iturriza-Gomara M, Green J, Brown DWG, Desselberger U, Gray JJ. *J Virol Methods* 1999; 78:93-103.

## 058

### CARACTERIZACIÓN GENOTÍPICA DE UN BROTE INTRAHOSPITALARIO POR *ENTEROCOCCUS FAECIUM* RESISTENTE A GLUCOPÉPTIDOS

M. Álvarez<sup>1</sup>, F. Marco<sup>1</sup>, C. Torres<sup>2</sup>, M. López<sup>2</sup>, Y. Sáenz<sup>2</sup>, M. Almela<sup>1</sup>, J. Mensa<sup>3</sup>, J.A. Martínez<sup>3</sup>, A. Trilla<sup>3</sup> y M.T. Jiménez de Anta<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Servicio de Microbiología, IDIBAPS-Hospital Clínic. Universidad de Barcelona. Barcelona. <sup>2</sup>Área de Bioquímica y Biología Molecular, Universidad de La Rioja, Logroño. <sup>3</sup>Unitat d'Avaluació Suport i Prevenció (UASP), IDIBAPS- Hospital Clínic. Universidad de Barcelona. Barcelona.

**Introducción:** La prevalencia de *E. faecium* resistente a glucopéptidos es baja en España, aunque ya se han descrito diversos brotes epidémicos.

**Objetivo:** Conocer las características genotípicas de las cepas de *E. faecium* resistentes a glucopéptidos aisladas desde agosto de 2005 hasta junio de 2006. La identificación fenotípica y la sensibilidad a los antimicrobianos se realizaron con el sistema *Phoenix* y el método E-test. Para caracterizar el genotipo se estudió, mediante PCR, la presencia de los genes de resistencia a los glucopéptidos (*vanA*, *vanB*, *vanC1* y *vanC2/C3*) así como los implicados en la virulencia (*esp* y *hyl*). La posible clonalidad de las cepas se determinó con el análisis de los patrones de electroforesis en campo pulsado (PFGE).

**Resultados:** Durante el período de estudio se aislaron 16 *E. faecium* resistentes a glucopéptidos (infecciones de úlcera dérmica: 5, bacteriemias: 4, infecciones de herida: 4, infección de material periprotésico: 1, líquido articular: 1, líquido peritoneal: 1). Todas las infecciones eran de origen nosocomial. El intervalo de los valores de CMI de vancomicina y teicoplanina fue de 16 a  $\geq 256$   $\mu\text{g/ml}$  y de 8 a 256  $\mu\text{g/ml}$ , respectivamente. Todas las cepas fueron sensibles a linezolid (CMI  $\leq 2$   $\mu\text{g/ml}$ ), tigeciclina (CMI  $\leq 0,125$   $\mu\text{g/ml}$ ) y daptomicina (CMI  $\leq 3$   $\mu\text{g/ml}$ ). El 94,5% y 83,4% mostraron alta resistencia a estreptomina y a gentamicina, respectivamente. Nueve de las 16 cepas analizadas mostraron el mismo

perfil cromosómico (A) y 2 estaban genéticamente relacionadas (A1, A2). Todas ellas tenían los genes *vanA*, y *esp*, pero ninguna el gen *hyl*. Las 5 cepas restantes presentaban perfiles cromosómicos diferentes. De estas cepas, cuatro poseían el gen *vanA* (3 *esp* + y 3 *hyl* +) y una el gen *vanB2*, incluido en el Tn5382, (*esp* y *hyl* +).

**Conclusiones:** El patrón electroforético idéntico observado (A) y la presencia de los genes *vanA* y *esp* caracterizan a las once cepas del clon predominante. A pesar de poseer el gen *vanA*, el valor de CMI observado para ambos glucopéptidos, en algunas cepas, fue más bajo de lo esperable. Este resultado justificaría el estudio de la posible existencia de una secuencia de inserción incluida en el espacio intergénico *vanS-vanH*.

## 059

### BROTE DE *ENTEROCOCCUS FAECIUM* RESISTENTE A VANCOMICINA EN UN SERVICIO DE CIRUGÍA GENERAL

C. Labayru, M.A. Mantecón, M. Ortega, E. Rodríguez, G. Megías, M. García y E. Ojeda

Laboratorio de Microbiología. Hospital General Yagüe. Burgos.

