



Revista Peruana de Medicina Experimental y
Salud Pública
ISSN: 1726-4642
revmedex@ins.gob.pe
Instituto Nacional de Salud
Perú

Infecciones bacterianas

Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública, vol. 20, núm. 100, julio, 2003, p. 0
Instituto Nacional de Salud
Lima, Perú

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=36310002>

- ▶ Cómo citar el artículo
- ▶ Número completo
- ▶ Más información del artículo
- ▶ Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal
Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

**II Congreso Científico Internacional del
Instituto Nacional de Salud
Lima, 15 – 19 julio 2003**

ENFERMEDADES INFECCIOSAS

INFECCIONES BACTERIANAS

BARTONELA

INFLUENCIA DE FACTORES CLIMATOLÓGICOS Y FENÓMENO DE EL NIÑO (1997-1998) EN LA EPIDEMIOLOGÍA DE LA BARTONELOSIS EN CUSCO. PROPUESTA DE UN MODELO PREDICTIVO

Huarcaya E¹, Salmavides F¹, Chinga E¹, Maguiña C¹.

¹Instituto de Medicina Tropical “Alexander Von Humboldt”. Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

Objetivos: Evaluar la influencia de factores climatológicos en la evolución de bartonelosis en la provincia de Urubamba, departamento de Cusco, entre los años 1996 y 2001, proponiendo un modelo predictivo.

Materiales y métodos: Se diseñó un estudio ecológico tipo serie de tiempo, considerando casos confirmados de bartonelosis en Urubamba y Cusco (1998-2001), la población estimada (INEI), datos mensuales de temperatura (SENAMHI), y temperatura superficial del mar (TSM) del IMARPE. Se realizó la comparación de medias entre los períodos preñño, niño y postñño mediante ANOVA o Kruskal Wallis. Luego de la identificación del mejor parámetro climatológico, se realizó su normalización con respecto a la media y la desviación estándar de la variable en consideración, estudiando su correlación (prueba de Pearson).

Resultados: La media de la tasa de incidencia de bartonelosis y la TSM mostraron diferencias entre el período previo, durante y posterior al fenómeno de El Niño (Kruskal Wallis y ANOVA respectivamente, $p<0,001$). La TSM mostró un coeficiente de correlación de 0,517 ($p<0,05$) a nivel local y 0,596 ($p<0,05$) regionalmente; el análisis de series de tiempo mostró un retraso de 11 meses. Se propone un modelo matemático de la tasa de bartonelosis normalizada, respecto del tiempo, con un coeficiente de correlación (Pearson) de 0,8614.

Conclusiones: La TSM fue el parámetro que mejor correlacionó con la tasa de incidencia de bartonelosis en Urubamba y Cusco. Asimismo, el fenómeno de El Niño (1997-1998) influyó sobre la epidemiología de la bartonelosis en dichas zonas, proponiéndose un modelo matemático de la tasa de bartonelosis normalizada entre los años 1998 y 2001.

Palabras clave: Bartonelosis; Fenómeno de El Niño; Epidemiología; Cusco; Perú (fuente: BIREME)

INVESTIGACIÓN DE BARTONELOSIS EN SARTIMBAMBA

Riveros M¹, Vizconde I¹.

¹Área de Epidemiología. Puesto de Salud de Sartimbamba. Red Sánchez Carrión. Dirección Regional de Salud La Libertad. La Libertad, Perú

Objetivo: Identificar los casos positivos de bartonelosis de sospechosos febriles anémicos ocurridos en el primer semestre de 2003 en el distrito de Sartimbamba, provincia Sánchez Carrión, departamento de la Libertad, Perú mediante examen directo de sangre extendida en lámina.

Materiales y métodos: El presente estudio se realizó en la jurisdicción de Sartimbamba ubicado en la serranía de La Libertad a unos 2400 msnm, se obtuvieron 800 muestras de sangre que luego fueron extendidas en láminas para su lectura directa en microscopio con inmersión, utilizando la coloración giemsa. La muestra corresponde al 100% de la población de los caseríos afectados (Sartimbamba, Minaspampa, Santa Barbara y Talpo). El diagnóstico se realizó *in situ*, enviándose las láminas a la Dirección Regional de Salud La Libertad quienes confirmaron el diagnóstico.

Resultados: De las láminas leídas se obtuvieron 278 casos positivos para *Bartonella sp*.

Conclusiones: La bartonelosis es una enfermedad reemergente en el distrito de Sartimbamba, La libertad.

Palabras clave: Bartonelosis; *Bartonella sp*; La Libertad; Perú (fuente: BIREME).

RICKETSIOSIS

GRUPO DE FIEBRES MANCHADAS (RICKETTSIOSIS), ENFERMEDAD EMERGENTE EN TUMBES Y CUSCO DURANTE EL AÑO 2003

Anaya E¹, Morón C¹, Román R¹, Herrera V², Chevarría L³.

¹Laboratorio de Rickettsiosis, Departamento de Patología, Centro Nacional de Laboratorios de Salud Pública. Instituto Nacional de Salud. Lima, Perú.

²Laboratorio Referencial de Tumbes. Tumbes, Perú.

