

ISSN 1726-4634

VOLUMEN 34 SUPLEMENTO 1 AÑO 2017

REVISTA PERUANA DE MEDICINA EXPERIMENTAL Y SALUD PÚBLICA

RESÚMENES PRESENTADOS EN EL XI
CONGRESO CIENTÍFICO INTERNACIONAL
DEL INSTITUTO NACIONAL DE SALUD



**XI CONGRESO
CIENTÍFICO
INTERNACIONAL**
DEL INSTITUTO
NACIONAL DE SALUD

 Instituto Nacional
de Salud - INS



@INS_Peru



CONTENIDO / CONTENTS

VOLUMEN 34 SUPLEMENTO 1 AÑO 2017

Caracterización molecular de integrones de clase 1 en cepas de <i>Salmonella infantis</i> productoras de betalactamasas de espectro extendido.....	6
Ingesta de macronutrientes en niños peruanos de 6 a 35 meses Perú 2015.....	6
Consumo de micronutrientes en niños peruanos de 6 a 35 meses Perú 2015.....	6
Diversidad alimentaria mínima en los niños peruanos entre 6 y 23 meses de edad.....	7
Prevalencia de anemia en menores de 35 meses en tres ámbitos del Perú 2015.....	7
Prevalencia de anemia en escolares de primaria en tres ámbitos del Perú 2015.....	7
Calidad de agua de consumo humano en hogares en tres ámbitos del Perú, 2015.....	8
Concentración de yodo en sal yodada de consumo en hogares de niños menores de 36 meses en el Perú, 2015.....	8
Estado nutricional en niños peruanos menores de tres años, 2015.....	9
Enteroparásitos zoonóticos de perros (<i>canis lupus familiaris</i>) domiciliados en un asentamiento humano de un distrito de Lima Metropolitana.....	9
Enteroparásitos zoonóticos de perros (<i>canis lupus familiaris</i>) domiciliados en un asentamiento humano de un distrito de Lima Metropolitana.....	9
Sobrepeso y obesidad en escolares peruanos del nivel primario, periodo 2013-2014.....	10
Microarns exosomales como biomarcadores en el diagnóstico temprano de adenocarcinoma de pulmón de células no pequeñas (APCNP) en pacientes peruanos.....	10
Brote de histoplasmosis pulmonar aguda en trabajadores de salud en Aucayacu, distrito de José Crespo, región de Huánuco, 2015.....	11
Análisis expresión génica de MIR-21, MIR-29A, MIR-99B y MIR-155 para diagnóstico diferencial de tuberculosis latente y activa en población peruana.....	11
Mortalidad atribuida a diabetes mellitus registrada en el ministerio de salud del Perú, 2005-2014.....	11
Factores influyentes en la utilización de prótesis parcial removible en pacientes del servicio de estomatología del hospital Nacional Arzobispo Loayza.....	12
Riesgo de tuberculosis en los hospitales del Seguro Social de Salud en el Perú.....	13
Nueva herramienta para analizar los patrones MLST de <i>bartonella bacilliformis</i>	13
Registro y características de los ensayos clínicos en el Perú, 1995-2016.....	13
Características microbiológicas de la enfermedad neumocócica invasiva en menores de cinco años, Perú 2000-2016.....	14
Tendencia del riesgo cardiovascular según circunferencia abdominal en peruanos.....	14
Rendimiento diagnóstico de la prueba de inmunoblot comercial INNO-LIA HIV I/II score para la detección de anticuerpos contra VIH-1.....	15
Cisticercosis humana: reporte de seropositividad por inmunoblot igg en el Perú, 2005 al 2014.....	15
<i>Western blot</i> con antígenos de la lisis del virus HTLV-1, una alternativa de diagnóstico confirmatorio para una infección olvidada.....	15
Registro de cancer colorectal hereditario en latino américa: del tamizaje genético a los estudios de colaboración internacional.....	16
Enterobacterias resistente a antimicrobianos aisladas en carnes adquiridas en mercados tradicionales de Lima.....	17
Citometría portátil una alternativa <i>in situ</i> para el recuento de linfocitos T CD4 de pacientes peruanos viviendo con VIH.....	17
Plantas medicinales de uso tradicional en el embarazo, parto y posparto en la población Awajún de Urakusa, Condorcanqui- Amazonas.....	17
Respuesta hospitalaria ante emergencias y desastres en buenaventura – Colombia.....	18
Validación de una técnica de PCR múltiple para la detección de <i>vibrio cholerae</i> toxigénica.....	18
Eventos moleculares que afectan la evolución del VIH en sujetos peruanos con diferente comportamiento sexual.....	18

