

Sesión 9 Brotos. Epidemias

173

ENFERMEDAD INVASIVA NEUMOCÓCICA EN PEDIATRÍA Y VACUNA HEPTAVALENTE

A. González, M. Ercibengoa y J.M. García-Arenzana

Servicio de Microbiología. Hospital Donostia. San Sebastián.

Objetivo: Determinar la cobertura de la vacuna conjugada heptavalente frente a los *S. pneumoniae* aislados en hemocultivo y LCR en niños menores de 4 años en Guipúzcoa durante los últimos 10 años.

Método: Estudio retrospectivo (1994-2003) de los casos de enfermedad invasiva (hemocultivo y/o LCR positivo) en pacientes de edad menor a 4 años. Las cepas se serotipificaron en nuestro laboratorio mediante el test de Quellung (Statens Seruminstitut).

Resultados: De 1994 a 2003 se produjeron, en menores de 4 años, 72 episodios de enfermedad invasiva neumocócica en 72 pacientes (42 varones, 30 mujeres). En el periodo 94-98: 29 episodios; y en el 99-03: 43. El 60,3% de las cepas pertenecían a serotipos incluidos en la vacuna conjugada heptavalente (que incluye los serotipos 4, 6B, 9V, 14, 18C, 19F y 23F). Los serotipos de cepas invasivas más frecuentes en el periodo 94-98 fueron por orden de frecuencia: 14, 19F y 23F (con una cobertura vacunal del 69%); y en el 99-03: 19A, 14 y 6B (con una cobertura del 51%). Globalmente fueron: 19A, 14, 6B, 23F, 19F y 18C (estos serotipos representaron el 72% del total de aislamientos).

Conclusiones: En los últimos cinco años hemos detectado un aumento de episodios de enfermedad invasiva en menores de 4 años. En el mismo período ha habido un descenso de la cobertura vacunal, principalmente a causa del aumento de aislamientos del serotipo 19A, no incluido en la vacuna heptavalente (aunque está el 19F y se supone que confiere cierta inmunidad cruzada frente al 19A).

174

EVOLUCIÓN DE LA INCIDENCIA DE NEISSERIA MENINGITIDIS TRAS LA INCORPORACIÓN DE LA VACUNA ANTIMENINGOCÓCICA

P.A. Romero Jung, P. Ordóñez Barrosa, E. León Muiños, M.L. Pérez del Molino y F. Pardo

Objetivo: Conocer la evolución en la incidencia de los serogrupos B y C de *Neisseria meningitidis* después de la vacunación masiva (serogrupos A+C) que la Xunta de Galicia llevó a cabo (diciembre 1996-enero 1997) en la población gallega de edad comprendida entre 18 meses y 19 años y la posterior inclusión en el calendario vacunal de la vacuna antimeningococo C.

Métodos: Estudio retrospectivo de los casos de enfermedad meningocócica confirmados microbiológicamente (cultivo y/o PCR) en el área sanitaria de Santiago de Compostela en el período 1997-2003.

Resultados: Durante este período, se diagnosticaron microbiológicamente 118 casos de enfermedad por *N. meningitidis* (69,5% por cultivo y el 30,5% por PCR). El 61% fue por serogrupo B, el 36,5% por C y el 2,5% por W135. En los dos primeros años (1997-1998) la incidencia de serogrupos B y C es prácticamente la misma (B = 45,7%, C = 48,6%). A partir de 1999 se detecta un incremento de los casos debidos a serogrupo B (66,6% en 1999, 63,15% en 2000, 75% en 2001, 88,9% en 2002 y 76,9% en 2003). El fenotipo más frecuente del serogrupo C sigue siendo el 2b:P1,2,5 (85,29%), mientras que en el B hay una mayor variabilidad, siendo los más frecuentes: 1:P1,14 y 4:P1,15 (15,9% ambos). A lo largo del período estudiado se observa una disminución de la resistencia a penicilina. En 1997 no aislamos ninguna cepa sensible a penicilina (100% MS), mientras que en el 2003, el 44,4% de los aislamientos fueron sensibles.

175

PRESENCIA DE CLONES PANDEMICOS INTERNACIONALES DE *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* METICILÍN-RESISTENTES EN EL ÁREA SUR DE PONTEVEDRA

C. Potel, M. Álvarez, C. López-Melendez e I. Otero
C.H.U. Xeral-Cies y Clínica Fátima, Vigo.

Objetivos: Identificar los clones epidémicos de SAMR diseminados en el Hospital Xeral y en la Clínica Fátima de Vigo entre 1998 y 2001.

Materiales y Métodos: Se realizó el tipado molecular mediante técnicas basadas en PCR, para ello se emplearon RFLP del gen de la coagulasa y REP-PCR con el primer RW3A. Dos cepas representativas de cada clon epidémico se caracterizaron mediante dos técnicas basadas en la secuenciación del ADN: tipado del gen *spaA* y MLST.

Resultados: Los dos clones epidémicos diseminados en nuestra área sanitaria se identificaron como dos de los clones pandémicos internacionales: el clon Brasileño (55% de los aislamientos de SAMR) y el clon New York/Japón (20% de los aislamientos).

Conclusiones: Es la primera vez que se describe el clon Brasileño y el clon New York/Japón en España. El clon Brasileño probablemente ha sido importando de Portugal por la proximidad con Vigo. Es importante caracterizar los tipos clonales de una determinada área geográfica para monitorizar la diseminación de los clones epidémicos internacionales. Conociendo el origen y la transmisión de los SAMR aislados podremos llevar a cabo un programa de control de la infección adecuado. Agradecemos la colaboración de H. de Lencastre y M. Aires de Sousa del Laboratorio de Genética Molecular, Instituto de Tecnología Química e Biológica da Universidade Nova de Lisboa, al haber realizado las técnicas de secuenciación de ADN nuestros clones.

176

RESISTENCIA A LA ACTIVIDAD BACTERICIDA DEL SUERO EN CEPAS DE *NEISSERIA MENINGITIDIS*

M.J. Uría, R. Enríquez, B. Alcalá, C. Salcedo, R. Abad y J.A. Vázquez

Centro Nacional de Microbiología. Instituto de Salud Carlos III. Majadahonda. Madrid.

Introducción: Ante la existencia de fallos vacunales tras la utilización de vacuna conjugada frente a *N. meningitidis* serogrupo C, nos planteamos evaluar la resistencia de cepas de meningococo de este serogrupo a la actividad bactericida

(AB) en sueros de individuos inmunizados con dicha vacuna, como una de las posibles causas de estos fallos.

Métodos y resultados: Elegimos cepas con expresión antigénica C:2b:P1,2,5 responsables de la onda epidémica ocurrida en España entre los años 95-97 y cepas C:2a:P1.5 relacionadas con brotes epidémicos en Europa y que en la actualidad son las mayoritarias dentro del serogrupo C en nuestro país. Estudios previos realizados en nuestro laboratorio mediante electroforesis en campo pulsado (Pulsed Field Gel Electrophoresis, PFGE) utilizando como enzima de restricción *BglII*, mostraron la presencia de dos pulsotipos mayoritarios entre las cepas C:2b:P1,2,5 y C:2a:P1.5 (PT7, PT8 y PT1b, PT1c respectivamente). Seleccionamos un total de 24 cepas, 6 de cada uno de los cuatro tipos mencionados. Para cada una de las cepas determinamos el título de AB (según el protocolo estándar descrito por el CDC) en sueros de individuos inmunizados con vacuna conjugada frente a serogrupo C. En cada ensayo se comparó el título con el obtenido utilizando la cepa estándar para ensayos de actividad bactericida conocida como C11. De las 24 cepas encontramos un aislado C:2a:P1.5 (pulsotipo 1b) con un alto nivel de resistencia a la AB; no presentaba título de AB en sueros con títulos $\geq 1/8$ utilizando la cepa C11. A partir de este punto, seleccionamos 46 cepas C:2a:P1.5 (pulsotipo 1b), encontrando otro aislado que tampoco presentó título bactericida así como 5 cepas en las que el título de AB disminuía considerablemente. El análisis de las cepas mediante PFGE utilizando como enzimas de restricción *NheI*, *NotI* y *SpeI*, no mostró ninguna correlación entre los perfiles encontrados y el nivel de AB.