³Laboratorio Referencial del Cusco. Cusco, Perú.

Objetivo: Determinar la circulación de anticuerpos del grupo de fiebres manchadas (rickettsiosis) en Tumbes y Cusco.

Materiales y métodos: 31 casos humanos sintomáticos con sospecha de dengue procedentes de Tumbes, de los cuales 19 contaban con sueros pareados obtenidos en fase aguda y convaleciente; así como 45 casos humanos asintomáticos procedentes de Cusco fueron procesados por pruebas de inmunofluorescencia indirecta para anticuerpos totales (IgM+IgG+IgA) e IgG para rickettsiosis grupo fiebres manchadas. Cepa referencial de *Rickettsia prowazekii* (1999) y *Rickettsia akarii* (2002) fueron cultivadas en células VERO y procesadas para ser empleadas como antígenos en las pruebas serológicas realizadas; considerándose como positivas, reacciones del suero desde la dilución 1/64. La seroconversión en sueros pareados o reactividad en títulos mayores o iguales de 1/256 se consideraron positivos a infección aguda.

Resultados: De 76 casos humanos, 22,4% (17/76) fueron confirmados como casos agudos a rickettsiosis grupo fiebres manchadas con títulos de 1/256 hasta 1/1024. 6,6% (5/76) presentaron IgG, todos procedentes de las localidades de Pampa Grande, Tumbes, El Progreso, La Cruz y Aguas Verdes del departamento de Tumbes y 35,5% (27/76) se confirmaron como positivos sólo para anticuerpos totales con títulos de 1/64 procedentes de la ciudad de Cusco. Del total de casos 35,5% (27/76) fueron negativos.

Conclusiones: Tumbes y Cusco constituyen desde 2003 zonas emergentes para rickettsiosis grupo fiebres manchadas, siendo necesaria su aplicación como un diagnóstico diferencial a dengue y otras arbovirosis. Finalmente, se requiere realizar mayores estudios a fin de determinar la especie circulante y el impacto de la enfermedad en la población.

Palabras clave: Rickettsiosis; Fiebres; Asintomáticos; Tumbes; Cusco; Perú (fuente: BIREME).

TUBERCULOSIS

CONOCIMIENTOS SOBRE TUBERCULOSIS EN ESCOLARES DEL COLEGIO “NUESTRA SEÑORA DE LOURDES”, DEL DISTRITO DE PAMPAS, TAYACAJA. HUANCAYA, PERÚ

Salas W¹, Matos D¹, Chávez S¹.

¹Centro de Salud MINSA de Pampas, Tayacaja. Huancavelica, Perú.

Objetivo: Determinar el grado de conocimientos sobre tuberculosis (TBC) en escolares de secundaria del colegio “Nuestra Señora de Lourdes”.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo, transversal, utilizando como instrumento una encuesta tipo cuestionario de 10 preguntas cerradas, aplicada a 202 alumnas del “Colegio Secundario Nuestra Señora de Lourdes” del distrito de Pampas.

Resultados: El total de personas encuestadas fueron mujeres con una edad promedio de 15,1 años. De ellas 61,9% considera que el causante de la TBC es un “virus”, 65,8% identifica al bacilo de Koch como el agente causal de la TBC; 70,8% define a la TBC como una enfermedad infecto contagiosa, y 11,4% lo define como un “resfrio mal curado”; 33,2% refiere que la TBC se transmite por vía sanguínea y 40,1% refiere que la transmisión es por inhalación; 40,6% refiere que el tratamiento para TBC es por 6 meses y 24,3% refiere que no es necesario tratar la TBC en todos los casos; 72,3% identifica a la vacuna de BCG como medio para prevenir la TBC y 40,1% afirma que el costo del tratamiento para la TBC depende si el paciente está asegurado.

Conclusiones: El nivel de conocimientos de los escolares es medio; sin embargo, existen puntos donde se debería reforzar su educación, como por ejemplo: Modo de transmisión, forma y costo de tratamiento.

Palabras clave: Tuberculosis; Conocimientos; *M. Tuberculosis*; Huancavelica; Perú (fuente: BIREME).

MUTACIONES EN EL GEN *rpo β* DE AISLAMIENTOS RESISTENTES DE *Mycobacterium tuberculosis* Y PREDICCIÓN DE LA RESISTENCIA A RIFAMPICINA

J Agapito ¹ Baldeviano GC², Neyra V¹, Accinelli R³, Espinoza RJ¹.

¹Unidad de Biotecnología Molecular (UBM), Laboratorios de Investigación y Desarrollo de Ciencia y Tecnología (LID), Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

²División de Biología Molecular. Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud. Lima, Perú

³Laboratorio de Respiración, Instituto de Investigaciones de Altura, Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

Objetivo: Determinar la frecuencia de mutaciones en el gen *rpo β* y el origen clonal de un grupo de aislamientos de *Mycobacterium tuberculosis* resistente a drogas, aislados en la Dirección de Salud (DISA) Lima Norte.