Vigilancia basada en laboratorio de influenza y otros virus respiratorios en el Perú, primer semestre del 2017	19
Purificación de una fracción proteica de 21 a 31 KDA a partir de líquido hidatídico de <i>echinococcus granulosus</i> mediante tres diferentes métodos.....	19
Distribución del diagnóstico de anemias nutricionales en menores de un año en el sistema de salud peruano, 2016	20
Prevalencia de doble carga de malnutrición infantil y en la díada madre-niño: estudio de base poblacional en Perú, 2016	20
Análisis de las demoras para la atención médica en personas que fallecieron por dengue en la ciudad de Piura, 2017	20
Determinación de la ocurrencia de incidentes y accidentes en laboratorios y áreas técnicas del Instituto Nacional de Salud, periodo 2012-2017	21
Estilos de vida asociados al parto pretérmino atendidas en un hospital Público de Lima Metropolitana	21
Adherencia terapéutica y factores asociados en adultos mayores con enfermedades crónicas no transmisibles.....	22
Caracterización molecular del origen del brote de rabia canina de la región Arequipa	22
Distribución del diagnóstico de infección urinaria en el sistema de salud peruano, 2016.....	22
Frecuencia alimentaria en estudiantes de obstetricia de una universidad peruana	23
Tendencia del estado nutricional y anemia en gestantes peruanas según el sistema de información del estado nutricional del niño y la gestante (2012 – primer semestre 2017)	23
Representaciones sociales del manejo preventivo de la anemia en madres con niños entre 4 a 5 meses, Lima Perú	23
Inmunogenicidad del esquema de pre-exposición utilizando una vacuna antirrábica comercial producida en células diploides..	23
Análisis de curvas de <i>melting</i> (<i>high resolution melting</i>) para el diagnóstico de tuberculosis multidrogo-resistente (TB-MDR) en muestras de esputo.....	24
Riesgo entomológico del vector del dengue en las embarcaciones de Loreto utilizando ovitrampas y tecnología de información y comunicaciones (TICS).....	24
Acceso a centros de salud e incidencia del cáncer de cuello uterino en Lima Metropolitana: un estudio usando sistemas de información geográfica	25
Impacto de el niño costero 2017 en poblaciones de <i>vibrio cholerae</i> y <i>vibrio parahaemolyticus</i> en la costa norte de Perú	25
Sangre seca en papel filtro, una alternativa exitosa en el plan nacional de eliminación de la transmisión infantil del VIH	26
Situación de la rabia en el Perú, periodo 2015-2017	26
Análisis del resistoma de <i>bartonella bacilliformes</i> empleando herramientas computacionales	26
Asociación entre déficit cognitivo y estado afectivo en adultos mayores atendidos en dos establecimientos de salud. La Victoria, Chiclayo	27
Prevalencia de desnutrición crónica, sobrepeso, obesidad y anemia en menores de 5 años que asisten a establecimiento de salud de Essalud Puno, 2012-2016	27
Pobreza y su influencia en el riesgo y daño familiar del distrito de Villa María del Triunfo, Perú 2015-2017	27
Reporte de carga por enfermedades neurológicas en el Perú: estudio de fuente secundaria de la GBD 1990 – 2015	28
Reporte de carga por enfermedades psiquiátricas en el Perú: estudio de fuente secundaria de la carga global de enfermedades, 1990 – 2015.....	28
Análisis de la mortalidad perinatal en Lima norte: uso del método babies.....	29
Representaciones a la violencia intrafamiliar en adolescentes embarazadas de Lima.....	29
Firma genómica para genotipificar <i>mycobacterium tuberculosis</i>	29
Impacto de los huaicos en la salud pública: revisión sistemática y metanálisis.....	30
Equinocosis quística humana: reporte de la seropositividad por inmunoblot IGG en el Perú entre 2007-2015	30
Resultados del programa de evaluación externa del desempeño para el diagnóstico microscópico de malaria a nivel nacional 2016	31
Prevalencia y factores asociados a las dislipidemias en niños y adolescentes del distrito de Tacna. 2014.....	31
Prevalencia y factores relacionados a dislipidemias en estudiantes universitarios	32
Lamp (<i>loop-mediated isothermal amplification</i>) para detectar ADN de <i>trypanosoma cruzi</i> en casos seropositivos a la enfermedad de chagas de Bagua-Amazonas.....	32
Obtención y caracterización funcional y fenotípica de las células estromales mesenquimales multipotentes de cordón umbilical	32

Caracterización molecular de las cepas aisladas en Perú de 1991 al 2016.....	33
Estandarización de un PCR-ELISA para la detección de resistencia de <i>mycobacterium tuberculosis</i> a isoniacida	33
Exposición al bullying en adolescencia y el desarrollo de sobrepeso/obesidad: cohorte de tres años de seguimiento en Perú....	34
Evaluación etnobotánica de plantas medicinales en dos localidades de la región Amazonas, año 2015	34
Análisis <i>in silico</i> de la sortasa a de <i>streptococcus mutans</i> y estudio de su interacción.....	34
Conocimiento sobre primeros auxilios en conductores de movilidad escolar de colegios privados del distrito de San Borja	35
Resultados del programa de evaluación externa del desempeño para el diagnóstico microscópico de Malaria en América del Sur 2016	35
Clonamiento para la expresión una proteína adhesina recombinante de <i>bartonella bacilliformis</i> candidata a vacuna contra la enfermedad de Carrión.....	36
Impacto potencial de la variabilidad climática en la epidemiología de la Tuberculosis en un hospital de Lima, 2008-2012	36
Barreras de tomadores de decisión en la implementación de la norma técnica para atención de personas con tuberculosis en Callao	37
Vacunación contra el virus de la hepatitis B a recién nacidos en hospitales de Lima y Callao.....	37
Pacientes asignados (prioridad de atención I y II) en emergencia-adultos de un Hospital general Lima, según tipo de transporte prehospitalario.....	37
Detección de <i>plasmodium</i> usando gota gruesa y PCR nested en muestras para la elaboración del peed 2017	38
Relación de la circunferencia del cuello y el perímetro abdominal en pacientes con síndrome metabólico	38
Inmunogenicidad de una proteína multi-epitópica como candidata para vacuna contra la enfermedad de Carrión	38
Producción de nanoanticuerpos recombinantes contra proteínas del veneno de bothrops Atrax.....	39
Uso de carbendazim en el control de contaminación de cultivos de <i>mycobacterium tuberculosis</i>	39
Bacteriemia por <i>elizabethkingia</i> meningoséptica en la unidad de cuidados críticos de un hospital II-2 de la región norte del Perú	40
Frecuencia y factores asociados a toxoplasmosis gestacional en pacientes atendidas en un hospital referencial de Lambayeque	40
Impacto del fenómeno del niño costero sobre la Leptospirosis durante el 2016 y 2017	40
Validación de PCR convencional como prueba diagnóstica para <i>rickettsiosis</i> en muestras humanas y de ectoparásitos.....	41
Inmunoblot-IGG con antígenos semipurificados (27-28kda) para el diagnóstico confirmatorio de <i>fasciolosis</i> humana	41
Encefalitis por dengue: reporte de caso en un hospital regional del la Costa Norte del Perú.....	42
Características del personal de salud que brinda atención integral al afectado por tuberculosis en las unidades de atención diferenciada de la región.....	42
Propuesta de estrategia para la evaluación de la calidad de los dispositivos médicos en Essalud	43
Perfiles de proteínas de cepas verrucógenas y no verrucógenas de <i>bartonella bacilliformis</i>	43
Estandarización de un PCR anidado para la identificación de especies de bartonella circulantes en el Perú.....	43
Validación del método elisa para la detección de IGG e IGM para el diagnóstico serológico de la enfermedad de carrión.....	44
Caracterización del tipo cáncer según sexo y edad en el Callao; 2006-2015.....	44
Evaluación de la racionalidad de combinaciones a dosis fijas de antibióticos (CDF-A) en Perú: una perspectiva regulatoria....	45
Efectividad atribuible al uso de vitaminas c y e como tratamiento coadyuvante a la terapia triple estándar para <i>helicobacter pylori</i>	45
Análisis geoespacial de los casos confirmados de Zika en el departamento de Lima, 2017	46
Aislamiento de <i>vibrio cholerae</i> a partir de muestras diarreicas en laboratorio referencial, Lambayeque, Enero- Junio 2017	46
Perfil de proteínas de corpúsculos calcáreos de cisticerco de <i>taenia solium</i> con potencial uso en diagnóstico <i>in vitro</i> para neurocisticercosis.....	46
Estudio observacional de las infecciones respiratorias agudas graves (IRAG) de etiología viral en una unidad de cuidados intensivos pediátricos (UCIP) Lima-Perú	47
Impacto del fenómeno el niño costero sobre el incremento del dengue en Piura, 2017	47

