

## Sesión 6 Brotos o epidemias

### 075

#### BROTE DE TOXI-INFECCIÓN ALIMENTARIA POR *ESTREPTOCOCCO* GRUPO A

R. Bartolomé<sup>1</sup>, M.R. Sala<sup>2</sup>, B. Mirelis<sup>3</sup>, J.J. González-Lopez<sup>1</sup>, A. Rivera<sup>3</sup>, C. Arias<sup>2</sup>, N. Larrosa<sup>1</sup>, A. Domínguez<sup>4</sup> y G. Prats<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Vall d'Hebron, <sup>2</sup>Unidad de Vigilancia Epidemiológica Región Centro de Barcelona, <sup>3</sup>Servicio Microbiología Hospital Santa Creu i Sant Pau, <sup>4</sup>Dirección General de Salud Pública, Departamento de Salud, Generalitat de Cataluña. Barcelona.

**Objetivo:** Describir un brote de faringitis por estreptococo del grupo A (SGA) vehiculado por alimentos ocurrido en Julio de 2005 en Vilanova de Sau (Barcelona) en un grupo de niños.

**Métodos:** La recogida de datos clínico-epidemiológicos se realizó mediante un estudio observacional longitudinal prospectivo, definiéndose los casos probables y confirmados. Las muestras (16 frotis faríngeos, 2 exudados nasales y 1 exudado de la cavidad oral) se sembraron en agar sangre con ácido nalidíxico. Las colonias beta hemolíticas se identificaron mediante tinción de Gram, sensibilidad a la bacitracina y coagulación (Phadebact, Pharmacia Diagnostics). Se determinó el tipo *emm* por PCR y secuenciación y el patrón de toxinas mediante la detección por PCR de los genes *speA*, *speC*, *speH*, *speI*, *speJ*, *speL*, *speM* y *ssa*. Para confirmar el carácter clonal de las cepas se realizó una electroforesis en campo pulsado de los fragmentos de restricción obtenidos con *SmaI*. Se estudió la sensibilidad a 16 antibióticos.

**Resultados:** El grupo estaba formado por 64 niños, 10 monitores y 2 cocineros. Se detectaron 36 casos de los cuales 16 se confirmaron microbiológicamente. La tasa global de ataque fue del 47%. El caso índice (cocinera) inició síntomas de resfriado común y faringitis el día 1 de julio y el 6 se le aisló SGA de un exudado faríngeo y nasal. El 83% de los casos aparecieron los días 4 y 5. Todas las comidas fueron comunes excepto la del día 3. Este día la cocinera preparó bocadillos, que se conservaron a Tª ambiente y se consumieron, 4 horas después. El haber consumido estos bocadillos fue un factor asociado al riesgo de enfermar (RR = 1,7; 95% 0,9-3,2). El 72% de los pacientes tenían entre 10-19 años. El período de incubación fue de 34 horas de mediana (r = 24-48 h) y los síntomas más frecuentes: odinofagia (97%), fiebre (94%), cefalea (81%) y malestar general (50%). Todas las cepas pertenecieron al subtipo *emm* 22.0, poseían el gen *ssa* y presentaron el mismo patrón de restricción y perfil de sensibilidad antimicrobiana.

**Conclusiones:** La presentación súbita de los casos y el consumo de un alimento común, sugieren que el origen del brote sean los bocadillos contaminados por la cocinera durante su elaboración. Los brotes por SGA vehiculados por alimentos son poco frecuentes, pero pueden ocurrir cuando las conductas higiénicas de los manipuladores de alimentos no son las adecuadas

### 076

#### LOS FALLOS VACUNALES POR *HAEMOPHILUS INFLUENZAE* SEROGRUPO B EN NIÑOS SE DEBEN A CLONES CIRCULANTES EN ÉPOCA PRE-VACUNAL

B. Aracil, M. Slack, F. Román, M. Pérez Vázquez, M. Ramsay, S. García-Cobos y J. Campos

Laboratorio de Antibióticos. Centro Nacional de Microbiología. Instituto de Salud Carlos III.

**Introducción:** Antes de la introducción de la vacuna conjugada, *H. influenzae* serotipo b (Hib) era una de las causas principales de meningitis y septicemia en niños en todo el mundo. En el Reino Unido (RU), en la época prevacunal, la incidencia de enfermedad invasiva por Hib era de 30/100.000 en niños < de 5 años que descendió a 0,66 en 1998 después de la vacunación generalizada para subir de nuevo hasta 2,96 en 2001 debido a un rápido aumento en el número de casos de fallo vacunal. El objetivo del estudio fue analizar la epidemiología molecular de las cepas de Hib productoras de fallo vacunal en el RU en comparación con controles de Hib procedentes de enfermos no vacunados de épocas pre y posvacunales.

**Material y métodos:** Se seleccionó una muestra de 376 cepas de Hib, 164 procedentes de casos de fallos vacunales y 212 de controles no vacunados (39 de adultos y 173 de niños; 144 de ellas de época pre-vacunal). El estudio comparativo de la epidemiología molecular de todas las cepas se realizó mediante electroforesis del ADN total digerido por la enzima *SmaI* según la técnica de PFGE.

**Resultados:** Se obtuvieron 77 patrones de PFGE. Los "clusters" principales fueron cuatro: Tipo I, con 14 subtipos formado por 156 casos de fallo vacunal (95%) y 195 controles (91%), Tipo II, con 4 subtipos formado por 4 casos y 12 controles; Tipo III formado por 7 cepas de Hib, todas ellas del grupo control y el Tipo IV formado por 4 cepas de Hib causantes de fallo vacunal. La variabilidad genética, según el índice de Simpson, fue mayor en las cepas del grupo control que en las causantes de fallos vacunales, sobre todo como consecuencia de la mayor variabilidad genética en las cepas de Hib procedentes de controles de adultos.