**Introducción:** La importancia del *Enterococcus faecium* resistente a glucopeptidos, en España, es baja debido a su escasa incidencia. El aislamiento de 7 casos de *E. faecium* resistente a Vancomicina (ERV) en un breve período de tiempo, nos obligó a tomar medidas de control y prevención específicas.

**Material y métodos:** Se estudió la presencia de ERV en muestras clínicas y en frotis rectales para control de portadores, en pacientes ingresados en Cirugía General (CG). Para el aislamiento de ERV se utilizó un medio selectivo en placa (VRE. Selective Agar. OxoidGmbH, Wesel, Alemania) y un medio de enriquecimiento (Todd-Hewitt con Antibióticos. Oxoid). La identificación y el estudio de sensibilidad se realizó mediante sistema automatizado Walk-Away (Dade Behring, West Sacramento, EEUU), confirmando por gallería Rapid ID 32 Strep (Bio-Mérieux, Marcy l'Etoile, Francia). El antibiograma se ratificó y completó mediante E-Test con: Vancomicina (VA), Teicoplanina (TEI), Linezolid (LIN), Quinupristina/Dalfopristina (QD) y Tigeciclina (TCG). Los aislados se remitieron al Centro Nacional de Microbiología, Carlos III, para estudio epidemiológico mediante electroforesis en campo pulsado (ECC) y estudio genotípico de resistencias.

**Resultados:** Durante los meses de Junio a Octubre de 2006 se aisló ERV en 7 pacientes de CG a partir de diferentes muestras clínicas, poniéndose en marcha un estudio de portadores. Entre Octubre de 2006 y Enero de 2007 se realizaron 475 controles (441 frotis rectales, correspondientes a 253 pacientes y 34 frotis de instrumental). Se obtuvieron 39 cultivos positivos correspondientes a 28 pacientes (7,3%). En ningún caso se aisló ERV en muestras ambientales ni de instrumental. Hasta Enero de 2007 se ha aislado ERV en 35 pacientes, 12 (34,3%) con implicación clínica y 23 casos (65,7%) de portadores asintomáticos. Los niveles de CMI para VA fueron superiores a 256 $\mu\text{g/ml}$  en todas las cepas, para TEI se situaron en un rango de 0,75 a 1,5 $\mu\text{g/ml}$ . En el caso de LIN el rango fue de 1 a 1,5 $\mu\text{g/ml}$ , para QD fueron superiores a 32 $\mu\text{g/ml}$  y para TGC el rango fue de 0,064 a 0,25 $\mu\text{g/ml}$ . Según el estudio preliminar realizado mediante ECC, un alto porcentaje de los aislados corresponden a una misma cepa (pendiente de resultados definitivos).

**Conclusiones:** El ERV es un patógeno emergente en nuestro entorno, que ha de ser tenido en cuenta. Es destacable el alto índice de pacientes colonizados en un breve período de tiempo. Todos los aislados presentan alto nivel de resistencia a VA y QD, presentando la TGC buenos resultados in vitro.

060

### RENDIMIENTO DE LAS PRUEBAS DIAGNÓSTICAS EN UN BROTE DE BRUCELOSIS

E. Clavijo, M.I. Queipo<sup>1</sup>, E. Granados, P. Morata<sup>1</sup>, M. Gonzalez<sup>2</sup>, M.V. García, F. Ropero, A. Gutiérrez-Cobos, L. Mora y A. Pinedo

Servicio de Microbiología, Unidad de Infecciosos<sup>2</sup>. H.U Virgen de la Victoria, Málaga; Departamento de Bioquímica y Biología Molecular<sup>1</sup>, Facultad de Medicina, Málaga.

La brucelosis representa un importante problema de salud pública. Esta enfermedad no presenta una sintomatología clínica patognomónica, por lo que el diagnóstico debe ser siempre confirmado por las técnicas microbiológicas. **OBJETIVO:** Comparar la sensibilidad diagnóstica de las técnicas clásicas con las de biología molecular para el diagnóstico de la brucelosis aguda con el fin de establecer un plan estratégico cuando aparece un brote.