Predictores de la anemia ferropénica en niños menores de 5 años en un distrito de alta prevalencia de Huánuco	48
Valor diagnóstico de la prueba PCR-ADN para VIH-1 en muestras de sangre total impregnadas en papel de filtro. Lima, 2013o	48
Perfil de resistencia de bacterias patógenas aisladas de mucosas de vías respiratorias altas en personal de salud	48
Estudio comparativo para la cuantificación de carga viral de VIH-1 por real time-PCR de cobas6800® HIV-1 y m2000® HIV-1 abbott.....	49
Evaluación de métodos de concentración y purificación de quistes de giardia spp a partir de muestra coprológica	49
Estructura genética de <i>mycobacterium tuberculosis</i> drogorresistente usando el ensayo de sonda lineal genotype MTBDRPLUS en el Perú.....	49
Casos de sífilis congénita en muestras recepcionadas en el Instituto Nacional de Salud-Perú, 2017.....	50
Infección respiratoria aguda (IRA) viral en niños de 0 a 12 años atendidos en el hospital Regional Lambayeque.....	50
Síntesis biogénica de nanopartículas de plata mediada por actinomicetos marinos y su actividad antimicrobiana.....	51
Secuenciamiento de genoma completo en el estudio de cepas de <i>mycobacterium tuberculosis</i> extensamente drogorresistentes (TB-XDR) en el Perú.....	51
Caracterización molecular por WGS-MLST para determinar la diversidad de especies de leptospira en Perú	51
Seroprevalencia de anticuerpos IGM e IGG a la enfermedad de arañazo de gato y factores asociados a la infección	52
Características de atención en triaje del servicio de emergencia-adultos de un hospital terciario	52
Factores ambientales como determinantes en el aumento de casos de Dengue en Piura, contexto el niño costero 2017	53
Nivel de conocimiento sobre primeros auxilios en madres de niños del nivel inicial en un distrito de Lima, Perú.....	53
Aislamiento y caracterización molecular de <i>neisseria gonorrhoeae</i> multidrogo resistentes en el Perú	54
Presencia de genes TEM-135 Y TEM-220 en cepas de <i>neisseria gonorrhoeae</i> portadoras de plásmido de resistencia a betalactámicos	54
Propagación de los serotipos de Dengue en el Perú, 2010 – 2017	54
Vigilancia de la resistencia antimicrobiana de <i>neisseria gonorrhoeae</i> , en 7 regiones del Perú.....	55
Impacto de las inundaciones en la salud: una revisión sistemática y metaanálisis	55
Neutralización de letalidad en ratones (<i>mus musculus</i>) del veneno de serpiente (<i>bothrops atrox</i>) por suero hiperinmune de llama (<i>lama glama</i>)	56
Desarrollo del Query para el reporte automático de casos confirmados de Dengue, Zika y Chikungunya a partir del NETLAB V1.....	56
Co-circulación de dos serotipos de virus dengue y co-infección por virus Chikungunya región de Piura, Perú, 2017.....	57
Dispersión y análisis filogenético del virus mayaro en el Perú.....	57
Primeros brotes de Dengue (den2 asiático/americano) en departamento de Ica y su rápida diseminación entre el 2016 y 2017	58
Evaluación neurológica de 14 niños hijos de madres con Zika y de 4 niños con microcefalia en Jaén, Cajamarca, 2016	58
Caracterización del recién nacido de madres adolescentes y madres adultas en un hospital público de la provincia de Buenos Aires.....	59
Índice de autores	60

XI CONGRESO CIENTÍFICO INTERNACIONAL DEL INSTITUTO NACIONAL DE SALUD “RETOS PARA LA SALUD PÚBLICA EN EMERGENCIA Y DESASTRES”

Presentación

El Congreso Científico Internacional es el principal evento científico organizado por el Instituto Nacional de Salud, aborda diversos aspectos vinculados a la salud pública y genera un espacio de vinculación entre profesionales de salud, academia, investigadores, decisores gubernamentales, empresa y representantes de diversas instituciones de investigación.

En 2017 se realizó la décimo primera edición del congreso científico, el cual tuvo como foco temático “Retos para la salud pública en emergencias y desastres”. El objetivo del evento fue discutir diversos aspectos para lograr un abordaje integral de los principales daños a la salud que afectan a la población en riesgo durante los desastres naturales que ocurren en el Perú, así como discutir los factores que afectaron la prevención, y el control de daños.

Una de las actividades del congreso es el concurso de resúmenes de investigación, en el cual investigadores de diversas instituciones del Perú, presentaron sus investigaciones, siendo seleccionadas en mérito a su calidad científica los resúmenes compilados en la presente publicación. Agradecemos a los autores por la dedicación en sus investigaciones y el compromiso con la colectividad, por dar a conocer los resultados de sus investigaciones.

Esperamos que la publicación del *Libro de resúmenes del XI Congreso Científico Internacional del Instituto Nacional de Salud*, como material suplementario del volumen 34 de la Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública, contribuya a lograr una mayor difusión de los importantes hallazgos de los autores nacionales e internacionales.