Materiales y métodos: 52 aislamientos multirresistentes (todos resistentes al menos a rifampicina) y 10 aislamientos pansensibles fueron seleccionados aleatoriamente de pacientes con tuberculosis pulmonar frotis positivo, atendidos en los centros de salud pertenecientes a la DISA Lima Norte. Las mutaciones se determinaron mediante el secuenciamiento nucleotídico de una región de 81pb del gen *rpo β* , la relación clonal se realizó mediante el análisis de restricción enzimática y la detección de los segmento de inserción IS6110 (RFLP-IS6110).

Resultados: 46 cepas (88%) presentaron una única mutación puntual y 5 (10%) presentaron 2 mutaciones diferentes simultáneas en la región de 81 pb de *rpo β* . Ninguna mutación fue hallada en 10 cepas pansensibles. En total, se identificaron 20 diferentes mutaciones, de las cuales 5 fueron las más prevalentes: Ser-531 (62,7%), His-526 (15,7%), Asp-516 (11,8%) y Gln-513 (5,9%). A partir de 27 cepas disponibles para el análisis de RFLP-IS6110 se encontraron 25 diferentes patrones genéticos.

Conclusiones: 92% de las cepas resistentes a rifampicina en este estudio presentó alguna de las 5 mutaciones puntuales más frecuentes. Un método molecular “hecho en casa” podría ser implementado para predecir la resistencia a rifampicina en el Perú.

Palabras clave: Tuberculosis; *Mycobacterium tuberculosis*; Mutación; Epidemiología molecular, Resistencia a antibiótico (fuente:BIREME)

EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DE LA TUBERCULOSIS EN EL CONTEXTO DE LA VIGILANCIA A DROGAS ANTITUBERCULOSAS EN UN DISTRITO ALTAMENTE ENDÉMICO EN LIMA-ESTE: UN REPORTE PRELIMINAR.

Miranda T¹, Baldeviano C², Vásquez L², Soto C³, Infante G⁴, Aguilar L⁵.

¹Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional San Cristóbal de Huamanga. Ayacucho, Perú.

²Grupo Multifuncional de Tuberculosis, Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud. Lima, Perú.

³Dirección de Epidemiología de la Dirección de Salud Lima Este. Lima, Perú.

⁴Laboratorio de Referencia Regional de la Dirección de Salud de Ayacucho. Ayacucho, Perú.

⁵Laboratorio de Inmunología de la Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

Objetivo: Determinar la identidad y frecuencia de patrones genéticos de *M. tuberculosis* en pacientes reclutados por un estudio transversal de vigilancia a fármacos antituberculosos en un distrito con alta prevalencia de tuberculosis (TB).

Materiales y métodos: Un estudio transversal de vigilancia de la resistencia a medicamentos antituberculosos fue conducido entre abril y diciembre de 2001 en el distrito de El Agustino, Dirección de Salud Lima Este. Todos los casos de TB pulmonar frotis positivo (nunca tratados y antes tratados) fueron incluidos a partir de 10 centros de salud de El Agustino, un distrito con altas tasas de incidencia de TB y resistencia a drogas. Hasta la fecha, 67 aislamientos fueron tipificados mediante RFLP-IS6110 de acuerdo al protocolo estándar de van Embden (1993) y sus patrones genéticos fueron agrupados de acuerdo con el número y posición de los fragmentos IS6110.

Resultados: Se incluyeron 160 pacientes con TB pulmonar frotis positivo, de los cuales 120 (75%) nunca fueron tratados y 40 (25%) recibieron tratamiento antituberculoso con anterioridad. La resistencia primaria fue 14,2% y la resistencia adquirida fue 67,5%. De 67 aislamientos analizados (54 multidrogorresistentes), 37 cepas (56%) fueron parte de 12 “clusters”. Se identificó un “cluster” principal, que agrupó 7 aislamientos multidrogorresistentes.

Conclusiones: Un alto nivel de resistencia a drogas antituberculosas se concentra en zonas altamente endémicas. Los estudios poblacionales de epidemiología molecular en el marco de los estudios de vigilancia a fármacos antituberculosos son una buena alternativa para conocer la magnitud de la resistencia a drogas, los patrones de resistencia y su transmisión activa.

Palabras clave: Tuberculosis; Epidemiología molecular; Resistencia a las drogas; *M. tuberculosis*; Lima; Perú. (fuente:BIREME)

AGRUPAMIENTO DE PATRONES GENÉTICOS Y RESISTENCIA A DROGAS DE AISLAMIENTOS DE *Mycobacterium tuberculosis* DE PACIENTES HOSPITALIZADOS CON TUBERCULOSIS PULMONAR DEL CALLAO, PERÚ.

Baldeviano C¹, Quispe N¹, Bonilla C², Llanos-Zavalaga F¹.

¹Grupo Multifuncional de Tuberculosis, Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud. Lima, Perú.

²Hospital Nacional Daniel A. Carrión. Callao, Perú.

Objetivos: Estudiar la identidad de los patrones genéticos (RFLP-IS6110) y la resistencia a drogas antituberculosas de pacientes hospitalizados en una localidad con alta tasa de incidencia de tuberculosis.