**Conclusiones:** 1) La población de Hib en el RU, tanto en época pre como posvacunal muestra una estructura poblacional muy conservada y cercana a la clonalidad. 2) Las cepas de Hib causantes del brote de fallos vacunales en los últimos años en el RU pertenecen al clon mayoritario circulante en este país y, por tanto, no se deben a la aparición de nuevos clones capaces de eludir la acción de la vacuna conjugada. 3) Estos datos sugieren que los fallos vacunales se deben esencialmente a factores dependientes de la inmunidad del huésped, al tipo de vacuna conjugada utilizada y a la administración, o no, de dosis de recuerdo en el 2º año de vida.

### 077

#### CLONES EPIDÉMICOS DOMINANTES DE *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* METICILINA RESISTENTES (SAMR) EN UN HOSPITAL DE PONTEVEDRA EN UN PERÍODO DE NUEVE AÑOS (1997-2005)

C. Potel<sup>1</sup>, P. Álvarez<sup>2</sup>, M. Álvarez<sup>1</sup>, I. Otero<sup>1</sup>, M. Hernández<sup>2</sup>, M.G. Campello<sup>2</sup>, I. Iglesias<sup>1</sup>, M. Pulian<sup>2</sup> y M.A. Pascual<sup>2</sup>  
Servicio de Microbiología del <sup>1</sup>Hospital Xeral, C.H.U. de Vigo y del <sup>2</sup>C.H. de Pontevedra.

**Objetivos:** Identificar los clones epidémicos de SAMR en un hospital de Pontevedra y determinar la variación en su prevalencia durante nueve años.

**Materiales y métodos:** Se estudiaron 134 SAMR (1 aislamiento por paciente) recogidos entre los años 1997 y 2005. Los porcentajes de SAMR del total de *S. aureus* aislados en un año se mantuvo entre 7% (2000) y 22,3% (2005). Para su caracterización se emplearon el patrón de resistencia a seis antimicrobianos (gentamicina, tobramicina, clindamicina,

eritromicina, ciprofloxacino, trimetoprima-sulfometoxazol), PCR del gen de la coagulasa y digestión con *CfoI* (RFLP). Para identificar los clones epidémicos con los clones internacionales se seleccionaron 4 cepas por clon y se emplearon los siguientes métodos: secuenciación del gen *spaA*, multilocus sequence typing (MLST), y determinación mediante PCR del tipo staphylococcal cassette chromosome *mec* (SCC*mec*).

**Resultados:** Mediante el patrón de resistencia a antimicrobianos y RFLP se definieron dos clones epidémicos, el clon A con 49 aislamientos (36,6%) y el clon B con 65 aislamientos (48,5%), los restantes 20 SAMR se clasificaron como clones esporádicos (14,9%). Todas las cepas pertenecientes al clon A fueron resistentes a los seis antimicrobianos y todos los aislamientos del clon B fueron resistentes a tobramicina, clindamicina, eritromicina y ciprofloxacino, siendo sensibles a gentamicina y trimetoprima-sulfometoxazol. El clon A pertenece al tipo *spaA* t037, ST239, SCC IIIA, y es conocido como clon brasileño. El clon B pertenece al t018, ST36, SCC II, y es denominado clon epidémico Británico-16 (EMRSA-16). Desde 1997 hasta 2000 el clon brasileño es el único clon epidémico aislado, representando el 64,6% de los aislamientos. En el año 2001 el clon EMRSA-16 desplaza rápidamente al clon brasileño. Entre 2001 y 2005 la prevalencia del clon brasileño disminuye al 4,7%, y la del clon EMRSA-16 es del 83,3%.

**Conclusiones:** En nuestro medio el patrón de resistencia a los seis antimicrobianos estudiados es un método estable y consistente para la definición de un tipo clonal. Las poblaciones de SAMR son dinámicas aconteciendo sustituciones de clones pandémicos por otros, igualmente pandémicos, probablemente mejor adaptados al medio. Esto demuestra la necesidad de realizar estudios epidemiológicos continuados ya que los clones dominantes pueden cambiar rápidamente.

## 078

### BROTE DE INFECCIÓN ALIMENTARIA POR *SALMONELLA* SEROTIPO MBANDAKA

J.B. Bellido<sup>1</sup>, M. Gil<sup>2</sup>, M.D. Tirado<sup>2</sup>, R. Gascó<sup>3</sup>, A. Fenosa<sup>1</sup> y A. Arnedo<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Sección de Epidemiología, Centro de Salud Pública Castellón.

<sup>2</sup>Sección de Microbiología, Hospital General Castellón. <sup>3</sup>Servicios Veterinarios Oficiales, Centro de Salud Pública Castellón.

**Objetivo:** *Salmonella* serotipo Mbandaka supone menos del 1% de las cepas de *Salmonella* de origen humano aisladas en España. Describimos un brote de infección alimentaria por *S. Mbandaka* ocurrido en Alcora (Castellón).