Conclusiones: Los resultados de los ensayos de AB en sueros de individuos inmunizados, presentan una notable variación en función de la cepa a la que se enfrenten, lo que hace pensar en que hay cepas más resistentes a la AB y por tanto con mayor potencial para producir fallos vacunales. El análisis de los niveles de expresión de la cápsula y/o del lipopolisacárido podría explicar las variaciones encontradas en el nivel de resistencia a la AB.

177

CAMBIOS EPIDEMIOLÓGICOS EN LA ADQUISICIÓN DE *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* RESISTENTE A LA METICILINA (SARM) EN UN HOSPITAL TERCIARIO

M.J. Argerich, A. Hornero, M. Pujol, C. Peña, M.A. Domínguez, J. Ariza y F. Gudiol

Introducción: Desde la diseminación de cepas epidémicas de SARM en nuestro centro, en 1989 hasta la actualidad, hemos observado cambios muy significativos en la dinámica de adquisición de este patógeno. Estos cambios han tenido repercusiones notables en la introducción de nuevas medidas de control.

Objetivos: Determinar los cambios relacionados con la adquisición de SARM en nuestro centro a lo largo de un período de 14 años. Establecer el impacto sobre las medidas de control.

Material y métodos: Hospital Universitario de Bellvitge. 900 camas, 27.000 ingresos anuales. Programa de Vigilancia del SARM: a) Detección diaria de casos a través del Servicio de Microbiología, b) Vigilancia prospectiva en áreas de riesgo y control de reingresos, c) Decontaminación de pacientes y personal sanitario portador. Casos nuevos: Pacientes con colonización o infección por SARM no detectada previamente.

Resultados: Durante el período 1990-2003 se han detectado 2.227 pacientes colonizados o infectados por SARM. 1.934 pac. (87%) fueron casos nuevos y 293 (13%) reingresos de pac. con colonización previamente conocida. Entre los casos nuevos, 265 de 1.934 (14%) han sido pacientes colonizados o infectados por SARM procedentes de otros centros. Durante el año 2003 se controlaron 279 pac. con SARM. De ellos, 81 (29%) fueron reingresos de pacientes previamente colonizados y 72 (26%) fueron pacientes procedentes de otros centros, principalmente residencias geriátricas. A diferencia de pe-

ridos previos del brote epidémico, durante el año 2003, más del 50% de los casos ingresaron en el hospital con colonización por SARM, (conocida o no), previa al ingreso.

Conclusiones: Los programas de control del SARM tienen que incluir sistemas eficaces para identificar adecuadamente a los pacientes con colonización previa conocida e identificar además a los pacientes potencialmente portadores, procedentes de otros centros con endemia elevada, como las residencias geriátricas.

178

PERSISTENCIA DE *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* RESISTENTE A LA METICILINA (SARM) EN REINGRESOS DE PACIENTES CON COLONIZACIÓN PREVIA. UN PROBLEMA FRECUENTE

A. Hornero, M.J Argerich, M. Pujol, L.L. Torrens, M.A Domínguez, J. Ariza y F. Gudiol

Introducción: El número de pacientes con colonización previa por SARM que reingresan en el hospital, ha sido un problema creciente en nuestro centro durante estos últimos años. Estos casos tienen implicaciones epidemiológicas importantes, especialmente cuando es necesario instaurar medidas de aislamiento que comportan un coste económico elevado.

Objetivos: Determinar la importancia de la colonización previa por SARM, en pacientes que reingresan en el hospital. Establecer las tasas de persistencia de colonización en esta población.

Material y métodos: Hospital Universitario de Bellvitge. 900 camas, 27.000 ingresos en 2003. Periodo de estudio: Enero 2002 – Diciembre 2003. Programa de Vigilancia del SARM: a) Detección diaria de casos a través del Servicio de Microbiología, b) Vigilancia prospectiva en áreas de riesgo y control de reingresos, c) Decontaminación de pacientes y personal sanitario portadores nasales.

Resultados: Durante el periodo 2002-2003 se controlaron 402 reingresos hospitalarios de pacientes con colonización previa por SARM (0,8% de los ingresos hospitalarios, (media: 16,7 + 3,7; rango 11-24, casos mes). De ellos, 102 pacientes (25%) presentaron persistencia de la colonización en los cultivos de control (media 4,5 + 2,3; rango 0-11, casos mes). La persistencia de la colonización fue nasal en 86/102 casos (84%) y en otras localizaciones en 62/102 (61%). Las localizaciones extranasales más frecuentes fueron las úlceras de decúbito: 26/62 (42%), herida quirúrgica 15/62 (24%), traqueostomía 9/62 (14,5%) y urocultivos en 2 pacientes. Un paciente reingresó con bacteriemia por SARM.

Conclusiones: Alrededor del 25% de nuestros pacientes con colonización previa, persisten colonizados a su reingreso en el hospital. En su mayor parte son pacientes que presentan lesiones cutáneas de muy difícil decontaminación. Estos pacientes precisan medidas de aislamiento en caso de reingreso hospitalario.

179

ESTUDIO DE LOS FACTORES DE RIESGO PARA LA INFECCIÓN Y/O COLONIZACIÓN POR UNA CEPA DE *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* CON UNA SENSIBILIDAD DISMINUIDA A CEFALOSPORINAS DE TERCERA GENERACIÓN EN UN BROTE NOSOCOMIAL

M. Cartelle, M. Tomas, F. Molina, R. Moure, R. Villanueva y G. Bou

C.H.U. Juan Canalejo. La Coruña.

Introducción: 21 pacientes ingresados en Neonatología del CHUJC desde Febrero 2001 a Enero de 2002, fueron infectados y/o colonizados por una cepa epidémica de *Klebsiella pneumoniae* con baja sensibilidad a cefalosporinas de 3ª generación (RSKp).

Objetivo: Estudio de casos y controles para determinar los factores de riesgo asociados a la infección y/o colonización por esta cepa epidémica.

Métodos: Las cepas fueron identificadas por DadeMicroScan (Baxter Health Care, West Sacramento, CA) y las CMI confirmadas mediante E-test. La tipación molecular se efectuó mediante ERIC-PCR y REP-PCR. Como casos, 21 pacientes infectados y/o colonizados por la cepa epidémica del brote. Como controles (n = 44) se seleccionaron aleatoriamente pacientes que habían presentado cultivo microbiológico positivo, no RSKp, tras ingreso en la misma unidad durante el mismo período de tiempo. Variables del estudio: madre portadora de *S. agalactiae*, horas de bolsa rota >24 h, cesárea, sexo, peso al nacer, prematuridad y como variables previas al aislamiento cirugía, días en UCI, presencia y duración de aparatos invasivos y administración antibiótica. La comparación de variables numéricas entre casos y controles se realizó con el test t de Student o el test de Mann-Whitney, según procediese. La normalidad de las variables se contrastó con el test de Kolmogorov-Smirnov. Para estudiar la asociación de variables cualitativas con los casos y controles se utilizó el test chi-cuadrado o el test exacto de Fisher, con el cálculo del odds ratio (OR) y su intervalo de confianza (IC) al 95%. Para ajustar por el efecto de diferentes variables se realizó un análisis de regresión logística.