**Pacientes y métodos:** Estudiamos a 10 pacientes pertenecientes a la misma familia y que tenían como antecedente común haber ingerido queso de cabra elaborado con leche no higienizada, 8 de los cuales presentaban síntomas compatibles con brucelosis y los 2 restantes no presentaban sintomatología siendo estudiados con fines epidemiológicos. A todos los pacientes se realizó Rosa de Bengala, Seroaglutinación, Test de inmunocaptura y PCR a tiempo real. El hemocultivo sólo se solicitó a 5 pacientes.

**Resultados:** El caso índice fue un varón de 34 años, con un síndrome febril de 10 días de evolución. Estudiamos a 10 sujetos, 6 (60%) hombres y 4 (40%) mujeres con edad media 29,2 años rango (7-64). La duración media de los síntomas antes del diagnóstico osciló entre 10 días y 2 meses. Los síntomas más frecuentes fueron fiebre, escalofríos, malestar general, inapetencia y dolor de cabeza. Una enferma presentó una forma localizada (meningitis por *Brucella mellitensis*). El Rosa de Bengala, la seroaglutinación, el test de inmunocaptura y los hemocultivos fueron positivos en 75% de los casos sintomáticos, la PCR a tiempo real en el 100% de los ocho casos que presentaban sintomatología.

**Conclusiones:** 1. La PCR a tiempo real es la prueba de mayor eficacia diagnóstica en los brotes de brucelosis en los que se precisa un diagnóstico rápido, pues se pueden obtener sus resultados en menos de 5 horas. 2. La PCR a tiempo real nos permitió diagnosticar a un paciente que presentaba una clínica anodina y serología no concluyente. 3. No hemos encontrado diferencias entre los resultados obtenidos utilizando las técnicas clásicas de diagnóstico microbiológico. 4. La tasa de ataque fue del 80%.

061

### LA BRUCELOSIS COMO ENFERMEDAD PROFESIONAL EN EL ÁREA SANITARIA NORTE DE CÓRDOBA

M. Palanca\*<sup>1</sup>, S. Dueñas<sup>2</sup>, M. Valle<sup>1</sup>, J.L. Pascual<sup>1</sup>, F. Bermudo<sup>1</sup> y F. Gazcon<sup>1</sup>

Servicio de Análisis clínicos<sup>1</sup> y servicio de Medicina preventiva<sup>2</sup>; Hospital Valle de los Pedroches; Pozoblanco; Córdoba.

**Introducción:** La brucelosis es una zoonosis producida por distintas especies del género *Brucella*, cuyas fuentes de infección y organismo responsable varían en función de la zona geográfica. En España, al igual que en el resto de países de la cuenca Mediterránea, es una enfermedad muy ligada al ganado ovino y caprino; la vía directa es el mecanismo de contagio más frecuente en algunas regiones españolas, lo que es indicativo de su perfil ocupacional.

**Objetivos:** Determinar en el Área Sanitaria Norte de Córdoba, zona principalmente ganadera, el comportamiento de la brucelosis entre el período 2003-2006; así como los casos declarados en este intervalo de tiempo como enfermedades profesionales.

**Material y métodos:** Utilizamos diversas fuentes para obtener información complementaria y microbiológica de la enfermedad. Como fuente epidemiológica usamos la declaración obligatoria de los casos y de los brotes que se envían al epidemiólogo de salud pública de la zona o al servicio de medicina preventiva. La fuente microbiológica consistió en la prueba Rosa de Bengala y aglutinaciones a *Brucella mellitensis* (Innogenetics-Inverness medical).

**Resultados:** Todas las pruebas Rosa de Bengala positivas se confirmaron con una aglutinación por encima de 1/160. En el año 2003 se declararon 26 casos, de los cuales 24 trabajaban en contacto con los animales (92,3%) y dos casos se declararon de causa desconocida. En el año 2004, 2005 y 2006 los casos declarados fueron: 10 casos (9 ganaderos (90%) y 1 desconocido), 11 casos (9 ganaderos (81,8%) y 2 desconocidos) y 8 casos (7 ganaderos (87,5%) y 1 desconocido) respectivamente. Un 89,1% de los casos declarados son brucelosis de origen profesional.