**Material y métodos:** El aislamiento de *Salmonella* serogrupo C en las heces de 5 pacientes de Alcora en 3 días consecutivos hizo que el laboratorio de Microbiología se pusiera en contacto con la Sección de Epidemiología. Con el fin de determinar la posible relación entre los pacientes y el origen de la infección se inició un estudio de casos y controles. Se realizó un cuestionario que recogía datos referentes al cuadro clínico, duración de la enfermedad, evolución, visitas a bares y otros establecimientos de restauración, y alimentos consumidos en los 3 días previos al inicio de los síntomas. Los cálculos estadísticos (odds ratio y test de significación estadística) fueron realizados con el programa LogXact. Las muestras de heces de los pacientes se analizaron en el laboratorio de Microbiología del Hospital General de Castellón y las de manipuladores de alimentos en el Centro de Salud Pública. Las cepas de *S. serogrupo C* que se aislaron fueron remitidas al Instituto de Salud Carlos III para su serotipificación.

**Resultados:** Se incluyeron en el estudio 13 casos, 5 de los cuales se confirmaron microbiológicamente, y 16 controles. El 100% de los pacientes tuvieron diarrea, 69% fiebre y 61% náuseas y vómitos. La media de duración de la enfermedad fue 4 días y todos los pacientes evolucionaron hacia la curación. De 5 establecimientos que se mencionaron en las encuestas sólo un bar se asoció con el brote ( $p < 0,001$ ). A partir de este dato se identificó el alimento sospechoso: caracoles en salsa. En las 2 manipuladoras de alimentos del estableci-

miento se aisló *S. serogrupo C*. Ambas habían consumido caracoles, una de ellas fue asintomática. El Instituto de Salud Carlos III informó que las cepas eran del serotipo Mbandaka. **Conclusiones:** Se produjo un brote ocasionado por *S. Mbandaka* en una pequeña localidad, sus rasgos clínicos y epidemiológicos fueron semejantes a los de otros brotes por *Salmonella*. Este es el primer brote por *S. Mbandaka* comunicado en nuestro país. Destacamos la importancia de la notificación del microbiólogo en la detección de brotes.

## 079

### BROTE DE PARVOVIRUS B-19 EN BARCELONA

T. Tòrtola, E. Caballero, G. Codina, I. Calicó, R. Fernández y C. Juste

Servicio de Microbiología, HUVH, Barcelona.

**Introducción:** El Parvovirus B-19 es descubierto por Cosart en 1974, en 1981 Pattison lo asocia a la crisis de anemia aplásica transitoria y en 1985 Anderson demuestra que es el agente etiológico del eritema infeccioso. Perteneció a la familia *Parvoviridae* y es muy resistente al calor y solventes lipídicos. Es de distribución mundial y se presenta en forma esporádica o epidémica cada 4-5 años. Solo el 35% de los casos demostrados serológicamente presenta síntomas.

**Objetivo:** Describir un brote epidémico detectado en Barcelona durante 2005.

**Material y métodos:** Se analizaron estadísticamente los casos de IgM positiva sobre el total de efectuados durante 2001, 2002, 2003, 2004 y 2005. Las variables categóricas fueron comparadas utilizando el Test de ji-cuadrado. Un valor  $p < 0,05$  fue considerado significativo. Para la determinación de IgM se utilizó el kit de Parvovirus B-19 EIA (BIOTRIN international LTD. Ireland). En algunos de los sueros con IgM positiva se efectuó detección del DNA del virus mediante técnica de PCR en tiempo real usando sonda fluorescente tipo TaqMan marcada con el fluoróforo FAM. Se estudió también la incidencia estacional y la incidencia por edades. El grupo de pacientes evaluados estaban ingresados o al menos requirieron consulta en Urgencias.

**Resultados:** Durante los 5 años el nº de positivos sobre el total fue: 2001 (16/496) 2002 (10/503) 2003 (31/562) 2004 (27/552) 2005 (59/651). La proporción de IgM positiva del año 2005 fue significativamente superior a la del resto de años ( $p < 0,05$ ) lo que sugiere la existencia de un brote en dicho año. El inicio del brote se fija en marzo de 2005 cuando se detectan 6 IgM positivas (no se había detectado ninguna desde diciembre de 2004), el pico máximo corresponde a junio con 16 IgM positivas y va declinando paulatinamente detectándose 4 IgM positivas en diciembre de 2005. De las 59 IgM positivas 33 correspondían a adultos y 26 a niños. Un caso se detectó en una gestante cuyo recién nacido presentó ascitis fetal y dos casos correspondían a un trasplante hepático y otro pulmonar. En cuanto a sexo, 21 eran varones y 38 mujeres. De los 59 sueros con IgM positiva se efectuó el estudio del DNA del virus en 23 muestras, siendo todas ellas positivas.

**Conclusiones:** Se evidencia la aparición de un brote epidémico de Parvovirus B-19 durante el año 2005. La incidencia es mayor en adultos del sexo femenino y el DNA del virus se detectó en muestras de suero.

## 080

### BROTE DE ESCABIOSIS EN UN HOSPITAL DE SEGUNDO NIVEL

E. Chamarro<sup>1</sup>, M.F. Domenech<sup>2</sup>, C. Gombau<sup>2</sup>, M. Castellà<sup>3</sup>, A. Pumares<sup>4</sup> y A. Ortí<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Servicio de Medicina Interna, <sup>2</sup>Servicio de Medicina Preventiva,

<sup>3</sup>Servicio Riesgos Laborables, <sup>4</sup>Unidad de Vigilancia Epidemiológica. Hospital Verge de la Cinta. Tortosa.

**Introducción:** La escabiosis o sarna es una infestación por el ácaro *Sarcoptes scabiei*. Se trata de una ectoparasitosis re-

lativamente frecuente que se contagia por contacto directo de piel con piel y, a veces, a través de fómites. Presenta un periodo de incubación entre 3 días y 2 meses y puede sobrevivir 2 días fuera de un huésped humano.