Resultados: La ERIC-PCR y REP-PCR demostró la clonalidad de todas las cepas RSKp. CMI (mg/L) de la cepa RSKp: cefotaxima 0,5, ceftazidima 2 y aztreonam 2. La comparación de los casos y controles según las diferentes variables mostró como estadísticamente significativo (p < 0,05). 1) Variables cualitativas: Horas de bolsa rota, peso al nacer, enf. de base, cirugía, prematuridad, presencia de: cateter vascular, nutrición parenteral, e intubación, administración de antibióticos beta-lactámicos, aminoglucósidos y glucopeptidos; 2) Variables cuantitativas: tiempo de estancia en UCI, presencia de sonda nasogástrica, cateter vascular, nutrición parenteral, intubación o traqueotomía, y administración de antibióticos beta-lactámicos, aminoglucósidos y glucopeptidos. En el modelo de regresión logística para predecir la infección y/o colonización por RSKp ajustando por diferentes variables, mostraron significación (p < 0,05): presencia de intubación, OR 27(IC95% 5,4-135,1); y próxima a la significación la prematuridad, OR 4,4(IC95% 0,9-21,9).

Conclusiones: 1) Se han estudiado los factores de riesgo para la infección y/o colonización por una cepa de *K. pneumoniae* con sensibilidad disminuida a cefalosporinas de tercera generación, en un modelo de brote epidémico nosocomial; 2) La presencia de intubación se muestra como la variable más influyente dentro de los factores de riesgo con un OR de 27 y 3) Los antibióticos beta - lactámicos no aparecen como estadísticamente significativos en el análisis multivariante.

180

BROTE EN UN ÁREA DE CUIDADOS CRÍTICOS POR *P. AERUGINOSA* MULTIRRESISTENTE

R. Rodríguez, M.A. Sánchez, M.M. Gallardo, E. Martín, E. Granados, I. Viciano, M.V. García y A. Pinedo

S. Microbiología, H.C.U. Virgen de la Victoria. Málaga.

Objetivos: Investigación de un brote por *P. aeruginosa* multirresistente ocurrido entre los pacientes ingresados en Área de cuidados críticos del HCU de Málaga.

Material-métodos: Se realizó un estudio retrospectivo, para el cual se revisaron las historias clínicas de los pacientes a los que se les detectó presencia de *P. aeruginosa* con igual fenotipo de resistencia. La identificación y estudio de sensibilidad se realizó con sistema automatizado MicroScan Walkaway® (Dade Behring) y métodos de difusión disco-placa y E-test.

Resultados: Entre septiembre de 2002 y enero de 2003 se obtuvieron 426 aislamientos de *P. aeruginosa* de los cuales 41 (9,62%) presentaban el mismo fenotipo de resistencia

siendo únicamente sensible a amikacina. Estas 41 cepas fueron aisladas de 12 pacientes de los cuales 9 (75%) eran hombres y 3 (25%) mujeres, con una edad media de 59 años (rango: 35-78). Nueve estaban ingresados en UMI, dos en Recuperación y uno en ambos servicios. La estancia media de hospitalización fue de 47,5 días. La enfermedad de base más frecuente fue la dislipemia en el 50% de los casos seguida de DM y cardiopatía con un 41,5%, HTA (33,3%) y ACV (16,7%). Las muestras de donde se aislaron con mayor frecuencia fue hemocultivos en 41,55 de los casos seguida de aspirados bronquiales (24,4%), punta de catéter (9,7%), esputo y exudado de traqueostomía (7,3% cada uno) y telescopaje, orina, exudado de escara y herida con un 2,4% (cada uno). Neumonía adquirida en la comunidad de presentación grave fue el diagnóstico de ingreso que se repitió más veces (en 3 de los 12 pacientes). El primer aislamiento se produjo en un paciente ingresado en la UMI con un intervalo desde el ingreso hasta el aislamiento de 49 días. Los tres últimos casos eran pacientes de Recuperación, habiendo estado uno de ellos ingresado en la UMI previamente. Todos los pacientes tenía en común el haber sido sometidos a broncoaspirados, así como, VM de \geq 48h, IOT, SNG y catéter tanto por vía central como periférica. La asociación antibiótica que se utilizó con mayor frecuencia como tratamiento fue amikacina más un carbapenem, generalmente meropenem (58,3%) y sólo un caso se trató en régimen de monoterapia. En cuanto a la evolución, la mortalidad fue del 50%. Se comunicó al servicio de M. Preventiva y se pusieron las medidas adecuadas. **Conclusiones:** 1) Probablemente la presión antibiótica a la que están sometidos estos pacientes puede ser la causa de la aparición de cepas multirresistentes. 2) Un posible relajamiento de las medidas de control y asepsia por parte del personal sanitario haya sido la causa de diseminación entre los pacientes afectados. 3) Destacar la importancia del S. Microbiología en desarrollar un sistema de vigilancia epidemiológica para alertar a los servicios de la presencia de gérmenes multirresistentes.

181

BROTE DE *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* PRODUCTORA DE SHV-5 DETECTADO EN UNA UNIDAD DE CUIDADOS INTENSIVOS DE NEONATOS Y PEDIATRÍA

L. Briñas, M. Lantero, M. Zarazaga, F. Pérez y C. Torres

Objetivo: El objetivo de este trabajo es analizar los genes de β -lactamasas y la relación clonal en una serie de 12 cepas de *Klebsiella pneumoniae* resistentes a ceftazidima o cefotaxima (CMI \geq 16 μ g/ml) aisladas de pacientes diferentes de la unidad de cuidados intensivos (UCI) de neonatos y pediatría del Hospital Central de Asturias (Oviedo) durante un año.

Material y métodos: La sensibilidad a antibióticos fue determinada mediante dilución en agar y los genes de las β -lactamasas TEM, SHV, CTX-M, CMY o FOX fueron identificados por PCR y secuenciación. El estudio de la relación clonal se llevó a cabo mediante electroforesis en campos pulsados (PFGE) tras digerir con XbaI.

Resultados: Once de las 12 cepas de *K. pneumoniae* estudiadas contenían el gen de SHV-5, asociado con el gen *bla*_{TEM-1a} en uno de los casos. Estas 11 cepas pertenecían a dos tipos clonales diferentes, A (9 cepas) y B (2 cepas) y fueron agrupadas en los subtipos A₁ (6 cepas), A₂, A₃, A₄, B₁ y B₂ (1 cepa de cada). Las 11 cepas presentaban resistencia a gentamicina, kanamicina, tobramicina y estreptomina además de a β -lactámicos. Las cepas del tipo clonal A fueron aisladas de nueve pacientes (en cinco de los casos de sangre) durante un periodo de 6 meses. La cepa restante de *K. pneumoniae* mostraba un valor mayor de CMI de cefotaxima que de ceftazidima y contenía los genes de las β -lactamasas SHV-11 y CTX-M-14. Esta cepa presentaba un patrón de bandas de PFGE diferente (tipo clonal C).

Conclusiones: Se documenta la presencia de un brote de *K. pneumoniae* productora de SHV-5 en una UCI de neonatos.

Se describe por primera vez la existencia conjunta de los genes de las β -lactamasas SHV-11 y CTX-M-14 en una misma cepa de *K. pneumoniae* en Europa.

182

ESTUDIO DE UN BROTE HOSPITALARIO CAUSADO POR UNA CEPA DE *LEUCONOSTOC MESENTEROIDES* SUBSP. *MESENTEROIDES*

M. Tomás*, D. Sousa*, S. Valdezate**, R. Moure*, F. Lueiro*, J.A. Saez Nieto**, E. Sánchez*, R. Villanueva*, P. Llenares* y G. Bou*

*C.H.U. Juan Canalejo. La Coruña. **S. Bacteriología. Centro Nacional de Microbiología. Majadahonda.