**Conclusiones:** Al ser la Brucelosis una zoonosis, existe una relación muy estrecha entre las actividades de control sanitario del ganado y el número de casos en humanos. Comunicamos un alto porcentaje de Brucelosis de probable origen profesional en esta zona. En el período de estudio evaluado encontramos un descenso de los casos de brucelosis declaradas, lo que supone una mejora en la higiene y seguridad en el trabajo, así como, una mejoría en las medidas de salud pública.

062

### UTILIDAD DEL TIPADO MOLECULAR PARA EL ESTUDIO DE LOS BROTES NOSOCOMIALES PRODUCIDOS POR ACINETOBACTER BAUMANNII EN UN HOSPITAL TERCIARIO

C. Ezpeleta, G. Ezpeleta, J.A. Alava, J.L. Barrios, C. Busto, E. Gómez, I. Atutxa, M.J. Unzaga y R. Cisterna

Servicio de microbiología. Unidad de control de infección. Hospital de Basurto. Bilbao. Servicio de Microbiología Clínica. Unidad de control de infección. Hospital de Basurto. Bilbao

**Introducción:** El género *Acinetobacter* spp. ha resurgido como un patógeno nosocomial, causando brotes e infecciones endémicas en la última década. Para el estudio de brotes conviene realizar tipado molecular de las cepas a fin de elucidar posibles mecanismos de transmisión y/ estudio epidemiológico de los clones más prevalentes en nuestro medio. Existen numerosas técnicas de tipado molecular y ninguna de ellas tiene una aceptación universal para el tipado de *A. baumannii*.

**Objetivo:** Estudio mediante tipado molecular empleando ERIC-PCR de las cepas de *A. baumannii* multirresistentes aisladas en 2 brotes nosocomiales en el Hospital de Basurto durante el año 2006.

**Material y métodos:** Se obtuvieron un total de 63 muestras para estudio de *A. baumannii* procedentes de dos brotes en una planta de hospitalización de Traumatología y otra de Reanimación. Al total de pacientes estudiados se les realizó un estudio de colonización tomando muestras axilares, inguinales, rectales, de heridas y muestras respiratorias. Los aislamientos fueron identificados mediante API20NE y la susceptibilidad antibiótica mediante disco placa y Phoenix (B-D). Dado los antibiogramas aislados y la similitud entre los mismos con aislamientos multirresistentes únicamente sensibles a colistina, se procedió al tipado molecular empleando la técnica de ERIC-PCR según el método propuesto por Struelens y cols.

**Resultados:** La media de edad de los pacientes fue de 52 años. La estancia media previa al aislamiento del germen fue de 17 días. El 75% de los pacientes estudiados estaban hospitalizados en Reanimación y el resto en Traumatología. Los antibiogramas de los aislamientos de *A. baumannii* realizados

permitieron diferenciar las cepas en 2 tipos A (sólo sensibles a colistina) y B (sensibles a colistina y cotrimoxazol). El estudio mediante ERIC – PCR reveló que en las cepas aisladas en la planta de Traumatología a pesar de tener el mismo antibiograma eran genotípicamente distintas. No así en el brote de Reanimación ya que se detectaron 2 clones distintos entre los aislamientos realizados en los 6 pacientes estudiados. Ambos brotes fueron controlados mediante medidas de aislamiento y limpieza dictadas por la Unidad de Control de Infección.

**Conclusiones:** La técnica de ERIC-PCR puede ser una técnica rápida, barata y útil en el tipado molecular de cepas de *A. baumannii* multirresistentes. Es capaz de discriminar aislamientos que a pesar de tener el mismo antibiograma pueden presentar perfiles genéticos muy dispares.

## 063

### LEGIONELOSIS EN DOS DEPARTAMENTOS DE SALUD DE LA COMUNIDAD VALENCIANA

M. Gil<sup>1</sup>, B. Gomila<sup>1</sup>, J.M. Pontón<sup>1</sup>, J. Bellido<sup>2</sup>, B. Vila<sup>3</sup> y R. Moreno<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Sección de Microbiología, H. General de Castellón. <sup>2</sup>Sección de Epidemiología, Centro Salud Pública de Castellón. <sup>3</sup>Sección de Microbiología, H. de La Plana, Vila-real.

**Objetivos:** Estudiar los casos de Legionelosis en los Departamentos de Salud 02 y 03 de la Comunidad Valenciana durante un período de 6 años, así como los procedimientos microbiológicos empleados para su diagnóstico, señalando aquellos asociados a brotes.