Franco Romani
Editor Científico
Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE INTEGRONES DE CLASE 1 EN CEPAS DE *SALMONELLA INFANTIS* PRODUCTORAS DE BETALACTAMASAS DE ESPECTRO EXTENDIDO

Willi Quino¹, Verónica Hurtado¹, Efraín E Cabrera¹, María L Zamudio¹, Eduardo Juscamayta¹, Ronnie Gavilán¹

¹Centro Nacional de Salud Público, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: Determinar la presencia del Integrones de clase 1 en cepas de *Salmonella Infantis* productoras de betalactamasas de espectro extendido. Método: Estudio de tipo descriptivo transversal con muestreo por conveniencia. Se investigó la presencia de Integrones clase 1 y su relación con el antibiótico en cepas de *Salmonella Infantis*. La caracterización molecular de los genes *Int1*, *qacEΔ1*, *Sul1* y los genes asociados con la producción de betalactamasas (CTX-M, TEM, SHV) se realizaron por reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Resultados: Se estudiaron 216 aislados clínicos de *Salmonella Infantis*. Se detectó la presencia de Integrones clase 1 (*Int1*, *qacEΔ1*, *Sul1*) en todas las cepas de *Salmonella Infantis*, todas las cepas estudiadas presentaron betalactamasas tipo CTXM. Se determinaron 8 diferentes patrones de resistencia a los antibióticos, con resistencia del 100% a cloranfenicol (Chl), ampicilina (Amp), ácido nalidixico (Nal), nitrofurantoina (Nit), tetraciclina (Tcy), cefotaxima (Caz), el 100% presentó sensibilidad disminuida a ciprofloxacina (Cip) y el 95 % fue resistente a sulfametoxazol/trimetoprima (Sxt). Conclusión: Las diferentes estructuras genotípicas encontradas en el presente estudio nos indican que la evolución de las bacterias y su adaptación genética y fenotípica para sobrevivir son factores que ayudan a la aparición de cepas de *Salmonellas* multirresistentes, las que podrían provocar que la terapia antimicrobiana y la desinfección no tengan los resultados esperados.

Palabras clave: *Salmonella Infantis*, Integrones clase 1, Betalactamasas.

INGESTA DE MACRONUTRIENTES EN NIÑOS PERUANOS DE 6 A 35 MESES PERÚ 2015

Silvia Rosales Pimentel¹, Lucy De la Cruz Egoavil¹, Héctor Chávez Ochoa¹, José Rojas Macedo¹, Adolfo Aramburu La Torre¹, Rolando Maldonado Carrasco¹, Guillermo Luis Gómez Guizado¹, Rocío Valenzuela Vargas¹

¹Centro Nacional de Alimentación y Nutrición, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: Determinar la ingesta de macronutrientes en niños peruanos durante el año 2015. Método: Estudio transversal, estratificado y multietápico, realizado en tres ámbitos: Lima Metropolitana, Urbano y Rural, en un trimestre del 2015. Se incluyó a 79 conglomerados y evaluó 576 niños de 6 a 35 meses de la encuesta de Vigilancia Alimentaria y Nutricional

por Etapas de Vida. Se realizó recordatorio de 24 horas en una submuestra visitada en dos días no consecutivos y ajustada por variación intrasujeto e intersujeto. Se calculó el consumo de macronutrientes y se compararon con patrones de referencias de FAO/OMS/UNU. Se utilizó el Programa Software for Intake Distribution Estimation, que permitió obtener estimados de ingesta usual para cada sujeto de estudio. No incluyó lactancia materna. Resultados: La mediana de consumo de energía fue 999,0 Kcal/día (IC95% 962-1056). Solo el 60,5% (IC95%: 56,5-64,5) del total de niños cubre su requerimiento energético. Según ámbitos hubo diferencias entre Lima Metropolitana (71,8% IC95%: 65,7-78,0) y urbano (60,3%, IC95%: 52,6-67,9) con rural (40%, IC95%: 33,4-46,5). El consumo de proteína totales tuvo una mediana de 34,6 g/día (IC95% 32,6-36,6). El 94,2 % (IC95% 92,3-96,1) del total de niños cubre su requerimiento proteico. Según ámbito de estudio no hubo diferencias (Lima Metropolitana 97,7%, urbano 93,5% y rural 90,7%). El consumo de grasa total tuvo una mediana de 23,2 g/día (IC95% 21,8-24,5). El 11,8% (IC95% 9,2-14,5) del total de niños cubre su requerimiento de grasa. También hubo diferencias entre Lima Metropolitana (15%, IC95% 10,1-19,9) con ámbito rural (6,1%, IC95% 2,9-9,3), pero no con urbano (11,7%, IC95% 6,7-16,8). Conclusiones: El consumo de energía y grasas de niños es deficiente en el país, especialmente en ámbito rural. Tres de cada cinco niños cubrieron sus requerimientos en energía y uno de cada ocho sus requerimientos en grasa.

Palabras clave: Vigilancia nutricional, encuestas nutricionales, consumo de alimentos.

CONSUMO DE MICRONUTRIENTES EN NIÑOS PERUANOS DE 6 A 35 MESES PERÚ 2015

Silvia Rosales Pimentel¹, Lucy De la Cruz Egoavil¹, Héctor Chávez Ochoa¹, José Rojas Macedo¹, Adolfo Aramburu La Torre¹, Rolando Maldonado Carrasco¹, Guillermo Luis Gómez Guizado¹, Rocío Valenzuela Vargas¹

¹Centro Nacional de Alimentación y Nutrición, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: Determinar la ingesta de micronutrientes en niños durante el año 2015. Método: Estudio transversal, estratificado y multietápico, en tres ámbitos: Lima Metropolitana, urbano y rural, en un trimestre del 2015. Se incluyó a 79 conglomerados y evaluó 576 niños de 6 a 35 meses de la encuesta de Vigilancia Alimentaria y Nutricional por Etapas de Vida. Se realizó el recordatorio de 24 horas, en una submuestra visitada en dos días no consecutivos y ajustada por variación intrasujeto e intersujeto. Se calculó el consumo de hierro, zinc y vitamina A y se compararon con patrones de referencias de FAO/OMS/UNU. Se utilizó el Programa Software for Intake Distribution Estimation, que permitió obtener estimados de ingesta usual para cada sujeto de estudio. Incluyó suplementación, pero no lactancia materna. Resultados: La mediana de consumo de hierro total fue 6,6 mg/día (IC95% 6,3-7,1). El 57,7% (IC95% 53,7-61,8) cubrió su requerimiento, las cuales mostraron diferencias según edad: 06-11 meses (35,8%), 12-23 meses (53,5%) y 24-35 meses (72,2%);

y hubo diferencia entre Lima Metropolitana (67,0%) y rural (46,1%), pero no con urbano (56,5%). En el consumo de zinc, la mediana fue 4,0 mg/día (IC95% 3,6-4,3). El 72,6% (IC95% 69,0-76,3) cubrió su requerimiento, con diferencias entre 06-11 meses (49,6%) y otras edades (12-23 meses 76,2%, y 24-35 meses 80,1%); y entre Lima Metropolitana (80,9%) y urbano (72,7%) con rural (56,2%). La mediana de consumo de vitamina A fue 602,1 µgRE/día (IC95% 508,1-664,3). El 80,9% (IC95%:77,6-84,1) cubrió su requerimiento, también con diferencias entre 06-11 meses (68,0%) y otras edades (12-23 meses 83,9% y 24-35 meses 84,0%); y entre Lima Metropolitana (88,0%) y urbano (79,8%) con rural (72,5%). Conclusiones: El consumo de hierro y zinc fue deficiente en niños, especialmente en menores de un año y en ámbito rural.