Introducción: 22 pacientes ingresados en diferentes servicios del C.H.U.J.C desde Julio a Octubre de 2003, fueron infectados y/o colonizados por una cepa de *Leuconostoc mesenteroides* subsp. *mesenteroides* (LM). Su aislamiento hospitalario en forma de brotes es inusual habiendo muy pocos casos descritos en la literatura y todos con un número pequeño de pacientes.

Objetivos: 1) Caracterizar molecularmente el brote y 2) Estudio descriptivo clínico de los pacientes.

Material y métodos: Las cepas fueron identificadas inicialmente con rapid ID 32 STREP (bioMérieux) y confirmadas con paneles de identificación BIOLOG GP y por secuenciación de DNA 16S ribosómico. La epidemiología molecular se efectuó mediante electroforesis de campo pulsado (PFGE) con *Apa* I. CMI por microdilución y confirmadas por E-test siguiendo criterios NCCLS. Estudio descriptivo clínico de los pacientes afectados por la cepa epidémica.

Resultados: Las cepas se identificaron como *Leuconostoc mesenteroides* subsp. *mesenteroides* y el PFGE demostró la clonalidad de todas ellas. El análisis de susceptibilidad antibiótica mostró que la cepa era sensible a gentamicina, rifampicina, ciprofloxacino, levofloxacino, tetraciclina y clo-ranfenicol; siendo intermedia a penicilina. Los 22 pacientes estaban admitidos, [media de ingreso 22,86 días (D.T. 16,34)] en tres hospitales independientes dentro del C.H.U.J.C, las áreas implicadas fueron, 45,3% médicas, 18,3% quirúrgicas, y 36,3% críticas. De ellos, 9 niños y 13 adultos (edad media 29,22 años, rango 6 días - 84 años) con importantes enfermedades de base o gravedad clínica al inicio de los síntomas, y sometidos a múltiples manipulaciones. Todos cursaron con fiebre, 20 pacientes fueron diagnosticados por bacteriemia por LM en relación segura o probable con el catéter endovenoso, y en 2 casos aunque existía colonización de la punta del catéter, los hemocultivos no fueron realizados. Todos excepto 1, recibían nutrición parenteral en el momento del diagnóstico y todos ellos presentaban un catéter intravenoso. Fallecieron 4 de los 22 pacientes, 2 de ellos en relación con la infección.

Conclusiones: Una cepa epidémica fue responsable de un brote nosocomial autolimitado en el C.H.U.J.C. Es el primer caso mundial de brote con estas características causado por una cepa de LM.

183

PREVALENCIA DE SEROTIPOS DE *STREPTOCOCCUS AGALACTIAE* EN MUESTRAS CLÍNICAS PROCEDENTES DE PACIENTES ADULTOS NO GESTANTES

M. Bolaños, A. Hernández, O.E. Santana, J. Molina y A.M. Martín Sánchez

Introducción: El aumento de la incidencia de la enfermedad invasiva por *Streptococcus agalactiae* en pacientes adultos no gestantes conlleva a la búsqueda de una vacu-

na efectiva para la prevención de la enfermedad en el adulto. Para ello es preciso conocer los factores de riesgo asociados a la infección y los serotipos prevalentes en esa población.

Objetivos: 1) Serotipificación de las cepas de *Streptococcus agalactiae* obtenidas de muestras clínicas de pacientes adultos y no relacionadas con la gestación. 2) Conocer la resistencia existente en dichas cepas a la eritromicina y clindamicina.

Material y métodos: Se seleccionaron las cepas de *Streptococcus agalactiae* previamente identificadas en el Laboratorio de Microbiología del Hospital Universitario Insular de Gran Canaria y que permanecían congeladas a -70°C. Dichas cepas procedían de diversas muestras clínicas: 6 de sangre, 57 de heridas y abscesos, 5 de orina y 2 de muestras respiratorias. Se aglutinó una sola cepa por paciente (el primer aislado o el de mayor significación clínica). La técnica empleada fue una aglutinación con sueros específicos frente a los serotipos Ia, Ib, II, III, IV y V. Para ello se empleó el kit comercial Hemolytic Streptococcus Typing Immune Sera for Group B de Denka-Seiken, siguiendo las instrucciones del fabricante.

Resultados: De las 70 cepas aglutinadas, se identificaron 10 cepas pertenecientes al serotipo Ia (14,3%), 2 al serotipo Ib (2,9%), 6 al serotipo II (8,6%), 15 al serotipo III (21,4%), 3 al serotipo IV (4,3%), 20 al serotipo V (28,6%) y 14 cepas no aglutinaron a ninguno de ellos. La resistencia a la clindamicina fue del 22,9%, no siendo más frecuente en ningún serotipo o tipo de muestra. La resistencia a la eritromicina fue del 1,4%.

Conclusiones: Los serotipos de *Streptococcus agalactiae* más frecuentes en las muestras procedentes de pacientes adultos no gestantes fueron el V y III. En las muestras cutáneas los estreptococos del grupo B aislados pertenecen a todos los serotipos. Destaca el alto número de cepas no aglutinables.

184

ESTUDIO CLÍNICO-EPIDEMIOLÓGICO DE LAS RICKETTSIOSIS EN LA PROVINCIA DE ALBACETE

N. Hernández*, J. Bartolomé*, S. Lorente*, E. Martínez-Alfaro**, A. Marín*, M.D. Crespo*

*Laboratorio de Microbiología y **Unidad de Enfermedades Infecciosas. Hospital General Universitario de Albacete.

Objetivo: Describir las características clínicas y epidemiológicas de las rickettsiosis adquiridas en la provincia de Albacete.

Pacientes y métodos: Se recogieron de las historias clínicas los datos demográficos, epidemiológicos y clínicos de los pacientes residentes en la provincia de Albacete que, entre 1997 y 2003, cumplieron uno de los siguientes criterios: 1) seroconversión en IgG frente a *Rickettsia conorii* por IFI ó 2) un título ≥ 160 con 2 ó 3 de los siguientes signos clínicos: fiebre, mancha negra, exantema. Se utilizaron los datos del padrón municipal de habitantes para estimar la incidencia global y los riesgos relativos de diagnóstico de rickettsiosis en mayores de 50 años de edad ($RR_{>50a}$) y en residentes en municipios con menos de 5.000 habitantes ($RR_{<5.000h}$) comparados con el resto de la población.

Resultados: Hubo 41 casos en el periodo de estudio. La incidencia fue de 1,6 casos/100.000 habitantes-año para la provincia de Albacete. La edad media de los pacientes fue 58 años (intervalo: 14-84) y la relación varón/mujer fue 1,4. Treinta y uno (76%) de los pacientes tenían más de 50 años de edad ($RR_{>50a}$: 6,5; IC 95%: 3,2- 13,2). Veinticinco (63%) pacientes residían en un municipio con menos de 5.000 habitantes ($RR_{<5.000h}$: 4,1; IC 95%: 2,2-7,8). Treinta y seis (88%) pacientes tenían contacto habitual o reciente con el medio rural o con animales. Dieciséis (39%) pacientes habían tenido

contacto habitual o reciente con perros y 13 (32%) con conejos. Los meses con mayor número de casos fueron abril (5), julio (6), agosto (15) y septiembre (8). Cuarenta (98%) pacientes presentaron fiebre, 38 (93%) mancha negra y 32 (78%) exantema. Treinta y siete (90%) pacientes recibieron doxiciclina y 2 ciprofloxacino. La evolución fue favorable en todos los casos.