**Material y métodos:** Realizamos una revisión de la base de datos de la Sección de Epidemiología del Centro de Salud Pública de Castellón con los casos declarados de Legionelosis desde enero de 2001 a diciembre de 2006. Se revisaron los archivos de resultados de Microbiología, recogiendo datos referentes a sexo y edad de los pacientes así como las técnicas diagnósticas empleadas en el laboratorio. Los procedimientos utilizados para el diagnóstico fueron: detección de antígeno en orina (Now Legionella, Binax<sup>®</sup>), determinación de anticuerpos en suero (*L. pneumophila* IgG+IgM gp 1-6, Vircell<sup>®</sup> y *L. pneumophila* 1-7 IgG e IgM, Virion-Serion<sup>®</sup>) y cultivo de muestras respiratorias en medio BCYE (Becton Dickinson<sup>®</sup>). Las colonias compatibles con *L. pneumophila*, tras cultivo, fueron remitidas al I.S. Carlos III para su identificación completa. También se recogieron datos sobre la pertenencia de los pacientes a algún brote.

**Resultados:** Durante el período de estudio se declararon 108 casos de Legionelosis cuya distribución por año fue: 2 (2001), 14 (2002), 33 (2003), 13 (2004), 19 (2005) y 27 (2006). El 70,4% de los pacientes eran hombres. La edad media fue de 59 años (rango 27-94), siendo menores de 65 años el 59,3%. El diagnóstico se obtuvo en el 76% de los casos por detección de antígeno (ag) en orina, el 12% por detección de ag en orina y serología, el 4,6% por detección de ag y cultivo, el 2,7% únicamente por serología y un 2,7% por combinación de las tres técnicas. Obtuvimos 8 cultivos positivos y se identificaron como *L. pneumophila* serogrupo 1 perteneciendo 7 cepas al subtipo Pontiac y 1 al subtipo Olda. En los años estudiados se detectaron 4 brotes constituidos por 5 casos en 2002, 8 en 2003, 2 en 2005 y 2 en 2006.

**Conclusiones:** Se observó un aumento de casos en la segunda mitad del período de estudio. La infección por *L. pneumophila*, en nuestro medio, es más frecuente en hombres y en personas menores de 65 años. La mayoría de casos se diagnosticó mediante detección de antígeno en orina. El subtipo más frecuente, de las cepas aisladas, fue Pontiac. Los años en los que se detectaron brotes fueron en los que se concentraron mayor número de casos.

## 064

### CONTINUA TRANSMISIÓN DE LA SÍFILIS EN BARCELONA DESPUÉS DE SU REEMERGENCIA EN HOMBRES HOMOSEXUALES EN EL AÑO 2001

M. Vall-Mayans<sup>1</sup>, A. Vives<sup>1</sup>, P. Armengol<sup>1</sup>, J. Cabezas<sup>2</sup>, F. de Fuentes<sup>3</sup>, M.J. Barberà<sup>1</sup> y B. Sanz<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Unidad de ITS y <sup>2</sup>Unidad de MTI, CAP Drassanes; <sup>3</sup>Laboratorio Clínico Manso, CAP Manso; Instituto Catalán de la Salud, Barcelona.

**Introducción/Objetivo:** Se han documentado aumentos sincronizados de la incidencia de sífilis infecciosa desde alrededor del año 2000, sobretudo entre hombres homosexuales, en diferentes ciudades europeas y norteamericanas. En Barcelona el incremento de los casos de sífilis se empezó a detectar en el año 2001. El patrón de la reemergencia de la sífilis infecciosa durante los años 2002-03 en esta ciudad ha sido documentado a través de los casos diagnosticados en la Unidad de Infecciones de Transmisión Sexual del Centro de Atención Primaria Drassanes en Med Clin (Barc) 2006. El objetivo de este estudio es actualizar la situación hasta el año 2006.

**Métodos:** Los casos de sífilis infecciosa (primaria, secundaria y latente precoz) se diagnosticaron a través de la historia clínica, el examen físico y las pruebas diagnósticas (campo oscuro y serología de lues RPR, EIA y TPHA). Se revisaron las historias clínicas y se registraron los datos en un cuestionario estructurado. El análisis estadístico consistió en una descripción de las características epidemiológicas y clínicas de los casos (provisional para el año 2006) y de los factores asociados a la coinfección por el HIV.