**Material y métodos:** *Diseño de estudio:* Estudio descriptivo longitudinal prospectivo. *Sujetos de estudio:* A partir de un caso índice se llevó a cabo una investigación epidemiológica realizando una búsqueda activa de posibles casos entre todos los pacientes hospitalizados, familiares y personal sanitario que hubiese tenido contacto directo o indirecto con el caso índice. Se consideró caso a personas con lesiones cutáneas y prurito de predominio nocturno. *Periodo de estudio:* 15 de marzo 2005 hasta 15 Julio 2005. *Ámbito de estudio:* Hospital de 250 camas, nivel II con una población de 135.000 habitantes.

**Resultados:** Desde el ingreso del caso índice hasta su aislamiento, 6 días después en una unidad de hospitalización se identifican en total 12 casos secundarios de los cuales 3 eran familiares del caso índice, un paciente hospitalizado, y 7 trabajadores sanitarios de los cuales 4 pertenecían al Servicio de Urgencias donde la paciente había permanecido ingresada 9 horas (tasa de ataque del 50%) El caso índice se trata de una mujer de 80 años procedente de una casa de acogida, con deterioro cognitivo significativo, con lesiones cutáneas de raspado generalizado, posteriormente fue confirmado el diagnóstico de sospecha por el dermatólogo como sarna noruega. El segundo paciente hospitalizado afectado se diagnosticó 2 meses después del caso índice, en otra unidad de hospitalización, y se trataba de un paciente con nexo temporo-espacial con caso índice en ingreso anterior. Tanto el personal sanitario como los familiares fueron tratados con crema de permethrina tópica 5% y champú, con buena evolución clínica.

**Conclusiones:** El retraso del diagnóstico y el bajo cumplimiento de las precauciones estándar fue la principal causa del brote epidémico. Destacamos una tasa de ataque alta entre el personal sanitario. En cuanto a las infecciones a los pacientes, teniendo en cuenta que el periodo de incubación de la sarna es de 1 a 8 semanas y que la estancia media en nuestro centro es de 5,9 días es difícil cuantificar el número de personas expuestas afectadas

081

#### BROTE DE INFECCIÓN NOSOCOMIAL POR *BURKHOLDERIA CEPACIA* ASOCIADO A UN COLUTORIO BUCAL EN LA UNIDAD DE CUIDADOS INTENSIVOS (UCI)

A. Hernández\*, J. Molina\*\*, M. Bolaños\*, I. de Miguel\*, C. del Rosario\*, F. Cañas\*, D. Álvarez\*\*\*, J.A. Sáez-Nieto\*\*\* y A.M. Martín-Sánchez\*

*Servicio de Microbiología\* y Servicio de Medicina Preventiva\*\*, Hospital Universitario Insular de Gran Canaria. Servicio de Bacteriología, Instituto de Salud Carlos III\*\*\*.*

**Introducción:** *Burkholderia cepacia* se ha implicado en brotes de infección nosocomial debido a la contaminación de dispositivos, medicación, soluciones antisépticas y de otras fuentes ambientales.

**Objetivos:** Análisis de un brote de infección nosocomial en pacientes intubados y con ventilación mecánica ingresados en la UCI.

**Material y métodos:** Durante el mes de Julio de 2005 se observó un aumento inhabitual de los aislados de *B. cepacia* en las muestras de pacientes ingresados en la UCI. Con estos datos y pensando en un posible origen ambiental de la infección, se contactó con Medicina Preventiva. Como parte de la investigación epidemiológica se recogieron muestras medioambientales y se revisaron los esquemas de trabajo del personal sanitario, instaurándose las medidas de aislamiento de contacto en todos los pacientes con aislamientos de *B. cepacia*. La identificación y susceptibilidad de las cepas aisladas se realizó con el panel 6W de WIDER® (Soria Melguizo), y se confirmó mediante API 20NE® (BioMérieux) y el

método disco-placa de Kirby-Bauer. Las cepas fueron enviadas al Centro de Referencia de Majadahonda para la tipificación molecular por RFLP.

**Resultados:** El período epidémico se define entre el 31 de Julio de 2004 y 22 de Julio de 2005. En 35 pacientes adultos se aisló *B. cepacia* de muestras respiratorias. La edad media de los pacientes era de 49,9 años (16-77) y el 57% eran hombres. Ninguno de ellos tenía factores de riesgo asociados a la infección por *B. cepacia*. Todos los pacientes tenían en común el estar con ventilación mecánica y recibir enjuagues con un colutorio libre de alcohol de Hexetidina al 0,1%. Once de estos pacientes fallecieron. Respecto al cultivo de las muestras ambientales, solamente al cultivar un frasco de 15 ml de un colutorio se aislaron más de 1.000 UFC/ml de *B. cepacia*. Se procedió al cultivo de dicho colutorio procedente de distintos lotes, y los distribuidos entre Abril y Julio de 2005 estaban altamente contaminados. Se enviaron al centro de referencia 11 cepas, 5 de pacientes y 6 de colutorios. La tipificación molecular de todas las cepas mediante PFGE y utilizando el enzima de restricción *XbaI* fue idéntica. El brote se resolvió con la retirada del colutorio.

**Conclusiones:** Nuestros hallazgos sugieren que el origen del brote fue el colutorio bucal libre de alcohol y contaminado intrínsecamente con *B. cepacia*.