Palabras clave: Vigilancia nutricional, encuestas nutricionales, consumo de alimentos.

4

DIVERSIDAD ALIMENTARIA MÍNIMA EN LOS NIÑOS PERUANOS ENTRE 6 Y 23 MESES DE EDAD

Silvia Rosales Pimentel¹, Lucy De la Cruz Egoavil¹, Héctor Chávez Ochoa¹, José Rojas Macedo¹, Adolfo Aramburu La Torre¹, Rolando Maldonado Carrasco¹, Guillermo Luis Gómez Guizado¹, Rocío Valenzuela Vargas¹

¹Centro Nacional de Alimentación y Nutrición, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: Determinar la diversidad alimentaria mínima en niños durante el año 2015. Métodos: Estudio transversal, estratificado y multietápico, en tres ámbitos: Lima Metropolitana, urbano y rural, en un trimestre 2015. Se incluyó a 79 conglomerados y evaluó 370 niños de 6 a 23 meses de la encuesta de Vigilancia Alimentaria y Nutricional por Etapas de Vida. Se realizó el recordatorio de 24 horas, en una submuestra visitada en dos días no consecutivos y ajustada por variación intrasujeto e intersujeto. La Diversidad Alimentaria Mínima fue el consumo de al menos cuatro de los siete grupos de alimentos, el día anterior a la entrevista. Resultados: El 70% de los niños tuvo una Diversidad Alimentaria Mínima (DAM), con diferencias por edad: 6-11 meses (45,7%), 12-17 meses (81,2%) y 18-23 meses (82,6%). En Lima Metropolitana (83,6%) hubo mejor DAM que en el ámbito urbano (65,3%) y rural (62,0%). Según los grupos de alimentos, los más frecuentemente consumidos fueron granos y tubérculos (96,4%) y otras frutas y verduras (79%), seguidos de cerca de lácteos (73,1%) y carnes (62,2%). Las frutas y verduras ricas en vitamina A (41,7%), huevo (39,8%) y menestras (25,6%) fueron los menos consumidos. Según la edad (06-11m, 12-17m y 18-23m respectivamente), el consumo de granos, tubérculos y frutas y verduras ricas en vitamina A fueron similares; otras frutas y verduras (56%, 89% y 91%), lácteos (59%, 73% y 85%), carnes (44%, 74% y 69%), huevos (27%, 38% y 52%) se elevaron con la edad; mientras las menestras (24%, 36% y 19%) disminuyeron. Conclusiones: La Diversidad Alimentaria Mínima no es adecuada en menores de un año, con reducido consumo de carnes, huevos y menestras. El grupo de alimento más consumido fue granos y tubérculos.

Palabras clave: Vigilancia nutricional, encuestas nutricionales, consumo de alimentos.

5

PREVALENCIA DE ANEMIA EN MENORES DE 35 MESES EN TRES ÁMBITOS DEL PERÚ 2015

Lucy De la Cruz Egoavil¹, Silvia Rosales Pimentel¹, Héctor Chávez Ochoa¹, José Rojas Macedo¹, Adolfo Aramburu La Torre¹, Rolando Maldonado Carrasco¹, Teresa Jordán Lechuga¹, Guillermo Luis Gómez Guizado¹, Rocío Valenzuela Vargas¹

¹Centro Nacional de Alimentación y Nutrición, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: Determinar la prevalencia de anemia en niños menores de 35 meses a nivel nacional y por ámbitos en el 2015. Métodos: Estudio descriptivo transversal, aleatorio, estratificado y multietápico, en tres ámbitos: Lima Metropolitana y Callao, resto urbano y rural, de la Vigilancia Alimentaria y Nutricional por Etapas de Vida (VIANEV) del Centro Nacional de Alimentación y Nutrición (CENAN) del Instituto Nacional de Salud (INS) realizada el año 2015. Se realizó en 79 conglomerados a 670 niños menores de 3 años. Se obtuvo muestra de sangre capilar leído por espectrofotómetro portátil y ajustado por altitud a través del método CDC PNSS. La anemia se basó en los criterios OMS en niños de 6-59 meses (Hemoglobina < 11,0 g/dl) y en niños 3 a 5 meses (Hemoglobina < 9,5 g/dl). Resultados: La anemia afectó al 54,6% de niños de 6 a 35 meses. En niños de 3 a 5 meses alcanzó a 30,6%. Entre 6 a 8 meses fue 66,6%, manteniéndose en 69,5% a los 9 a 11 meses, y disminuyó progresivamente a 59,9% (12-17 meses), 59,1% (18-23 meses), 53,4% (24-29 meses), hasta 33,9% (30-35 meses). No hubo diferencias entre género masculino y femenino (50,2% vs 50,9%). En Lima Metropolitana (32,7%, IC95% 32,5 - 33,0%) mostró diferencias con los ámbitos urbano (55,2%, IC95% 55,0-55,3%) y rural (64,5%, IC95% 64,2 - 64,9%), y también hubo diferencias entre urbano y rural. Conclusiones: La prevalencia de anemia es un problema de salud pública desde antes de los 6 meses de edad en el Perú; y mostró importantes diferencias entre Lima Metropolitana con los ámbitos rural y urbano.

Palabra clave: Anemia, infantes, preescolares.

6

PREVALENCIA DE ANEMIA EN ESCOLARES DE PRIMARIA EN TRES ÁMBITOS DEL PERÚ 2015

Lucy De la Cruz Egoavil¹, Silvia Rosales Pimentel¹, Héctor Chávez Ochoa¹, José Rojas Macedo¹, Adolfo Aramburu La Torre¹, Rolando Maldonado Carrasco¹, Juan Carlos Barboza Del Carpio¹, Teresa Jordán Lechuga¹, Inés Fernández Tinco¹, Guillermo Luis Gómez Guizado¹, Rocío Valenzuela Vargas¹

¹Centro Nacional de Alimentación y Nutrición, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: Determinar la prevalencia de anemia en escolares del nivel primario a nivel nacional y por ámbitos en el 2015.