Materiales y métodos: Se colectaron muestras de esputo de pacientes con tuberculosis pulmonar y frotis positivo, internados en el Hospital Nacional Daniel A. Carrión entre el 15 de agosto de 2000 y el 16 de febrero de 2001. La susceptibilidad a antibióticos de primera línea (R, H, S, E) fue realizada mediante el método de las proporciones y el patrón genético basado en la secuencia de inserción IS6110 realizado de acuerdo con el protocolo estandarizado de Van Embden (1993). Las cepas fueron agrupadas de acuerdo con su patrón genético y definido en "clusters" de patrones idénticos. La información demográfica, y clínico-epidemiológica de los pacientes fueron obtenidos por revisión de historias clínicas.

Resultados: De 68 aislamientos, 23 (34 %) formaron parte de 8 "clusters" y 45 tuvieron ocurrencia única. Se identificaron 2 "clusters" principales; el cluster I agrupó 5 cepas multidrogorresistentes y el cluster II estuvo comprendido por 5 aislamientos en su mayoría pansensibles. Entre 57 pacientes que tuvieron cultivo disponible para la prueba de sensibilidad (30 de los cuales nunca recibieron tratamiento antituberculoso), 55 % fueron resistente al menos a una droga, 26% fueron multidrogorresistente y 10% presentaron resistencia a las cuatro drogas (R, H, S, E). El agrupamiento de los patrones genéticos no estuvo asociado a la edad, género, historia de tuberculosis, historia de tratamiento, contacto tuberculoso conocido, o algún patrón de resistencia a drogas.

Conclusiones: No se observó la predominancia de alguna cepa de *M. tuberculosis* identificado por su patrón genético. Aunque la resistencia a drogas no estuvo asociada al agrupamiento de las cepas, pudimos identificar un "cluster" comprendido por 5 cepas multidrogorresistentes. Es necesario conducir un estudio poblacional de epidemiología molecular para evaluar con mayor precisión la predominancia de genotipos de *M. tuberculosis* y la transmisión activa de la tuberculosis en áreas con alta prevalencia.

Palabras clave: Tuberculosis; Resistencia a las drogas, *M. tuberculosis*; genético; Callao; Perú (fuente:BIREME)

ÍNDICE DE CONTAMINACIÓN EN CULTIVOS DE *Mycobacterium tuberculosis* DURANTE LOS AÑOS 1999 A 2002 EN LA UNIDAD TERRITORIAL DE SALUD LA CALETA, CHIMBOTE.

Paredes J¹, García H¹, García A¹, Gutiérrez A¹.

¹Área de Microbiología, Departamento de Laboratorio Clínico, Hospital La Caleta; Chimbote. Ancash, Perú.

Objetivo: Determinar el índice y las causas que intervienen en la contaminación de cultivos para *Mycobacterium tuberculosis* en muestras que provienen de establecimientos periféricos de la Unidad Territorial de Salud (UTES) La Caleta durante los años 1997-2002.

Materiales y métodos: Las muestras de esputo derivados de establecimientos periféricos de la UTES La Caleta fueron cultivadas en medio Ogawa. De 2 087 cultivos procesados durante los años 1997 a 1999, se contaminaron 3,16% (1997), 5,44% (1998) y 7,48% (1999). Este incremento en el porcentaje de cultivos contaminados, sobre pasando los límites aceptables (5%) nos llevó a investigar las causas que lo originaban. Se realizó control de calidad al material e insumos utilizados en la elaboración de los medios de cultivo Ogawa y al procesamiento de las muestras; se buscó información sobre la selección, conservación y transporte de muestras; se corrigió las deficiencias encontradas mediante una reunión técnica con el personal de los establecimientos periféricos involucrados en estas actividades.

Resultados: Se determinó que en algunos establecimientos periféricos no se conservan adecuadamente las muestras, el envío de estas para su procesamiento se realizaba después de varios días expuestas a temperatura ambiente. Se realizaron las acciones correctivas recomendando cadena de frío para las muestras derivadas para cultivo y envío de estas en forma oportuna. Después de aplicadas las correcciones, en los años 2000 al 2002 se realizaron 3571 cultivos, de estos, se contaminaron 3,37%, en el año 2000, 2,3% en 2001 y 3,92% en el 2002. Podemos observar que hubo disminución en el porcentaje de cultivos contaminados con relación a los tres años anteriores.

Conclusiones: Una buena selección, conservación y transporte oportuno de las muestras para cultivo permite disminuir el porcentaje de contaminación y aumentar la especificidad y sensibilidad del cultivo para *Mycobacterium tuberculosis*.

Palabras clave: *Mycobacterium tuberculosis*; Índice/contaminación; Cultivo; Ancash; Perú (fuente:BIREME)

OTRAS INFECCIONES BACTERIANAS

ESTUDIO DIFERENCIAL EN NIÑOS CON FARINGITIS BACTERIANA DEL DISTRITO DE TUMBES

Herrera V¹, Martínez I¹, Abad D¹.

¹Laboratorio de Bacteriología/ Virología-Laboratorio de Referencia Regional de Salud Pública de Tumbes. Tumbes, Perú.