082

#### CEPAS INVASIVAS Y NO INVASIVAS DE *STREPTOCOCCUS PYOGENES* AISLADAS EN ESPAÑA (1994-2005). MARCADORES FENOTÍPICOS Y MOLECULARES Y SUSCEPTIBILIDAD FRENTE A 14 ANTIMICROBIANOS

J.A. Sáez-Nieto, D. Álvarez, V. Rubio, S. Valdezate y A. Vindel  
*Servicio de Bacteriología. Centro Nacional de Microbiología. Instituto de Salud Carlos III. Majadahonda, Madrid.*

**Introducción:** Las infecciones invasivas producidas por *S. pyogenes* han sufrido un paulatino aumento en los últimos años en España y los países de nuestro entorno, así mismo las tasas de resistencia macrólidos. Se desconocen los tipos *emm* y T circulantes a nivel global, así como su presencia en los cuadros clínicos producidos.

**Objetivos:** Análisis en una muestra amplia de cepas de *S. pyogenes*, aisladas de cuadros invasivos, no invasivos y portadores asintomáticos.

**Material y métodos:** Se estudiaron 708 cepas de *S. pyogenes* remitidas al Laboratorio de Referencia, procedentes de 63 laboratorios de todas las comunidades. Se estudiaron: genes *emm* (proteína M), tipos T, perfiles electroforéticos en campo pulsado (CP) y susceptibilidad a 14 antibióticos.

**Resultados:** Las cepas estudiadas mostraron 40 tipos (*emm* y T), siendo los más frecuentes: *emm* 4T4 (14,3%), *emm* 1T1 (14,1%), *emm* 28T28 (10,3%), *emm* 6T6 (8,0%) y *emm* 12T12 (7,8%). En una estructura básicamente clonal, se encontraron 75 perfiles de CP, siendo los más frecuentes; P20, P15, P1, P13, P19 y P5a. Las cepas fueron sensibles a la mayoría de los antimicrobianos estudiados, detectándose sólo resistencias a macrólidos (37%) y a tetraciclina (7%). Se encontraron 3 cepas resistentes a rifampicina, dos de ellas de un brote familiar y otra aislada de conjuntivitis. Aunque todos los tipos identificados se aislaron en la mayoría de los cuadros clínicos, algunos tipos se asociaron a determinados cuadros: celulitis (60% *emm* 28T28 50% *emm* 77T28; 84% de *emm* 2T2); escarlatina (51% *emm* 4T4); cuadros graves (fascitis y shock), predominio claro del tipo *emm* 1T1. Se detectaron resistencias a macrólidos en cepas de 25 tipos (*emm*, T), existiendo algunos clones especialmente asociados a la resistencia: *emm* 4T4 (100%), *emm* 75T25 (100%). Mientras que el 94% de las cepas *emm* 77T28 fueron resistentes a tetraciclina.

**Conclusiones:** La distribución de la población de *S. pyogenes* que produce desde cuadros graves a portadores asintomáticos, es esencialmente clonal, aunque existe una notable

diversidad de las cepas circulantes. Existe una clara asociación entre algunos *emm*-tipos y el cuadro clínico o con la resistencia a antimicrobianos.

## 083

### BROTE DE NEUMONÍA EN ADULTOS Y VIRUS PARAINFLUENZA

L. Villa Bajo<sup>1</sup>, P. Mejuto López<sup>1</sup>, J.A. Boga Riveiro<sup>1</sup>, P. Alonso Vigil<sup>2</sup>, N. Méndez Menendez<sup>2</sup> y M. de Oña Navarro<sup>1</sup>  
Sección de Virología<sup>1</sup> (Microbiología) del HUCA, Oviedo. Servicio de Vigilancia Epidemiológica<sup>2</sup>.

**Introducción:** La neumonía adquirida en la comunidad es la infección comunitaria más prevalente. Trabajos recientes sugieren que los virus están infradiagnosticados y que pueden ser responsables de una parte considerable de estas.

**Objetivos:** Estudio de los virus implicados en un brote de neumonía adquirida en la comunidad.

**Material y métodos:** En el mes de noviembre del año 2005, tuvo lugar en un centro residencial de personas discapacitadas un brote de neumonía. Se recogieron un total de 47 exudados faríngeos pertenecientes a 47 internos del centro, con una edad media de 30 ± 9,5 (rango 8 a 51 años) y diagnóstico de neumonía. Las muestras fueron procesadas 48 horas después de su recogida para detección de antígeno viral de virus respiratorios (Influenza A y B -IA e IB-, Virus respiratorio sincitial -VRS-, Adenovirus, Parainfluenza y Metapneumovirus) y preparadas para inocular en cultivo rápido ("shell-vial") con una mezcla de células MDCK y LLC-MK2) y convencional en las líneas celulares MDCK, LLC-MK2 y MRC-5, según protocolos establecidos. También se llevó a cabo una detección genómica para la cual, la extracción del genoma se realizó mediante una técnica automatizada en el analizador COBAS Ampliprep (Roche, USA). Se llevó a cabo una RT-PCR múltiple para IA/IB/IC/VRSA/VRSA, (según protocolo del IS Carlos III), otra para Metapneumovirus/Coronavirus y otra Parainfluenza 1/3 con posterior tipación, según protocolo de nuestro laboratorio.

**Resultados:** De los 47 pacientes se detectó un virus respiratorio en 16 (34%), de los cuales 12 (25,5%) eran Parainfluenza tipo 1 y 4 (8,5%) Coronavirus. La inmunofluorescencia directa sobre la muestra, al igual que el aislamiento de los virus en los distintos tipos de cultivo (convencional y en "shell-vial") fueron negativos.