Métodos: Estudio descriptivo transversal, probabilístico, estratificado y bietápico, en tres ámbitos: Lima Metropolitana y Callao, resto urbano y rural. La información proviene de la Vigilancia Alimentaria y Nutricional por Etapas de Vida (VIANEV) del Centro Nacional de Alimentación y Nutrición (CENAN) del Instituto Nacional de Salud (INS) realizada el año 2015. Se realizó en 126 instituciones educativas de nivel primario, a 602 escolares entre hombres y mujeres de 6 a 13 años. Se obtuvo muestra de sangre capilar leído por espectrofotómetro portátil y ajustado por altitud a través del método CDC PNSS. La anemia se basó en los criterios OMS 2011 para niños de 5-11 años (hemoglobina < 11,5 g/dl%) y para niños de 12 -14 años (hemoglobina <12,0g/dl). Resultados: La anemia afectó al 7,7% (IC 95% 5,2% - 11,21%) de escolares de 6 a 13 años. Fue menos frecuente en varones que en mujeres (7,3%, IC95% 4,3% - 12,3% versus 8,1%, IC95% 4,9% - 12,9%); en instituciones educativas privadas que públicas (6,9%, IC95% 4,3% - 10,9% versus 11,5%, IC95% 7,1% - 18,0%) y en Lima Metropolitana que urbano (4,2%, IC95% 2,2% - 8,1% versus 7,8%, IC95% 4,4% - 13,4%), y menos frecuente en este último respecto al ámbito rural (11,8%, IC95% 5,6% - 23,3%). Conclusiones: La anemia es un problema de salud pública de leve magnitud en instituciones educativas de nivel primario, siendo frecuente en el ámbito rural e instituciones educativas públicas.

Palabras clave: Prevalencia, anemia, Perú, educación primaria

7

CALIDAD DE AGUA DE CONSUMO HUMANO EN HOGARES EN TRES ÁMBITOS DEL PERÚ, 2015

Lucy De la Cruz Egoavil¹ Silvia Rosales Pimentel¹, Héctor Chávez Ochoa¹, José Rojas Macedo¹ Adolfo Aramburu La Torre¹, Juan Carlos Barboza Del Carpio¹, Rolando Maldonado Carrasco¹, Teresa Jordán Lechuga¹, Inés Fernández Tinco¹, Guillermo Luis Gómez Guizado¹ Rocío Valenzuela Vargas¹

¹ Centro Nacional de Alimentación y Nutrición, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: Determinar la calidad del agua de consumo humano en los hogares de los niños menores de 35 meses durante el año 2015. Métodos: Estudio transversal, estratificado y multietápico, en tres ámbitos: Lima Metropolitana, urbano y rural. La información proviene de la Vigilancia Alimentaria y Nutricional por Etapas de Vida del Centro Nacional de Alimentación y Nutrición del Instituto Nacional de Salud realizada en el año 2015. Se realizó en 79 conglomerados y evaluó 685 muestras de agua para consumo en el mismo hogar. La calidad se midió por concentración mínima de cloro residual y utilizó Colorimetría visual (Aquamerck® Chlorine test). Los niveles fueron: adecuado ($\geq 0,5$ mg/L de cloro libre), insuficiente (< 0,5 mg/L) y sin cloración. Se midió presencia/ausencia de coliformes totales y E. Coli para calidad microbiológica, las muestras fueron incubadas en laboratorios referenciales y se utilizó el método descrito por Merck, ReadyCult® Coliforms. Resultados: La proporción de agua clorada adecuadamente a nivel nacional fue de

33,2% (IC95% 29,7–36,7%); en Lima Metropolitana fue 68,0% (IC95% 62,2–73,8%), mientras que en el ámbito urbano solo de 25,2% (IC 95% 18,8–31,6%). En el ámbito rural fue prácticamente inexistente 0,2% (IC95% 0,0–0,8%). A nivel nacional, la evaluación del consumo de agua libre de coliformes totales y E Coli fue de 47,4% (IC95% 43,7–51,2%). La proporción en hogares de Lima Metropolitana fue de 80% (IC95% 75,0–85,0%), mientras que en el ámbito urbano fue 41,0% (IC95% 33,8–48,3), y en el rural solo alcanzó a 11,6% (IC95% 7,7–15,5%). Conclusiones: La población rural no cuenta con agua segura para consumo y en ámbito urbano no alcanzó a la mitad de los hogares, situación que afecta la salud de la población.

Palabras clave: Vigilancia sanitaria ambiental, salud ambiental, calidad de agua, control de calidad del agua.

8

CONCENTRACIÓN DE YODO EN SAL YODADA DE CONSUMO EN HOGARES DE NIÑOS MENORES DE 36 MESES EN EL PERÚ, 2015

José Rojas Macedo¹ Rolando Maldonado Carrasco¹, Lucy De la Cruz Egoavil¹ Héctor Chávez Ochoa¹, Silvia Rosales Pimentel¹, Adolfo Aramburu La Torre¹, Juan Carlos Barboza Del Carpio¹, Guillermo Luis Gómez Guizado¹ Rocío Valenzuela Vargas¹

¹ Centro Nacional de Alimentación y Nutrición. Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: Determinar la concentración de yodo en sal de consumo en hogares de niños menores de 36 meses en Perú. Métodos: Estudio transversal, estratificado y multietápico, en 3 ámbitos (Lima Metropolitana, Urbano y Rural), realizado en 2015. Se recogió datos en 681 hogares de 79 conglomerados. Se realizó evaluación cualitativa mediante prueba rápida basada en método por colorimétrico con reactivo Yoditest®. Se solicitó una muestra de sal para cocinar que empleaba la familia de los niños seleccionados, se agregó una gota del reactivo Yoditest®, se observó el cambio de color de la reacción y se comparó con la escala (0, >7, >15 y >30 ppm). Resultados: A nivel nacional, el 80,6% (IC95% 80,4–80,6) de hogares de niños menores de 36 meses consume sal con yodo superior a 30 ppm, con diferencia sustancial al consumo superior a 15 ppm de 10,8% (IC95% 10,5–11,0). Las diferencias son similares en grupos etarios y según género. También hubo diferencias entre ámbitos para la concentración de yodo, la proporción de muestras de sal con yodo superior a 30 ppm fue en Lima Metropolitana (90,2%, IC95% 90,0–90,3), urbano (78,7%, IC95% 78,5–78,8) y rural (69,8%, IC95% 69,4–70,1); y con concentración superior a 15 ppm: Lima Metropolitana (7,5%, IC95% 7,0–7,9), urbano (10,9%, IC95% 10,6–11,1) y rural (16,9%, IC95% 16,2–17,4). Conclusiones: Se encontró que el consumo de sal adecuadamente yodada (mayor a 15 ppm) en los hogares estuvo por encima del 85%, con diferencias según ámbitos. Una proporción mayoritaria estuvo consumiendo sal yodada mayor a 30 ppm.