Conclusiones: Las rickettsiosis en la provincia de Albacete se diagnosticaron principalmente en adultos en contacto con el medio rural o con animales. El riesgo relativo fue mayor en personas con más de 50 años de edad y en residentes en municipios con menos de 5.000 habitantes.

185

BROTE EPIDÉMICO DE PROBABLE ORIGEN HÍDRICO POR SHIGELLA SONNEI

M. Luna*, C. Arias**, A. Benavente*, M.R. Sala**, A. Domínguez***, N. Larrosa*, R. Bartolomé* y G. Prats*

*Servei de Microbiologia. Hospital Vall d'Hebron. Universitat Autònoma de Barcelona. **Unidad de Vigilancia Epidemiológica Región Centro de Barcelona. ***Servicio de Vigilancia Epidemiológica de Cataluña. Dirección General de Salud Pública. Departamento de Sanidad y Seguridad Social. Generalitat de Cataluña. Barcelona.

Objetivo: Describir un brote epidémico de shigelosis que tuvo lugar en el año 2002 en Santa Maria de Palautordera (SMP), municipio de Barcelona.

Métodos: Para la recogida de datos (síntomas, inicio y duración de la enfermedad y factores de riesgo) se realizó un estudio observacional longitudinal prospectivo. Se definieron casos probables y confirmados que se clasificaron en primarios y secundarios. En los 247 coprocultivos realizados se utilizaron los medios adecuados para el aislamiento de enteropatógenos. La identificación de la bio-serovar se realizó mediante el sistema API 20E y aglutinación en portaobjetos con antisueros específicos. Para establecer las relaciones clonales de las cepas se determinó su biotipo y se realizó una electroforesis en campo pulsado de los fragmentos de restricción obtenidos con XbaI. Se estudió la sensibilidad a 23 antibióticos mediante el método de disco-difusión.

Resultados: Desde el 1 de agosto al 23 de septiembre se detectaron 756 casos de enteritis, con una mayor incidencia los días 5 y 6 de agosto. El 17% fueron casos secundarios. El 80% (603 casos) eran residentes habituales en SMP y estaban localizados en el núcleo urbano del municipio o en una de las urbanizaciones colindantes. La tasa global de ataque entre la población residente fue del 9,97% siendo la más elevada en los menores de 15 años (16,5%). El 98% presentó diarrea grave, dolor abdominal (90%), fiebre = 39° C (84%) y vómitos (49%). El 1,8% (11 casos) requirieron ingreso hospitalario. En el 73% (181/247) de los casos en que se realizó coprocultivo se aisló *Shigella sonnei*, no detectándose otros enteropatógenos. Todas las cepas pertenecían al biotipo g y presentaron el mismo patrón de restricción y el mismo perfil de resistencia a cotrimoxazol y tetraciclinas. En el estudio epidemiológico, el riesgo de infección se asoció al agua de consumo abastecida por la red del suministro A; no obstante, en el análisis microbiológico no se aisló *Shigella* pero se observó contaminación por coliformes fecales. Para un 85% de pacientes era el agua de bebida habitual, un 86% la utilizaba para el cepillado de los dientes y un 81% para lavar los alimentos de consumo crudo.

Conclusiones: El número elevado de casos y su presentación súbita, la coincidencia de los afectados con una red de suministro de agua y el déficit de cloro residual en el agua en los días precedentes al brote sugieren que el origen de este sea debido al agua del suministrador A. Creemos que es el brote documentado con más afectados ocurrido en España.

186

CARACTERIZACIÓN DE CEPAS DE *ESCHERICHIA COLI* ASOCIADAS A ENFERMEDADES TRANSMITIDAS POR ALIMENTO

D. Saavedra Castellanos, R. Turati, T. Infante Dilú y R. Mora Guerra

Los alimentos elaborados y los lácteos están entre los primeros productos involucrados en brotes de Enfermedades Transmitidas por Alimentos (ETA) en nuestro país. Nos trazamos como objetivo realizar la identificación rápida de cepas de *Escherichia coli* utilizando medios de cultivos cromogénico y fluorogénico (CromoCC BioCen), además conocer la susceptibilidad antimicrobiana de estas cepas por el Método de Kirky-Bauer según las normas de la NCCLS 2002, se realizó la caracterización de los cultivos mediante el análisis de macrorestricción del ADN cromosomal con ayuda de la electroforesis de campo pulsante después de la digestión con enzima de restricción. Se estudiaron 51 cepas de *Escherichia coli* aisladas de ETA, en Ciudad de la Habana, en el período de Enero-Diciembre de 2003. Con el medio de cultivo CromoCC se realizó la identificación más rápido, específico, confiables y más simple en el recuento de *Escherichia coli* en las muestras de alimento. El 33,3 %, 16,6% de las cepas fueron resistente a la tetraciclina y cloranfenicol respectivamente. La caracterización mediante el análisis de la electroforesis de campo pulsante reporto solo, 4 cepas con el mismo patrón de electroforesis que correspondieron a un mismo brote. El 55% de las cepas se aislaron de los productos elaborados. El análisis molecular de las cepas estudiadas, nos permiten demostrar que todas las cepas asociadas a un brote tienen el mismo perfil electroforético, además nos permiten proponer acciones que contribuyan con la calidad de los servicios y la salud del consumidor.

187

VIGILANCIA EPIDEMIOLÓGICA DE LOS BROTES DE GASTROENTERITIS AGUDA DE ORIGEN NO ALIMENTARIO EN LA COMUNIDAD DE MADRID EN EL PERÍODO 1998-2002

L.G. Comas, M. Ordoñas, I. Rodero y A. Gutiérrez

Introducción: Las gastroenteritis agudas (GEA) constituyen uno de los procesos más frecuentemente notificados como brotes de origen no alimentario en la Comunidad de Madrid (CM). **Objetivos:** Describir la evolución de los brotes de GEA de origen no alimentario o desconocido en la CM en los últimos cinco años.

Material y métodos: Se analizan las siguientes variables recogidas por la Red de Vigilancia Epidemiológica de la CM.: mes de notificación, número de casos e ingresados, colectivo afectado, agente causal, duración del brote y demora en la notificación.

Resultados: En el año 2002 se notificaron 43 brotes de GEA en los que no se detectó una fuente común de origen alimentario, que originaron 1.777 casos y 10 ingresos hospitalarios. El agente causal se confirmó en 25, siendo los virus los más frecuentemente detectados (norovirus en 14 y rotavirus en 1). Las residencias de ancianos fueron el colectivo más afectado (22 brotes), donde se identificó norovirus en 13 brotes y rotavirus en 1. La demora mediana en la notificación fue de 6 días y la duración mediana de los brotes de 10 días. El 48,8% se produjo en los meses de verano. En los últimos 5 años se observa una tendencia estable en el número de brotes notificados hasta 2001 y un importante incremento en 2002, así como una mejora en la confirmación etiológica.

Conclusiones: Aunque los brotes de GEA de origen vírico suelen ser leves, la implicación de residencias de ancianos puede tener gran trascendencia, ya que la deshidratación puede ser fatal en personas mayores. La notificación de estos brotes lo antes posible es fundamental para poder implantar las medidas de control más oportunas.

188

IMPORTANTE EPIDEMIA DE GASTROENTERITIS AGUDA (GEA) POR NOROVIRUS EN GIPUZKOA (OTOÑO-2002)

M. Gomáriz, D. Vicente, M. Montes, G. Cilla, J. Artieda y E. Pérez-Trallero

Servicio de Microbiología. Hospital Donostia y Dirección de Salud de San Sebastián.