**Conclusiones:** A pesar de que los virus Parainfluenza históricamente son responsables de patologías respiratorias en niños pequeños, causando infección leve en adultos, se comprueba que en éstos últimos también pueden producir cuadros de infección respiratoria de vías bajas. Los virus Parainfluenza son muy lábiles, por lo que si la muestra no se procesa rápidamente su diagnóstico con técnicas biológicas resultan poco sensible y por lo tanto se deberían complementar con técnicas moleculares.

## 084

### INFECCIONES POR ENTEROBACTERIAS CON METALO-BETA-LACTAMASAS (MBL) EN EL HOSPITAL RAMÓN Y CAJAL: ESTUDIO CLÍNICO Y EPIDEMIOLÓGICO

V. Pintado<sup>1</sup>, F. Grill<sup>1</sup>, J. Cobo<sup>1</sup>, M. Tato<sup>2</sup>, P. Ruiz-Garbayosa<sup>2</sup>, M.I. Morosini<sup>2</sup>, P. Martín-Dávila<sup>1</sup>, J. Fortún<sup>2</sup> y S. Moreno<sup>2</sup>  
Servicios de Enfermedades Infecciosas<sup>1</sup> y Microbiología<sup>2</sup>. Hospital Ramón y Cajal. Madrid.

**Introducción:** Las infecciones por enterobacterias con MBL son excepcionales en nuestro medio. Se describen las características epidemiológicas, clínicas y evolutivas de un brote nosocomial en un hospital terciario.

**Métodos:** Estudio de 16 casos de infección/colonización por enterobacterias (*Klebsiella pneumoniae* y *Enterobacter clo-*

*cae*) con MBL en un periodo de 11 meses (marzo-05 a enero-06). La caracterización de cepas se realizó por IEF, PCR y secuenciación y la clonalidad de los aislados por PFGE. La producción de MLB se comprobó por la prueba de aproximación de discos (EDTA, imipenem y ceftazidima). Se estudiaron los factores de riesgo para la infección, localización, gravedad y evolución.

**Resultados:** Se detectaron enterobacterias con MBL en 16 pacientes, 10 varones (14 adultos) con edad media de 57 años (1-90); 19 eran nosocomiales y la mayoría aparecieron en UCIs. La duración mediana del ingreso antes de la infección fue de 30 días (9-199). Casi todos los casos tenían factores de riesgo para infección nosocomial: catéter venoso central (94%), antibioterapia (87%), sonda urinaria (87%), cirugía (44%), NPT (44%) o intubación (31%). En 7 casos se aisló *K. pneumoniae* perteneciente a un mismo clon, en 7 *E. cloacae* (3 clones), en 1 ambas bacterias y en 1 *K. oxytoca*. Todas las cepas de *K. pneumoniae* fueron resistentes a aminoglucósidos y tenían sensibilidad disminuida a ciprofloxacina, mientras que las de *E. cloacae* fueron sensibles a gentamicina y amikacina, mostraban sensibilidad disminuida a tobramicina y variable a ciprofloxacina; todas eran sensibles a colistina. 14 pacientes presentaron infección y 2 colonización (respiratoria/urinaria). Las principales infecciones fueron: bacteriemia primaria (37%), urinaria (14%), herida quirúrgica (14%), catéter (14%), respiratoria (7%) y endocarditis (7%). Una paciente presentó 2 infecciones consecutivas (urinaria por *E. cloacae* y de catéter por *K. pneumoniae*). La mayoría de infecciones era grave (SIRS/sepsis: 43%, FMO: 28%, bacteriemia: 64%). De 14 pacientes infectados, 11 recibieron tratamiento con diversas combinaciones de colistina (7), ciprofloxacina (5), aminoglucósidos (3), beta-lactámicos (3) y tige-ciclina (1) por un periodo mediano de 12 días (2-54). La mortalidad global fue de 44% (7/16) y se relacionó directamente con la infección en 28,5% (4/14).

**Conclusiones:** Las enterobacterias productoras de MBL son causa de graves infecciones nosocomiales asociadas a una alta mortalidad. La multiresistencia supone una gran limitación para el tratamiento de estas infecciones siendo las pautas de combinación de colistina, quinolonas y aminoglucósidos las únicas alternativas terapéuticas.

## 085

### IDENTIFICACIÓN DE CLONES DE BRUCELLA MELITENSIS IMPLICADOS EN BROTES HUMANOS MEDIANTE LA APLICACIÓN DE SECUENCIAS REPETIDAS EN TÁNDEM

S. Valdezate<sup>1</sup>, P. Hernández<sup>2</sup>, A. Navarro<sup>1</sup>, V. Rubio<sup>1</sup> y J.A. Sáez-Nieto<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Servicio de Bacteriología. Centro Nacional de Microbiología. Instituto de Salud Carlos III, <sup>2</sup>Servicio de Microbiología. Hospital San Pedro Alcántara. Cáceres.

**Introducción:** La brucelosis constituye la principal zoonosis existente en nuestro país, localizándose en Extremadura el 18,15% de los 595 casos de brucelosis humana de 2004. La alta homogeneidad genética de esta especie, ha dificultado su tipificación.

**Objetivos:** Analizar la aplicación de la aparición variable de secuencias repetidas en tándem (VNTR) en cepas de *B. melitensis* responsables de brucelosis humana como técnica de tipificación, así como la relación filogenética de los clones responsables de brotes y de casos esporádicos.