Palabras clave: Yodo, deficiencia de yodo, trastornos nutricionales.

ESTADO NUTRICIONAL EN NIÑOS PERUANOS MENORES DE TRES AÑOS, 2015

Héctor Chávez Ochoa¹, Lucy De la Cruz Egoavil¹, Silvia Rosales Pimentel¹, José Rojas Macedo¹, Adolfo Aramburu La Torre¹, Juan Carlos Barboza Del Carpio¹, Rolando Maldonado Carrasco¹, Guillermo Luis Gómez Guizado¹, Rocío Valenzuela Vargas¹

¹Centro Nacional de Alimentación y Nutrición, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivos: Describir el estado nutricional de los niños peruanos menores de 3 años. Métodos: Estudio transversal, probabilístico, aleatorio, estratificado y multietápico en tres dominios (Lima Metropolitana, urbana y rural), realizado en 2015. Incluyó 80 conglomerados y se evaluó 684 niños de 0 a 35 meses. Se definió desnutrición crónica (T/E < -2 Z-score), sobrepeso (P/T >2 y <3 Z score) y obesidad (P/T >=3 Z score), según clasificación OMS 2006. Resultados: La desnutrición crónica afectó al 13,5% (IC 95%: 13,4-13,6) con diferencias según ámbitos rural (29,2%), urbano (13,5%) y Lima Metropolitana (5,8%); entre hombres (15,8%) y mujeres (10,9%) y según la edad: 0 a 5 meses (3,4%), 6 a 11 meses (7,5%), 12 a 23 meses (14,1%) y de 24 a 35 meses (19,7%). El sobrepeso comprendió al 4,6% (IC 95% 4,5-4,6) también con diferencias entre Lima Metropolitana (7,2%), urbano (3,8%) y rural (3,1%); entre hombres (5,2%) y mujeres (3,8%) y según la edad: 0 a 11 meses (5,3%), 12 a 23 meses (4,4%) y de 24 a 35 meses (4,1%). La obesidad afectó al 2,3% (IC95% 2,3-2,4), igualmente con diferencias entre Lima Metropolitana (4,7%), urbano (1,8%) y rural (0,0%); y entre hombres (3,2%) y mujeres (1,4%), pero no según la edad: 0 a 11 meses (3,2%), 12 a 23 meses (1,5%) y de 24 a 35 meses (2,4%). Conclusiones: La desnutrición crónica afectó más a los niños, principalmente en el ámbito rural. El exceso de peso resultó mayor en el ámbito urbano, sobretodo en Lima Metropolitana. Es relevante el incremento de la desnutrición crónica con la edad, a diferencia del sobrepeso.

Palabras clave: Trastornos nutricionales, Sobrepeso, Obesidad, preescolares.

10

ESTADO NUTRICIONAL EN ESCOLARES PERUANOS DE NIVEL PRIMARIO, 2015

Héctor Chávez Ochoa¹, Lucy De la Cruz Egoavil¹, Silvia Rosales Pimentel¹, José Rojas Macedo¹, Adolfo Aramburu La Torre¹, Juan Carlos Barboza Del Carpio¹, Rolando Maldonado Carrasco¹, Guillermo Luis Gómez Guizado¹, Rocío Valenzuela Vargas¹

¹Centro Nacional de Alimentación y Nutrición, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: Describir el estado nutricional de los escolares peruanos del nivel primario. Métodos: Estudio transversal

probabilístico, estratificado y bietápico con inferencia por ámbitos (Lima Metropolitana, urbana y rural). Incluyó 126 instituciones educativas (IE) del nivel primario del universo de IE del país. Se evaluó 605 escolares. Se definió talla baja (T/E < -2 Z-score), sobrepeso (IMC/edad >+1 a +2 Z score) y obesidad (IMC/edad > +2 Z score), según clasificación OMS 2007. Resultados: La talla baja afectó al 12,6% (IC 95%: 9,8-16,0) de los escolares, siendo más frecuente en el ámbito rural (22,7%), que el urbano (12,4%) y Lima Metropolitana (4,8%); en varones (14,4%) que en mujeres (10,8%); y en IE públicas que en IE privadas (14,3 vs. 4,4% respectivamente). El sobrepeso afectó al 20,7% (IC 95%: 16,9-25,1), fue más prevalente en el ámbito urbano (24,5%) y Lima Metropolitana (26,6%) respecto al rural (3,9%). En el sexo femenino la prevalencia fue de 22,7% y en varones fue 18,6%; en IE privadas fue mayor que en IE públicas (28,7 vs.19,0%, respectivamente). La obesidad afectó al 9,0% (IC 95%: 6,3-12,7); también fueron más frecuentes en ámbitos urbano (9,7%) y Lima Metropolitana (14,4%) respecto al rural (0,5%); en varones (12,7%) que en mujeres (5,4%); y en IE privadas que en IE públicas (16,7 vs. 7,4 %, respectivamente). Conclusiones: La Talla baja afectó a uno de cada ocho escolares, siendo frecuente entre varones, en el ámbito rural y en IE públicas. El exceso de peso (sobrepeso más obesidad) resultó siendo frecuente en IE privadas y urbanas, destacándose Lima Metropolitana.

Palabras clave: Trastornos nutricionales, estatura por edad, sobrepeso, obesidad, niño.