Objetivos: Determinar que resistencia presentan y cuales son los agentes etiológicos causantes de faringitis bacteriana en niños del distrito de Tumbes.

Materiales y métodos: Ingresaron al estudio 111 pacientes que procedían del Hospital de Apoyo JAMO con diagnóstico de faringitis bacteriana confirmándose que 9,9% resultaron positivos en el cultivo y 11% por IFI durante el período enero a marzo de 2003. Las muestras obtenidas de secreción faríngea de pacientes con cuadro clínico de faringitis bacteriana, fiebre, exudado faríngeo, tos y adenitis cervical, fueron obtenidas en el consultorio de pediatría, siendo enviadas al Laboratorio Regional donde se realizaron los cultivos, estudios de susceptibilidad e IFI para virus respiratorios.

Resultados: De 111 pacientes muestreados, 23 salieron positivos con alguna etiología (21%). Se encontraron 11 muestras positivas en cultivos, obteniéndose una positividad de 9,9% para *Streptococcus* β-hemolíticos y 12 muestras positivas para virus respiratorios (adenovirus, influenza A, B, parainfluenza 1, 2, 3, virus sincicial respiratorio). En el estudio de susceptibilidad se encontró que 80% fueron sensibles (lincomicina, eritromicina, cefalotina), 19% se encontró como intermedio (amoxicilina y sulfametoxazol) y 1% fue resistente (tetracíclica).

Conclusiones: Se encontró que 9,9% de las faringitis bacterianas eran afectadas por *Streptococcus* β-hemolíticos y 11% eran afectadas por virus respiratorios (adenovirus, influenzae A, influenzae B, Parainfluenzae 1, 2, 3, Sincitial Respiratorio) por lo que se debe tener presente que no todo cuadro diagnosticado como faringitis bacteriana es atribuible a *Streptococcus* β-hemolíticos.

Palabras clave: Niños; Faringitis; Bacteriano; Etiología; Perú (fuente: BIREME).

***Campylobacter spp* EN PACIENTES CON CUADRO DIARREICO QUE ACUDIERON A HOSPITALES DE LA CIUDAD DE ICA, PERÚ. MARZO-MAYO 1999.**

Castillo M¹, Gómez F¹, Laos M¹, Salinas M¹.

¹USA de Microbiología y Parasitología de la Facultad de Ciencias. Universidad Nacional San Luis Gonzaga. Ica, Perú.

Objetivos: Investigar la presencia de *Campylobacter spp.* en pacientes con cuadro diarreico que acudieron a los hospitales de la ciudad de Ica durante el período de marzo a mayo de 1999.

Materiales y métodos: Se colectaron 140 muestras fecales, las que fueron transportadas en medio Cary Blair para luego ser sembradas y aisladas en agar *Campylobacter* Kit Skirrow (con suplemento Butzler, enriquecido con 10% de sangre desfibrinada estéril de carnero), incubadas a 42°C por 24-48 horas en atmósfera microaerófila (5% de O₂, 10% de CO₂, 85% de N₂). Se realizaron las pruebas de identificación (gram, oxidasa y catalasa) y diferenciación (hidrólisis del hipurato de sodio y sensibilidad al ácido nalidíxico).

Resultados: Se encontró que 10% de los pacientes son portadores de estas bacterias, siendo el más frecuente *Campylobacter coli* (5,0%), *Campylobacter jejuni* (2,9%) y *Campylobacter lari* (2,1%); encontrándose más afectados por estos microorganismos los niños menores de 05 años (78,7%).

Conclusiones: Los resultados ponen de manifiesto al *Campylobacter spp.* como agente etiológico de cuadros diarreicos en humanos, especialmente en niños menores de 05 años.

Palabras clave: *Campylobacter*; Diarrea; Ica; Perú

HALLAZGOS RADIOGRÁFICOS Y DE HEMOGRAMA EN PACIENTES CON DIAGNÓSTICO CLÍNICO DE SINUSITIS MAXILAR AGUDA

Salas W¹, Centeno J¹.

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

Objetivo: Determinar los hallazgos radiográficos y de hemograma en pacientes con diagnóstico clínico de sinusitis maxilar aguda.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio prospectivo, descriptivo. Se registraron los hallazgos radiográficos y de hemograma de los pacientes que presentaron diagnóstico clínico de sinusitis maxilar

aguda, entre noviembre de 2001 a marzo de 2002, en el Servicio de Otorrinolaringología del Hospital Nacional Cayetano Heredia.

Resultados: Se recolectaron los datos de 28 pacientes con una edad promedio de 26 años. El tiempo de enfermedad promedio fue 15,82 días. La distribución por sexo fue: 17 (60,7%) sexo femenino y 11 (39,3%) sexo masculino. Los hallazgos de hemograma más frecuentes fueron: normal 24 (85,7%), linfocitosis 2 (7,1%), leucocitosis 1 (3,6%), desviación izquierda 1 (3,6%) y eosinofilia 1 (3,6%). Los hallazgos radiográficos más frecuentes fueron: opacidad total bilateral 8 (26,6%), opacidad parcial unilateral 8 (26,6%), opacidad parcial bilateral 6 (20%), nivel hidroaéreo 2 (6,6%) y normal 4 (13,3%).