Introducción: Norovirus son la principal causa de brotes de gastroenteritis no bacteriana a nivel mundial. Sin embargo los patrones de circulación de estos virus no son bien conocidos ni su papel etiológico en la GEA está aún bien estudiado, debido a las dificultades técnicas que plantea su diagnóstico. El objetivo de este trabajo es presentar los resultados de una gran epidemia causada por uno de estos virus en Otoño de 2002.

Métodos: En nuestro laboratorio se efectúa sistemáticamente el estudio de Norovirus en brotes de GEA. Por otra parte, entre Enero y Septiembre de 2002 se efectuó un muestreo aleatorio semanal de GEA esporádicas infantiles (10-15 muestras/semana). A finales de Septiembre se notificó un importante aumento de consultas pediátricas por GEA con vómitos, diarrea y fiebre, por lo que a partir de Octubre de 2002 se intensificó la búsqueda de Norovirus en las muestras pediátricas recibidas para coprocultivo habiéndose estudiado 50-75/semana. La detección de Norovirus se efectuó mediante una RT-PCR que amplifica un fragmento de 114 bp del gen de la polimerasa. Los amplicones fueron secuenciados (ABI 310, Perkin Elmer) y las secuencias comparadas con las de otros Norovirus (Health Protection Agency UK).

Resultados: Entre Octubre y Noviembre se estudiaron 610 muestras de las que 230 (38%) fueron positivas para Norovirus. Durante Octubre, mes de máxima intensidad epidémica, el porcentaje de muestras positivas fue 64% (200/313). Los niños pertenecían a toda el área sanitaria directamente atendida por nuestro hospital (comarcas de San Sebastián, Tolosa y Urola) así como a comarcas atendidas por los diferentes Hospitales Comarcales. La epidemia se extendió por toda la provincia de forma casi simultánea; La incidencia mínima de casos confirmados para menores de 5 años en la comarca de San Sebastián fue de 11,2/1000. Durante la epidemia predominaron los casos familiares, sin apenas brotes en colectivos. La secuencia genética de 36/40 Norovirus de pacientes de diferentes localidades analizados en la epidemia fue idéntica, mostrando una similitud del 100% con cepas de Norovirus del tipo Bristol-GII comunicadas en Europa en 2003. En este período se mantuvieron los niveles de potabilidad habituales en las ocho zonas de abastecimiento de agua de Gipuzkoa según datos del programa de control y vigilancia de aguas de consumo. **Conclusiones:** Norovirus, además de causa frecuente de casos esporádicos y brotes de GEA asociados a pequeñas colectividades, puede producir grandes epidemias en la comunidad con incidencia elevada y amplia diseminación geográfica. El patrón de aparición de casos sugiere que esta epidemia pudo producirse por transmisión persona a persona. Los métodos de diagnóstico molecular permiten efectuar una vigilancia adecuada de las infecciones por Norovirus.

189

BROTES DE HEPATITIS A EN HOMOSEXUALES EN BARCELONA. 2002-2003

A. Orcau, H. Pañella, P. García de Olalla y J.A. Caylà

Objetivo: Conocer las características epidemiológicas y los factores de riesgo de los brotes de hepatitis A detectados en Barcelona entre el colectivo homosexual.

Métodos: Los casos notificados por el sistema EDO y los detectados por vigilancia activa, completaron un cuestionario que incluía variables sociodemográficas, clínicas, uso de servicios sanitarios, prácticas sexuales y número de parejas en

los dos meses anteriores al inicio de la enfermedad. Se iniciaron actividades de vacunación para disminuir la transmisión del virus y aumentar la cobertura vacunal.

Resultados: Se consideró caso, varón de 18 o más años homosexual o bisexual, con hepatitis A confirmada y sus casos secundarios. Hubieron 48 casos en 2002 y 26 en 2003. El rango de edad iba de 20 a 44 años, mediana de 32. El 90% eran homosexuales, el 84% autóctonos, el 21% portadores del VIH y 31% vacunados de hepatitis B. Un 80% utilizaba preservativo y el 100% practicaba sexo oro-anal sin protección. En 2002, el 70% había tenido más de una pareja sexual en los dos meses anteriores, con un rango de 2 a 60 y mediana de 3. Los casos aparecieron de enero a septiembre y la mitad estaban asociados en 10 grupos de 2 a 4 casos. En 2003, los casos se dieron de junio a septiembre y el 65% utilizaron la asistencia primaria. Globalmente, la mitad de los casos había practicado sexo en discotecas y saunas en los dos meses previos a la enfermedad. Se ha iniciado una campaña de vacunación frente hepatitis A y B en saunas gay que ha permitido vacunar hasta el momento a 560 usuarios.

Conclusiones: Dos brotes de hepatitis A con 74 casos, de transmisión persona-persona, la mayoría sexual a través de prácticas oro-anales sin protección. El 21% eran VIH+ y sólo el 30% estaban vacunados de hepatitis B.

Recomendaciones: Aumentar la cobertura vacunal frente hepatitis A y B en este colectivo, sobretodo a los infectados por el VIH.

190

DESCRIPCIÓN DE UN BROTE POR ENTEROVIRUS (COXSACKIE A16) DESDE UN CENTRO DE SALUD RURAL

S. Escobar*, A. Betrán*, L. Torres*, M.P. Lalana**, M.P. González**, M. Omeñaca*, M.V. Baños**, Y. Martín*, M.J. Lavilla*, A. Hurtado* y M.J. Revillo*

*Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Miguel Servet. Zaragoza. **Servicio de Pediatría, Centro de Salud de Tarazona. Zaragoza.

Introducción/Objetivos: Las infecciones producidas por enterovirus pueden ser asintomáticas o producir diversos cuadros clínicos en humanos, como el síndrome mano-pie-boca, herpangina, pleurodinia, meningitis, miocarditis, pericarditis, encefalitis, sepsis neonatal y polio. Los casos aparecen de forma endémica o epidémica, principalmente en lactantes y niños. El hombre es el único reservorio conocido y los mecanismos de transmisión fundamentales son el fecal-oral, oral-oral y respiratorio. Se describe un brote de estomatitis con manifestaciones clínicas atípicas por Coxsackie A16 en el Centro de Salud de Tarazona (Zaragoza).

Material y métodos: Durante los meses de mayo y junio de 2003, se detectó en niños de las localidades de Tarazona y Malón (Zaragoza) que acudían a una misma escuela, la aparición de un cuadro de estomatitis con fiebre moderada y postración. Ante la sospecha clínica de un cuadro viral se enviaron frotis orales al Servicio de Microbiología del H.U. Miguel Servet de Zaragoza para su estudio. Las muestras se remitieron en medio de transporte específico para virus (Viral-Pack, Biomedics S.L.); se cultivaron en líneas celulares MRC-5, RD y Vero y, a partir de los cultivos positivos, se realizó inmunofluorescencia con anticuerpos monoclonales (Light diagnostics, Chemicon Internacional, Inc). Igualmente, se realizó detección de RNA viral mediante RT-PCR anidada. Las cepas aisladas fueron remitidas al Centro Nacional Microbiología para su caracterización.

Resultados: Se afectaron un total de 11 niños con una edad media de 32 meses, pero sólo en 6 de ellos se enviaron muestras para estudio. En todas ellas (100%) se aisló Coxsackie A16 y se detectó RNA viral por PCR. Lo más relevante fue la clínica, ya que todos presentaron una lesión única, grande (10-15 mm) en la base de la lengua, sin lesiones satélites ni afectación gingival; sólo en un caso se evidenciaron lesiones cutáneas

as localizadas en manos. La resolución completa fue entre 6-8 días y solamente se trató con aciclovir el primer caso, que fue el que mayor afectación presentó, sin observarse mejoría significativa en comparación con los casos no tratados.