**Material y métodos:** Se estudiaron 56 cepas de *Brucella* sp. seleccionadas en dos grupos: 1) Grupo Control ( $n = 24$ ), constituido por 4 cepas control (*B. abortus*, *B. melitensis*, *B. ovis* y *B. suis*) y por 20 cepas de *B. melitensis* procedentes de 17 provincias y aisladas en el período 1997-2005; 2) Grupo Cáceres ( $n = 32$ ), integrado principalmente (29/32) por cepas de *B. melitensis* aisladas de Coria (Cáceres) durante el año 2004. La identificación de especie se realizó por AMOS-PCR y la caracterización genética mediante la detección de los VNTRs presentes en

8 loci (HOOF-prints, Hipervariable Octameric Oligonucleotide Finger-Prints) y por RAPD-PCR (primers FK3-4).

**Resultados:** La aplicación de HOOF-prints, RAPD-FK3 y RAPD-FK4, permitió la detección en el grupo control de 24 HOOF-tipos, 16 FK3- y 8 FK4-perfiles (DI = 1, 0,95, 0,87). En el grupo Cáceres, estas técnicas identificaron 16 HOOF-tipos, 18 FK3- y 7 FK4-perfiles (DI = 0,89, 0,88, 0,69), respectivamente. En el grupo control, los loci 1,5, 4 y 7, presentaron una mayor capacidad discriminativa (DI > 0,78) y un rango de alelos entre 1-16. En el grupo Cáceres, se detectó por HOOF-prints, la presencia del clon mayoritario 9,4,1,6,6,5,4,3 (no de repeticiones en cada locus) como responsable de 10 casos, y de 3 y 2 SLVs y DLVs clones relacionados (single-, double locus variants) responsables de 9 casos. En el análisis filogenético global de los HOOF-tipos (Bionumerics, UPGMA, opción categórica), los valores de similitud genética para cepas *B. melitensis* oscilaron entre un 20-100%.

**Conclusiones:** La técnica de HOOF-prints en *B. melitensis*, proporciona el polimorfismo necesario para convertirse en un método de tipificación adecuado con alta capacidad de discriminación, de detección de clones responsables de brotes, e intercambio de datos entre diferentes laboratorios.

## 086

### BROTE NOSOCOMIAL POR *ACHROMOBACTER XYLOSOXIDANS* EN UNA UNIDAD DE NEONATOLOGÍA

J. Molina-Cabrillana<sup>1</sup>, C. Santana Reyes<sup>2</sup>, A. González García<sup>3</sup> y J.R. Hernández-Vera<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Servicio de Medicina Preventiva. Hospital Materno-Infantil. Las Palmas, <sup>2</sup>Unidad de Neonatología. Hospital Materno-Infantil. Las Palmas, <sup>3</sup>Servicio de Microbiología. Hospital Dr. Negrín Las Palmas.

**Objetivo:** Entre enero de 2004 y Junio de 2005 se detectaron 52 neonatos con colonizaciones y/o infecciones por *A. xylosoxidans* en el Hospital Materno-Infantil de las Palmas. Se pretende describir nuestra experiencia en el manejo de este brote.

**Métodos:** Estudio epidemiológico: revisión de registros e inicio de medidas de aislamiento y reforzamiento de procedimientos de limpieza, desinfección y lavado de manos del personal. Se definió caso como la presencia de uno o más cultivos positivos para *Achromobacter xylosoxidans* (todos los casos fueron considerados como nosocomiales). Estudios microbiológicos: se tomaron muestras medioambientales de antisépticos y contenedores de los mimos, agua, grifos y superficies de incubadoras. Se identificó *Achromobacter xylosoxidans* usando métodos microbiológicos estándar. Se midieron concentraciones mínimas inhibitorias. Algunas muestras positivas de pacientes se enviaron a Majadahonda para su caracterización mediante electroforesis en campo pulsado (PFGE).

**Resultados:** Se detectaron 52 neonatos con al menos un cultivo positivo, el 50% de los cuales pertenecían a la Unidad de cuidados intensivos. Los neonatos tenían entre 0 y 64 días (media  $\pm$  de: 16,7  $\pm$  16,3), y 29 (55,7%) eran niños. Las muestras positivas más frecuentes fueron sangre (57,7%), y catéteres (23,1%). La prematuridad fue el motivo de ingreso más frecuente (51,9%). El 83% de recibieron tratamiento empírico, la mayoría de los cuales no sensible según antibiograma. Todas las bacteriemias tuvieron hemocultivo de control negativo y no presentaron complicaciones posteriores. La tasa de mortalidad fue del 7,7%. Se comprobó que los recipientes para antisépticos que se usaban eran enjuagado con agua del grifo y reutilizados. Las muestras medioambientales mostraron crecimiento de *Achromobacter xylosoxidans* en los recipientes usados para la Clorhexidina Acuosa a una concentración de 0,5 g/100 ml. La PGFE puso de manifiesto que las muestras analizadas fueron eran idénticas. Tras estos resultados se desecharon los contenedores de antisépticos y fueron sustituido por otros desechables, tras lo cual desaparecieron los cultivos positivos.

**Conclusiones:** Este brote pone de manifiesto la importancia de la vigilancia e investigación de clústeres de casos inusuales para detectar precozmente brotes y proteger a la po-

blación, al mismo tiempo que refuerza el papel del microbiólogo en el control de brotes.

## 087

### UN BROTE EPIDÉMICO DE METALO-BETA-LACTAMASAS EN *ENTEROBACTERIACEAE* EN EL HOSPITAL UNIVERSITARIO RAMÓN Y CAJAL

M. Tato<sup>1</sup>, P. Ruíz-Garbajosa<sup>1</sup>, T.M. Coque<sup>1</sup>, F. Grill<sup>2</sup>, V. Pintado<sup>2</sup>, J. Cobo<sup>2</sup>, M. Martínez-Ferrer<sup>1</sup>, F. Baquero<sup>1</sup> y R. Cantón<sup>1</sup>

Servicios de Microbiología<sup>1</sup> y Enfermedades Infecciosas<sup>2</sup>. Hospital Universitario Ramón Cajal. Madrid.