Conclusión: La sinusitis maxilar aguda es una infección frecuente en adultos jóvenes. Los hallazgos patológicos en el hemograma de pacientes con sinusitis maxilar aguda son infrecuentes e inespecíficos. La opacidad total o parcial en la radiografía de senos paranasales es más frecuente que la presencia de nivel hidroaéreo. La normalidad en las radiografías de senos paranasales en la población de estudio fue poco frecuente.

Palabras clave: Sinusitis maxilar; Radiografía; Senos paranasales (fuente: BIREME)

DETERMINACIÓN MEDIANTE EL MÉTODO DE LIOR, DE BIOTIPOS DE *Campylobacter* COMO AGENTES ETIOLÓGICOS DE DIARREAS EN EL HOSPITAL DE EMERGENCIAS PEDIÁTRICAS DE LIMA, PERÚ

Rojas C¹, Zamudio M²

¹Universidad Particular Ricardo Palma. Lima, Perú.

²Laboratorio de Enteropatógenos. División de Bacteriología. Instituto Nacional de Salud. Lima, Perú.

Los *Campylobacter* termofílicos están considerados entre los principales patógenos causantes de diarrea en todo el mundo. Estudios realizados en una comunidad de niños menores de cinco años en la ciudad de Lima, reportaron una frecuencia de diarrea del 24%.

Objetivo: Determinar los biotipos de las especies de *Campylobacter* de las cepas clínicas aisladas en niños con diarrea del Hospital de Emergencias Pediátricas de Lima.

Materiales y métodos: 81 cepas de *Campylobacter* sp. colectadas del Hospital Emergencias Pediátricas durante 1998 fueron confirmadas en el Instituto Nacional de Salud. La reactivación se realizó en un caldo de enriquecimiento para *Campylobacter* y con las condiciones adecuadas para su reaislamiento como: el medio selectivo de Butzler, incubación de las placas en atmósfera microaeróflica que tenga 5% de oxígeno, 10% dióxido de carbono y a temperatura de 42°C. Se realizaron pruebas presuntivas y confirmatorias para la identificación. La tipificación por el método de Lior (National Reference Service for *Campylobacter* LCDC – Canadá) son las pruebas de la reducción rápida de ácido sulfídrico, la hidrólisis de ADN y del hipurato, empleándose cepas de referencia como controles.

Resultados: De las especies y biotipos de este estudio, 72 (89%) correspondieron a *C. jejuni*, 52(64%) al biotipo I, 20 (25%) al biotipo II; 6 (7,4%) a *C. coli* biotipo I; 3 (3%) a *C. lari* 2 (2.4%) al biotipo I y 1 (1,2%) al biotipo II.

Conclusiones: Los biotipos hallados en nuestro medio son variados. El esquema de Lior para la tipificación de especies termófilas de *Campylobacter* es un método simple para la diferenciación de los biotipos, que contribuye a entender la epidemiología de estos enteropatógenos que causan infección en el hombre.

Palabras clave: *Campylobacter*; Biotipos; Diarrea; Niños; Lima; Perú (fuente: BIREME).

BIOFILMS EN MATERIAL MÉDICO PARENTERAL DE USO PROLONGADO

Gamarra G¹, Roque M¹, Irey J¹, Rumiche J¹, Crispín V¹, Salazar M¹, Ruiz M¹, Paz E², León S², Rosas A¹.

¹Instituto de Química Biológica, Microbiología y Biotecnología, Facultad de Farmacia y Bioquímica. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú.

² Unidad de Cuidados Intensivos. Hospital Nacional Guillermo Almenara Irigoyen. Lima, Perú.

Objetivos: Aislar e identificar los microorganismos formadores de *biofilms* a partir de material médico de uso prolongado.

Materiales y métodos: Se trabajaron 70 muestras de catéteres provenientes de pacientes UCI (Unidad de Cuidados Intensivos) del Hospital Nacional Guillermo Almenara Irigoyen, procediéndose a realizar la siembra de la parte externa por el método de rodamiento en placa, posteriormente se sonicaron las muestras suspendidas en buffer fosfato salino y se sembró en medios selectivos; los microorganismos aislados fueron evaluados para la investigación de la capacidad formadora de *biofilm*.

Resultados: Los microorganismos aislados fueron *Stafilococcus* coagulasa negativos, no fermentadores de manitol, también se aislaron en menor porcentaje cepas del género *Pseudomonas* sp., *Enterobacter* sp. y *Citrobacter* sp. En el aislamiento después de la sonicación para investigar colonización endoluminal,

si bien se han aislado microorganismos del 40,9% del total de muestras, no todas dieron reacción positiva a la prueba para formación de *biofilms*.

Conclusiones: Existe correlación directa entre los microorganismos aislados de la parte externa con los encontrados en la parte endoluminal del catéter, siendo la fuente más probable la piel de los pacientes y de los trabajadores de salud. No todos los microorganismos aislados de la parte endoluminal forman *biofilm* lo que nos hace suponer que para ello son indispensables otros factores.