Conclusiones: 1) Aunque el Coxsackie A-16 se conoce por su relación con el Síndrome mano-pie-boca, sólo en uno de los casos se detectó lesiones en mano. 2) A pesar de que lo habitual es la aparición de múltiples lesiones pequeñas por toda la mucosa oral, pueden aparecer lesiones atípicas como la descrita en el brote y 3) Desde Atención Primaria y el medio rural es difícil detectar brotes de este tipo; por ello, la colaboración entre clínicos y microbiólogos es importante para conocer mejor los aspectos epidemiológicos y clínicos de muchos procesos que, de otra manera, quedan sin investigar y sin diagnosticar etiológicamente.

191

VIGILANCIA VIROLÓGICA DE LA GRIPE EN CATALUÑA

T. Pumarola*, A. Domínguez**, M.A. Marcos*, A. Martínez**, N. Rabella***, M. Otegui***, M. Espasa*, M. Ruiz*, N. Torner**, G. Prats***, M.T. Jiménez de Anta* y L. Salleras**

*Serv. Microbiología (ICII). Hospital Clínic (Barcelona).

**Direcció General de Salut Pública. Generalitat de Catalunya.

***Serv. Microbiología. Hospital de Sant Pau (Barcelona).

Hospital Clínic. Barcelona.

Objetivo: Se presentan los resultados virológicos del programa de vigilancia epidemiológica de la gripe en Cataluña desde su inicio en la temporada 1999-2000 hasta la actualidad y cuyo objetivo es detectar precozmente el inicio de la epidemia e identificar los virus circulantes.

Material y métodos: Durante los meses de Noviembre a Abril de las temporadas 1999-2000, 2000-2001, 2001-2002 y 2002-2003, 24 equipos de atención primaria distribuidos por las provincias de Gerona, Barcelona y Tarragona recogieron muestras del exudado nasal y faríngeo y los datos clínicos de pacientes que presentaban síndrome gripal o infección respiratoria aguda. Se practicó inmunofluorescencia y cultivo celular a las muestras obtenidas. Adicionalmente, durante la temporada 2002-2003 se realizó una RT-PCR para VGA y VGB.

Resultados: En conjunto, se estudiaron 2242 muestras de las que 564 (25,2%) fueron positivas: 459 (81,4%) a VGA y 105 (18,6%) a VGB. Los signos y síntomas incluidos en la definición de sd. gripal fueron las manifestaciones clínicas más frecuentes en los casos con aislamiento de virus de la gripe. La sensibilidad, especificidad y valores predictivos de la RT-PCR y de la IF respecto del cultivo celular fueron S-98,7%, E-96%, VPP-85%, VPN-95,5% y S-35,4%, E-98,3%, VPP-84,8, VPN-85,3% respectivamente.

Conclusión: La vigilancia virológica de la gripe ha resultado de gran utilidad para la detección precoz y seguimiento adecuado de los brotes epidémicos anuales en Cataluña.

192

ESTUDIO DE LOS MARCADORES DIAGNÓSTICOS DE SARAMPIÓN EN EL CONTEXTO DE UN BROTE

M.M. Mosquera¹, F. de Ory¹, V. Gallardo², L. Cuenca², M. Morales³, W. Sánchez-Yedra³, T. Cabezas⁴, J.M. Hernández⁵, P. Balfagón¹, A. Castellanos¹, J. de la Fuente¹, I. González¹, E. Guisasaola¹, N. Herranz¹, P. Lucas¹, T. Minguito¹, I. Pérez¹, F. Salvador¹, M. Vera¹ y J.E. Echevarría¹

¹Centro Nacional Microbiología, ISCIII. Madrid. ²Servicio de

Vigilancia Epidemiológica y Evaluación, Consejería de Salud,

Junta de Andalucía. Sevilla. ³Hospital Torrecárdenas. Almería.

⁴H. de Poniente. El Ejido. Almería. ⁵H. La Inmaculada. Almería.

Objetivo: Se estudia un brote de virus de sarampión (VS) ocurrido en la provincia de Almería entre enero y junio de

2003, con el fin de observar cómo se comportan los marcadores diagnósticos recomendados por la OMS en un país en fase de eliminación del virus.

Material y métodos: Se han analizado muestras de suero, orina y exudado faríngeo de 250 pacientes. Se realizó IgM e IgG de VS, IgM de rubéola y parvovirus B19 en suero; PCR múltiple (VS, rubéola y parvovirus B19) en orina, suero y exudado faríngeo y aislamiento de VS desde orina. Se consideró infección reciente cuando el paciente presentaba PCR o IgM positiva a VS, tomándose como positiva la IgM con resultado positivo o equívoco.

Resultados: De los 250 pacientes el 52,8% (132) eran hombres y 47,2% (118) mujeres. La media de edad es de 15,5 años ($\pm 12,4$) con rango de 0 a 60 aunque un 46,3% se encuentran entre 20 y 30 años y un 25,6% son ≤ 2 años. Los casos positivos a VS presentan una media de edad de $15,9 \pm 11,3$, rango de 0 a 44 años, un 52,2% se encuentran entre 20 y 30 años y un 27,0% ≤ 2 años. De 162 casos positivos a VS, 133 (82,1%) fueron diagnosticados por IgM y detección directa (PCR y/o aislamiento), la media del tiempo transcurrido entre el comienzo de la fiebre y la recogida de la muestra en días en aquellos casos que tenían el dato fue $4,2 \pm 1,9$. Veintisiete (16,7%) fueron diagnosticados sólo por PCR ($2,6 \pm 1,9$); 21 de esos 27 tenían PCR positiva en dos o más muestras y de ellos, 10 (8,9%) fueron diagnosticados por aislamiento y PCR. Dos casos (1,2%) fueron diagnosticados sólo por IgM ($2,5 \pm 0,5$). Ochenta y ocho pacientes no presentaron evidencia de infección reciente por VS. Por PCR fue posible detectar VS en 104 sueros, 149 orinas y 158 exudados faríngeos, nasales o nasofaríngeos.

Conclusión: Se observa así que los casos con muestras recogidas en una etapa temprana, es decir, en los 3 primeros días desde el comienzo de los síntomas pueden no ser diagnosticados si solamente se utiliza la IgM, mientras que el diagnóstico directo por PCR y aislamiento es perfectamente eficaz en este periodo; tal y como recomiendan la OMS en el Plan de Eliminación de Sarampión. Se comprueba también que la edad de la mayoría de individuos afectados por el virus se ha trasladado hasta los 20-30 años, grupo de edad que no está vacunado o no estuvo expuesto al virus.

193

CARACTERÍSTICAS DE LAS ONDAS EPIDÉMICAS CAUSADAS POR EL VIRUS RESPIRATORIO SINCICIAL (VRS) DURANTE OCHO AÑOS (JULIO 95-JUNIO 03)

M. Montes, D. Vicente, G. Cilla, L. Piñeiro, A. González, E. Pérez-Trallero

Servicio de Microbiología. Hospital Donostia. San Sebastián.

Introducción: El VRS es la causa más frecuente de infección del tracto respiratorio y la primera causa de hospitalización por enfermedad respiratoria en lactantes. El riesgo de infección grave es elevado en niños prematuros, inmunodeprimidos, enfermos crónicos cardíacos y broncopulmonares. La epidemiología del VRS varía notablemente con el área geográfica. La necesidad de prever los incrementos periódicos en la demanda de asistencia sanitaria y la disponibilidad de preparaciones de anticuerpos para prevenir la infección por VRS, aconsejan conocer con detalle la dinámica de la circulación viral (características de la onda epidémica), para facilitar el uso eficiente de los recursos sanitarios.