**Resultados:** El número de casos anuales de sífilis infecciosa desde el año 2002 hasta el 2006 ha sido, respectivamente: 40, 62, 76, 118 y 131 (provisional). Comparado con el número de casos diagnosticados 10 años antes (< 10) los diagnósticos del año 2006 representarían un incremento de 1300%. El 88% de los casos del período 2002-06 afectó a hombres homo/bisexuales, pasando del 78% en 2002 hasta el 90% en 2006 (P = 0,04). La coinfección HIV era presente en 34% de los casos en 2002-03 y en 25% en 2005. Sin diferencias clínicas según coinfección HIV, los factores predictivos de coinfección HIV fueron edad > 30 años y tener una pareja HIV positiva.

**Conclusiones:** El incremento de los casos de sífilis infecciosa detectado en Barcelona a partir del año 2001 sigue sin control, más concentrada en hombres homo/bisexuales. En ausencia de intervenciones, considerando las tasas de coinfección HIV y que en cinco años el número total de casos de sífilis se ha triplicado, es preocupante el posible aumento y extensión del HIV en determinados grupos de hombres homosexuales.

## 065

### EMERGENCIA DE CEPAS DE NEISSERIA GONORRHOEAE PROLINOIMINOPEPTIDASA NEGATIVAS

L. Otero<sup>1</sup>, M. Alvarez- Argüelles<sup>2</sup>, H. Villar<sup>3</sup>, J. Díaz- Gigante<sup>4</sup>, F. Carreño<sup>5</sup> y F. Vázquez<sup>5,6\*</sup>

<sup>1</sup>S. Microbiología, Hospital de Cabueñes, Gijón <sup>2</sup>S. Microbiología, Hospital Central de Asturias, Oviedo <sup>3</sup>S. Microbiología, Hospital San Agustín, Avilés <sup>4</sup>S. Microbiología, Hospital de Arriendas <sup>5</sup>S. Microbiología, Hospital Monte Naranco, Oviedo <sup>6</sup>Area de Microbiología, Facultad de Medicina, Oviedo.

**Objetivo:** La identificación de gonococos se basa principalmente en métodos comerciales bioquímicos (Gonochek II, API NH o RapidID NH) que incluyen la presencia del enzima prolinoiniminopeptidasa. En años recientes hemos encontrado la emergencia de cepas prolinoiniminopeptidasa negativas (Pip) que dan una identificación falso negativo y que cur-

san en brotes. El objeto de este estudio es mostrar nuestra experiencia y las dificultades diagnósticas por la emergencia de estas cepas.

**Material y métodos:** Se recibieron un total de 143 cepas de pacientes en los últimos 4 años (2003-2006) en el Laboratorio Regional de Neisserias en el Hospital Monte Naranco de Oviedo, Laboratorio que recibe todos los aislados de gonococos en Asturias. Estos aislados son identificados con métodos comerciales: API NH (bioMerieux, Francia) y la identidad de todos los aislados confirmados con el Phadebact anticuerpos Monoclonales y tipificación por el Centro Nacional de Maja-dahonda en Madrid.

**Resultados:** La prevalencia de Pip fue del 6,9% (10 de 143 aislados). Hubo más en la Unidad de ITS de Gijón, 70% (7 de 10 cepas), seguido por el 20% (2 de 10) de la Unidad de ITS de Oviedo. El 80% de las cepas fueron aisladas en hombres (al menos el 50%) principalmente hombres con relaciones sexuales con hombres. El 100% de las cepas fueron de la serovariedad IB. Por años se encontraron 2 cepas en el año 2003 (2/29, 6,9%), 4 en el año 2004 (4/21, 19%), 4 en el años 2005 (4/37, 10,8%) y ninguna en el año 2006.

**Conclusiones:** Estos resultados muestran un aumento de estos aislados en los últimos años y aunque no podemos atribuirles a una serovariedad ni brote específico plantean la necesidad de usar al menos dos métodos de identificación diferentes (bioquímico e inmunológico) en las estrategias diagnósticas de cualquier laboratorio de microbiología para evitar falsos negativos en la identificación de los mismos.