Palabras clave: *Biofilms, Stafilococcus, Coagulasa; Catéter (fuente:BIREME)*.

DETECCIÓN E IDENTIFICACIÓN DE β -LACTAMASAS DE ESPECTRO EXTENDIDO EN *Escherichia coli* Y *Klebsiella pneumoniae* DE DOS HOSPITALES DE IV NIVEL DE LIMA

Roque M¹, Reyes K¹, Morales J¹, Ruiz M¹, Salazar M¹, Irey J¹, Montegirfo M².

¹Instituto de Química Biológica, Microbiología y Biotecnología, Facultad de Farmacia y Bioquímica. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima – Perú.

²Centro de Bioquímica y Nutrición, Facultad de Medicina. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima – Perú.

Objetivos: Detectar la presencia de β -lactamasas de espectro extendido e identificar el tipo de β -lactamasa en cepas de *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* procedentes de los hospitales nacionales de IV nivel “Guillermo Almenara Irigoyen” y “Edgardo Rebagliatti Martins”.

Materiales y métodos: Se recolectaron consecutivamente entre julio y septiembre de 2000, 137 cepas de *E. coli* y 18 cepas de *K. pneumoniae* procedentes de diversas muestras biológicas de pacientes hospitalizados. 105 cepas de *E. coli* y 13 de *K. pneumoniae* fueron seleccionadas como presuntas productoras de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE), usando los criterios del NCCLS. Se confirmó la presencia de BLEE mediante la prueba de sinergia de doble disco. Posteriormente, mediante el análisis de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) se identificó la presencia del gen *bla_{TEM}* y el gen *bla_{SHV}*, finalmente mediante el análisis de las secuencias nucleotídicas y las secuencias aminoacídicas deducidas de estos genes se identificó el tipo de BLEE en las cepas analizadas.

Resultados: Se determinó que 105 cepas de *E. coli* y 13 de *K. pneumoniae* eran presuntas productoras de BLEE, mediante la prueba sinergia de doble disco, resultaron positivas 2,9% (4) para *E. coli* y 44,4 % (8) para *K. pneumoniae*, del total de cepas aisladas. Todas las cepas productoras de BLEE fueron multirresistentes y la mayoría presentó corresistencia a sulfametoazol/trimetropin, amikacina, gentamicina y ciprofloxacina, pero todas fueron sensibles a imipenem. Se identificó la presencia del gen *bla_{TEM}* en 4 cepas (3 *K. pneumoniae* y 1 *E. coli*) y el gen *bla_{SHV}* en 6 cepas (3 *K. pneumoniae* y 3 *E. coli*). Mediante el análisis de las secuencias nucleotídicas y aminoacídicas deducidas de estos genes, se identificó las BLEEs TEM-10 (que difiere de TEM-1 en las sustituciones de serina por arginina en la posición 164 y lisina por ácido glutámico en la posición 240) y SHV – 5 (que difiere de SHV-1 en las sustituciones de serina por glicina en la posición 238 y lisina por ácido glutámico en la posición 240).

Conclusiones: Se demostró la presencia de BLEE como mecanismo implicado en la resistencia a cefalosporinas de tercera generación y aztreonam. Se identificó la presencia de BLEE de tipo TEM-10 en dos cepas de *K. pneumoniae* y SHV-5 en dos cepas de *K. pneumoniae* y una de *E. coli*.

Palabras clave: β -lactamasas; *E.coli*; *K.pneumoniae*; Lima; Perú(fuente:BIREME).

RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS β -LACTÁMICOS DE CEPAS CLÍNICAS DE *Pseudomonas aeruginosa* AISLADAS EN DOS HOSPITALES DE ESSALUD

Roque M¹, De la Cruz M¹, Ruiz M¹, Salazar M¹.

Instituto de Química Biológica, Microbiología y Biotecnología, Facultad de Farmacia y Bioquímica. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú.

Objetivos: Determinar el patrón de resistencia bacteriana a los antibióticos β -lactámicos de cepas de *Pseudomonas aeruginosa* aisladas de los diferentes servicios de dos hospitales de EsSalud.

Materiales y métodos: 67 cepas de *Pseudomonas aeruginosa* aisladas de muestras biológicas del Servicio de Microbiología del Departamento de Patología Clínica de los Hospitales Nacionales-EsSalud de IV nivel “Guillermo Almenara Irigoyen” (43 cepas) y “Edgardo Rebagliatti Martins”. (24 cepas) fueron seleccionadas en el periodo de julio a setiembre de 2000. A todas las cepas seleccionadas se les confirmó la identificación del género y especie mediante pruebas bioquímicas. Posteriormente, se realizó la prueba de susceptibilidad in vitro por el método de difusión de Kirby Bauer utilizando discos de sensibilidad del grupo I: ceftazidima, imipenem, gentamicina, amikacina, ciprofloxacino; grupo II: aztreonam, según lo recomendado por la NCCLS, y también se consideraron discos de sensibilidad como:

cefotaxima, ceftriaxona, cefoxitina, ampicilina y cefuroxima para evidenciar la resistencia natural de *Pseudomonas aeruginosa* a estos antibióticos.