Métodos: El estudio se realizó entre Julio-1995 y Junio-2003 en el Hospital Donostia (>97% de las hospitalizaciones pediátricas de la Comarca y ± 4.000 partos/año). Mediante EIA en membrana (Test-Pack, Abbott) se investigó la presencia de VRS en los aspirados nasofaríngeos (ANF) obtenidos a menores de 5 años que acudieron al Servicio de Urgencias por infección respiratoria aguda (IRA). El subtipado

de VRS se efectuó desde el segundo año del estudio, mediante RT-PCR, en muestras VRS positivas. Se consideró período epidémico el de circulación viral ininterrumpida (comprendido entre la primera y última semana con 2 ó más casos).

Resultados: Se estudiaron 3047 episodios de IRA, detectándose VRS en 1298 (42,6%). La magnitud de la onda epidémica fue variable (67-248 episodios/año), y en 7 temporadas comenzó en Octubre (desde mediados de mes) o Noviembre y finalizó antes de Mayo. Se observó una onda de inicio retrasado (Enero), que fue la de menor actividad. La curva epidémica fue asimétrica, con actividad máxima a 6 (4-9) semanas del inicio, prolongándose una media de 20 semanas (16-26). El 96% de los casos se detectaron en el período epidémico, acumulándose en Nov-Febrero el 92% de los casos epidémicos (6% y 2% en Marzo y Octubre). En casi todas las epidemias se detectaron ambos subtipos de VRS si bien, cuando predominó el VRS-A, la intensidad de la epidemia fue mayor.

Discusión: En este amplio estudio de 8 años se ha observado un patrón relativamente regular en la circulación anual del VRS. Los aislamientos se concentran en una importante epidemia anual con escasa circulación extraepidémica (como en los países de clima templado/frío), de inicio temprano (otoño) y actividad residual desde fin de Marzo. Aunque la magnitud de la onda es variable, fue intensa todos los años, relacionándose con el subtipo viral. Los resultados obtenidos proporcionan una base sobre la que predefinir las fechas y duración de profilaxis en nuestro medio para que tenga la máxima eficiencia, sugiriendo que podría ser suficiente con cubrir el período Noviembre- Febrero.

194

INFECCIÓN POR CORONAVIRUS HUMANO OC43 EN ANCIANOS CONVIVIENTES EN UN CENTRO GERIÁTRICO

G. Cilla, M. Alonso, M. Montes, E. Arriola, D. Vicente, R. Hernanz y E. Pérez-Trallero

Servicio de Microbiología, Hospital Donostia y Residencia Rezola (Fundación Matía), San Sebastián.

Introducción: El interés por los coronavirus (CoV) se ha reavivado a consecuencia de la descripción del Síndrome Respiratorio Agudo Grave (SRAG). A los dos CoV clásicos que infectan al ser humano (OC43, 229E) se añadió en el invierno de 2003 el causante del SRAG, reaparecido de nuevo en 2004. Los CoV son difíciles de detectar por lo que su papel en las infecciones respiratorias humanas es mal conocido.

Objetivo: Describir un brote de casos de infección por CoV humano OC43 en una residencia de ancianos.

Sujetos y métodos: En Febrero-03 ocurrió un brote de infección respiratoria aguda (IRA) en un centro que atiende en régimen de larga estancia a 51 ancianos frágiles (Em = 83 [68-99] años). El diagnóstico se centró en la búsqueda de virus (frotis faríngeo con medio de transporte viral), debido a las características del cuadro. Las muestras de 13/16 afectados fueron investigadas mediante RT-PCR y/o cultivo para virus influenza, respiratorio sincicial y parainfluenza. Al resultar negativas se investigó a partir de una alícuota de cDNA congelado la presencia de CoV humano mediante una PCR ampliamente reactiva descrita en la página Web de la OMS (www.who.int/csr/sars/primers/en). Los amplicones obtenidos fueron secuenciados.

Resultados: El brote afectó a un tercio de los ancianos y en 6/13 pacientes (43%) se detectó RNA de CoV humano demostrándose por secuenciación que se trataba en todos los casos de la misma cepa, perteneciente al grupo OC43, siendo este el único patógeno respiratorio detectado. Los pacientes presentaron sintomatología respiratoria de escasa gravedad siendo en la mayor parte de los casos tos (en ocasiones

productiva) y congestión nasal, mayoritariamente sin síntomas gastrointestinales, siendo la enfermedad en todos ellos autolimitada (síndromes catarrales y bronquitis). No obstante, un brote que afecte a un elevado número de residentes con frágil estado físico, constituye una situación de riesgo potencial que afortunadamente en este caso se resolvió sin complicaciones.

Conclusiones: En esta ocasión, la infección por CoV OC43 en ancianos fue benigna cursando mayoritariamente como cuadro de vías respiratorias altas. Los resultados obtenidos indican que los nuevos métodos de diagnóstico molecular pueden ser útiles para la filiación etiológica de brotes de IRA que queden sin agente causal así como infecciones respiratorias graves en las que se sospeche un origen viral.

195

BIOTERRORISMO: LA NECESIDAD DEL NACIMIENTO DE UNA NUEVA CIENCIA (MICROBIOLOGÍA FORENSE)

A.M. Curiel López de Arcaute y M. Domínguez-Gil González
*Área de Medicina Legal y Forense. Universidad de Valladolid
Servicio de Microbiología. Hospital Clínico Universitario de Valladolid.*

Introducción: El bioterrorismo es el empleo de agentes biológicos con fines terroristas. La utilización de microbios o sus toxinas provoca daño, produce miedo y tiene un importante impacto económico y aunque los microbios han sido usados durante siglos, el ántrax en el año 2001 incrementó el interés de la sociedad en este campo, generando una gran alarma social. Los acontecimientos del 11 de Septiembre de 2001 fueron la confirmación definitiva.

Objetivo: El objetivo de este estudio es analizar el impacto y la evolución del bioterrorismo y el nacimiento de la microbiología forense durante los años 1999-2003.

Metodología: Se ha realizado un estudio, análisis y revisión de la literatura científica incluida en la base PubMed referente al bioterrorismo, así como de las revisiones sistemáticas realizadas por éste mismo grupo de trabajo mediante el empleo del MeSH "bioterrorismo" en la base bibliográfica PubMed (NLM) desde enero de 1999 a febrero de 2003.

Resultados y conclusiones: Se encontraron 1219 contribuciones relativas a Bioterrorismo (24 publicaciones mensuales). Las revistas de mayor peso científico en cuanto a "factor de impacto" y dedicadas preferentemente a publicaciones de carácter básico fueron las que agruparon mayor número de artículos sobre bioterrorismo (Science 17%; Nature 10,5 %). Los EEUU asumieron el mayor protagonismo en este tipo de publicaciones con un 78,1 %. Continuando con el análisis vemos que los 1219 artículos publicados se dividen en un 0,2% en 1999, un 2,2% en 2000, un 34,7% en 2001 y un 62,9% en 2002, lo que supone un claro incremento exponencial. El imparable incremento de publicaciones relativas a bioterrorismo en revistas de gran impacto fundamentalmente en los EEUU culminó con la formalización por el Gobierno de este país de la disciplina de "Microbiología forense" y la creación del "laboratorio nacional bioforense" en el 2003. Laboratorio encaminado a la creación y promulgación de guías de actuación y calidad consensuadas (Science 26 de Septiembre de 2003 - Vol 301). La medicina legal y forense abarca una gran cantidad de conocimientos científicos y en muchas ocasiones debe nutrirse de otras disciplinas, pudiendo aparecer nuevos campos científicos con gran interés y repercusión dentro de la sociedad científica y de la opinión pública. Así ocurrió hace años con la Genética forense, que hoy en día es base para la resolución de miles de casos judiciales. Recientemente se ha creado una nueva disciplina situada entre estas dos y la Microbiología: La Microbiología forense.