**Introducción y objetivo:** La descripción de enterobacterias con metalo-beta-lactamasas (MBL) en España es por el momento infrecuente. Tenemos como objetivo el describir el primer brote epidémico por enterobacterias productoras de MBL en nuestro hospital.

**Material y métodos:** Entre marzo de 2005 y enero de 2006 se detectaron 16 pacientes infectados o colonizados por enterobacterias productoras de MBL. La caracterización de la MBL se realizó mediante IEF, PCR con cebadores específicos para *bla<sub>VIM</sub>* e integrones de clase 1 y posterior secuenciación. La clonalidad de los aislados se analizó mediante *Xba*I-PFGE. La colonización se investigó en agar MacConkey-ceftoxima (1 µg/ml), análisis fenotípico y caracterización de la MBL. La producción de MBL se comprobó mediante la prueba de aproximación de discos: EDTA-10 µL 0,5 M con imipenem y ceftazidima.

**Resultados:** En 7 pacientes se detectó colonización o infección por el mismo clon de MBL-*Klebsiella pneumoniae* (KPMBL-A); en otros 7, al menos 3 clones de MBL-*Enterobacter cloacae*; en un paciente una MBL-*Klebsiella oxytoca*; en otro, simultáneamente el clon KPMBL-A y un *E. cloacae* diferente a los clones anteriores. Los pacientes procedían de diferentes áreas (60% UCI, 20% cirugía y 20% médica). Todas las cepas presentaron PCR positiva para VIM e *int11*. El análisis molecular reveló la presencia del gen *bla<sub>VIM-1</sub>* en un integron de 4,0kb en el clon KPMBL-A y en otro de 2,5kb (*bla<sub>VIM-1</sub>-aacA4-aadA1*) en algunos de *E. cloacae*, siendo *bla<sub>VIM-1</sub>* el primer cassette en ambos elementos. Estos integrones fueron transferidos por conjugación en la mayoría de los casos. Todos los aislados de *K. pneumoniae* (una cepa por paciente) fueron resistentes a gentamicina, tobramicina, amikacina y mostraron sensibilidad disminuida a ciprofloxacina. Todas las cepas de *E. cloacae* fueron sensibles a gentamicina y amikacina, mostraron sensibilidad disminuida a tobramicina y variable a ciprofloxacina. Es de resaltar los diferentes valores de sensibilidad frente a imipenem y meropenem (rango CMI,  $\leq 1$  - > 8 µg/ml), incluso en aislados del mismo clon. En todos los casos se observó sinergia en la prueba de aproximación de discos.

**Conclusiones:** La diferente expresión de VIM-1 en distintas cepas dificultó su detección fenotípica. La multiresistencia de estos aislados y su asociación con integrones de clase 1 suponen una limitación terapéutica importante, y un elemento que favorece su diseminación.

## 088

### BROTE DE GASTROENTERITIS POR NORWALK EN UN CENTRO SOCIOSANITARIO

A. Pumares Pumares, M.F. Doménech Spaneda, C. Gombau Monteso, S. Minguell y E. Martínez Almazán

**Introducción:** Los brotes de gastroenteritis aguda de origen vírico actualmente son un problema de salud que más esta afectando a los residentes de los centros sociosanitarios.

**Objetivos:** Describir y analizar las posibles causas del brote gastroenteritis. Conocer el germen implicado y factores contribuyentes.

**Metodología:** Diseño de estudio: observacional, descriptivo. Periodo: noviembre a diciembre del 2004. Ámbito de estudio: Centro Sociosanitario: 355 residentes, 118 trabajadores sa-

nitarios. *Variables estudiadas:* sexo, edad, fecha de inicio de síntomas, cuadro clínico, residentes del centro, personal sanitario, puesto de trabajo, unidad de residencia y manipuladores de alimentos. *Definición de caso:* residente del centro o personal sanitario que presentara cuadro compatible con gastroenteritis dentro del periodo del brote.

**Resultados:** Total de expuestos 473 personas (355 residentes y 118 trabajadores), de los cuales 163 fueron los afectados (132 y 31 respectivamente), tasa de ataque global 34,4%: residentes 37,2% con un mayor número de casos en la unidad de residencia asistida y en personal sanitario 26,2%. El primer caso fue personal sanitario el 15/11, con máxima incidencia global el 26/11 y el último caso fue el 9/12. En residentes 64% mujeres, edad media 82,04 años (52- 97 años). En personal sanitario 74% mujeres, edad media 35 años (19-60 años). El cuadro clínico: diarrea 87,1%, vómitos 15,3%, fiebre 7,4% y dolor abdominal 45,4%. Duración media de síntomas 2,85 días (1-9 días). Se recogen 14 coprocultivos de manipuladores de alimentos los que fueron negativos y 30 de residentes con un 33,3% positivos a Virus Norwalk, no se pudieron recoger muestras de personal sanitario ya que no presentaban clínica en el momento de la declaración del brote.

**Conclusiones:** Brote de gastroenteritis por virus Norwalk ya que este germen ha sido aislado en 9 muestras de los afectados. El patrón de la curva epidémica y la agrupación de casos en los residentes y personal sanitario sugirieron una transmisión de persona a persona, descartando la exposición masiva a un alimento contaminado. Las medidas correctoras propuestas fueron establecer un programa de formación para un mayor cumplimiento de las precauciones estándar.