Resultados: Se determinó que las cepas clínicas de *Pseudomonas aeruginosa* fueron resistentes a cefuroxima 90% (60), cefotixitina 85% (29), cefotaxima 67% (22), ceftriaxona 58% (39), aztreonam 42% (28), ceftazidima 36% (24) y ampicilina 88% (59), sin embargo, fueron sensibles a imipenem 81% (54).

Conclusiones: El patrón de resistencia bacteriana a antibióticos β -láctamicos de 65 cepas de *Pseudomonas aeruginosa* evidencia que 36% (24) son resistentes a ceftazidima y 42% (28) a aztreonam, mientras que 81% (54) son sensibles a imipenem según los criterios de la NCCLS mostrando que las cepas analizadas poseen β -lactamasas de espectro extendido. La alta sensibilidad al imipenem indica que es el antibiótico de elección para este microorganismo.

Palabras clave: *Pseudomonas aeruginosa*; β -Lactamasas; *Pseudomonas aeruginosa*; Resistencia a antibiótico (fuente: BIREME).

SEROPREVALENCIA DE LEPTOSPIROSIS EN HUMANOS, VACUNOS Y PERROS EN ESTABLOS DEL VALLE DEL MANTARO

Céspedes M¹, Llantoy L², Arizapana M², Unsihuay J².

¹ Instituto Nacional de Salud. Lima, Perú.

² Laboratorio de Referencia Regional de Junín. Junín, Perú.

Objetivos: Identificar serovares de *Leptospiras* mediante pruebas serológicas y determinar la seroprevalencia de leptospirosis en humanos, vacunos y perros en los establos del Valle del Mantaro.

Materiales y métodos: Estudio transversal de octubre 2001 hasta abril de 2002, se colectó el suero de 336 vacas, 51 perros y 55 humanos provenientes de los establos de Huancayo, Concepción, Jauja y Chupaca. Los datos fueron recopilados en registros. Las muestras se remitieron al Instituto Nacional de Salud donde se realizó la prueba de aglutinación microscópica (MAT) con 24 antígenos activos en vacunos, perros, y humanos positivos a ELISA.

Resultados: Serovares de *Leptospira* presentes y su prevalencia, por especies en los establos del Valle del Mantaro.

| Humanos | |
|-----------------------------------|--------------------|
| Serovar | Prevalencia |
| <i>L. andamana</i> | 5,45 (3/55) |
| <i>L. javanica</i> | 1,82 (1/55) |
| <i>L. Bratislava</i> | 3,64 (2/55) |
| <i>L. alexi</i> | 1,82 (1/55) |
| <i>L. mankarsko</i> | 1,82 (1/55) |
| <i>L. icterohaemorrhagiae</i> 120 | 1,82 (1/55) |
| <i>L. canicola</i> | 3,64 (2/55) |
| <i>L. icterohemorrhagiae</i> | 1,82 (1/55) |

| Perros | |
|-------------------------|--------------------|
| Serovar | Prevalencia |
| <i>L. andamana</i> | 1,96 (1/51) |
| <i>L. australis</i> | 1,96 (1/51) |
| <i>L. autumnalis</i> | 5,88 (3/51) |
| <i>L. ballum</i> | 5,88 (3/51) |
| <i>L. canicola</i> | 23,53 (12/51) |
| <i>L. djasiman</i> | 11,76 (6/51) |
| <i>L. grippotyphosa</i> | 1,96 (1/51) |
| <i>L. javanica</i> | 5,88 (3/51) |
| <i>L. pyrogenes</i> | 5,88 (3/51) |
| <i>L. bratislava</i> | 3,92 (2/51) |
| <i>L. ballum</i> | 9,80 (5/51) |
| <i>L. andamana</i> | 3,27 (11/336) |
| <i>L. australis</i> | 1,19 (4/336) |

| Vacunos | |
|-------------------------------|--------------------|
| Serovar | Prevalencia |
| <i>L. autumnalis</i> | 1,19 (4/336) |
| <i>L. ballum</i> | 0,89 (3/336) |
| <i>L. canicola</i> | 2,98 (10/336) |
| <i>L. djasiman</i> | 2,08 (7/336) |
| <i>L. grippotyphosa</i> | 0,89 (3/336) |
| <i>L. borincana</i> | 7,44 (25/336) |
| <i>L. icterohaemorrhagiae</i> | 1,79 (6/336) |
| <i>L. javanica</i> | 2,38 (8/336) |

Conclusiones: Se encontraron 8 serovares en humanos, 11 en perros y 20 serovares en vacas, siendo los mismos serovares en las 3 especies: *L. andamana*, *L. canicola*, *L. javanica* y *L. bratislava*. Cabe resaltar que existe contaminación en el medio donde se desarrolla el trabajo, la presencia de más serovares en perros y vacas muestran este hecho, lo cual no sucede en humanos dado que estos mayormente tienen normas de higiene lo cual podría estar actuando como una barrera contra la infección.

Palabras clave: Leptospirosis, vacunos, perros, humanos, serovares; seroprevalencia; Junín; Perú (fuente: BIREME)