11

ENTEROPARÁSITOS ZONÓTICOS DE PERROS (*CANIS LUPUS FAMILIARIS*) DOMICILIADOS EN UN ASENTAMIENTO HUMANO DE UN DISTRITO DE LIMA METROPOLITANA

Mónica Cama¹, Karen Barboza¹, Rodrigo Ayala¹, Gabriela Quispe¹, Abraham Carbajal¹, Nathaly Rivas¹ y Gianfranco Reyes¹

¹Laboratorio de Parasitología Humana y Animal, Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM, Perú

Objetivos: Identificar y determinar la prevalencia de enteroparásitos zoonóticos en perros (*Canis lupus familiaris*) que conviven con los pobladores del AA HH Las Terrazas de Pamplona Alta, distrito de San Juan de Miraflores. Métodos: Fueron recolectadas 37 muestras fecales de canes con consentimiento del propietario, entre los meses de noviembre y diciembre 2016. Las muestras se analizaron mediante los métodos directo, sedimentación rápida y flotación de Willis-Molloy. La identificación morfométrica de las especies parasitarias se realizó en un microscopio de contraste de fases Karl Zeiss. Resultados: Se halló una proporción del 48,6% de enteroparásitos y los agentes zoonóticos más frecuentes fueron los Ancylostomídeos 56,8% (21/37), *Toxocara canis* 18,9% (7/37), *Strongyloides* sp. 8,1% (3/37), *Giardia intestinalis* 2,7%. (1/37), *Blastocystis* sp. 2,7% (1/37) y el comensal *Entamoeba coli* 2,7% (1/37). Conclusiones: Se destaca la elevada frecuencia de enteroparásitos zoonóticos en los perros

domiciliados en el AAHH Las Terrazas de Pamplona Alta, lo cual está asociado con las condiciones socioeconómicas de los pobladores y las características geográficas del lugar que favorecen la transmisión y su prevalencia.

Palabras clave: Zoonosis, enteroparasitosis, Ancylostomideos, Toxocara canis

12

SOBREPESO Y OBESIDAD EN ESCOLARES PERUANOS DEL NIVEL PRIMARIO, PERIODO 2013-2014

Carolina Tarqui-Mamani^{1,2}, Doris Alvarez-Dongo¹, Paula Espinoza-Oriundo¹

¹Centro Nacional de Alimentación y Nutrición, Instituto Nacional de Salud Perú,

²Departamento de Medicina Preventiva y Salud Pública, Universidad Nacional Mayor de San Marcos

Objetivo: Determinar la prevalencia y factores asociados al sobrepeso y obesidad en escolares peruanos. Métodos: Estudio transversal durante el 2013-2014. El muestreo probabilístico, estratificado multietápico. La muestra incluyó 1191 conglomerados con 7914 viviendas (área urbana: 4842 y rural: 3072) distribuidas en el Perú. Se evaluó 2801 escolares entre 5 a 13 años. Se empleó el Z score del índice de masa corporal (ZIMC) según OMS. Se consideró sobrepeso (ZIMC>1 y =2) y obesidad (ZIMC>2). El procesamiento se realizó mediante muestras complejas y se ajustó por factor de ponderación. Se calcularon porcentajes y regresión logística. Resultados: El 18,1% presentaron sobrepeso y 14,1% obesidad. El sobrepeso predominó en los varones (18,7%), edad de 8 a 10 años (19,6%), no pobres (21,2%), zona urbana (21,6%), Lima Metropolitana (22,8%) y Costa (22,7%). El sobrepeso se asocia a la no pobreza (OR=1,9), área urbana (OR=1,7), Lima Metropolitana (OR=1,9) y Costa (OR=1,6). La obesidad predominó en varones (19,1%), edad de 8 a 10 años (17,9%), no pobres (18,5%), área urbana (20,2%), Lima Metropolitana (28,0%) y Costa (18,2%). La obesidad se asocia al sexo masculino (OR=3,1), nivel educativo secundario (OR=1,8) o superior (OR=2,5) del jefe del hogar, no pobre (OR=9,2), área urbana (OR=3,4), Lima Metropolitana (OR=4,8) y Costa (OR=2,9). El sobrepeso fue más prevalente en Tacna (34,7%), Moquegua (31,0%), La Libertad (27,0%), Callao (26,6%) y Lambayeque (23,6%). La mayor prevalencia de obesidad se presentó en Lima (27,5%), Madre de Dios (26,8%), Callao (26,4%), La Libertad (22,4%) y Tacna (20,8%). Conclusiones: La prevalencia de obesidad y sobrepeso es moderada. Residir en el área urbana, Lima Metropolitana, costa y no pobre se asocian al sobrepeso. El sexo masculino, no pobre, mayor nivel educativo del jefe del hogar, residir en área urbana, Lima Metropolitana y costa se asocian a la obesidad en escolares.

Palabras clave: Sobrepeso, obesidad, salud escolar, niño, estudiantes

13

MICROARNS EXOSOMALES COMO BIOMARCADORES EN EL DIAGNÓSTICO TEMPRANO DE ADENOCARCINOMA DE PULMÓN DE CÉLULAS NO PEQUEÑAS (APCNP) EN PACIENTES PERUANOS

Heinner Guio¹, Marco Galarza¹, Oscar Pellon¹, Henry Gomez², Mivael Olivera², Luis Jaramillo¹, Carlos E. Vigil², Vinicius Maracaja³

¹Laboratorio de Biotecnología y Biología Molecular, Instituto Nacional de Salud, Perú

²Departamento de Medicina, Instituto Nacional de Enfermedades Neoplásicas, Perú

³Centro de Genómica y Bioinformática, Universidad Mayor, Chile

Objetivo: identificar la expresión de microARNs en pacientes diagnosticados con APCNP, tuberculosis (TB) activa y TB latente en comparación con controles sanos. Métodos: El trabajo siguió el diseño de un estudio mixto: prospectivo (pacientes con APCNP), retrospectivo (pacientes con diagnóstico TB latente y TB activa) y descriptivo. Un total de 14 muestras de suero fueron seleccionadas, de los cuales cuatro fueron controles sanos, tres pacientes con diagnóstico de TB latente, tres pacientes con diagnóstico de TB activa y cuatro pacientes con diagnóstico de APCNP. Se utilizó la metodología RNAseq para el secuenciamiento de ARN total a partir de suero e investigar la expresión diferencial de microARNs. Las librerías fueron analizadas en el secuenciador de próxima generación Hi-seq (Illumina Inc.). El análisis de datos a partir de las corridas de RNA-seq se realizó con programas bioinformáticos que nos permitieron identificar la expresión diferencial de microARNs en cada uno de los grupos analizados. Resultados: Se identificaron marcadas diferencias en la expresión de genes de ARNs presentes en controles sanos, pacientes con TB latente, TB activa y APCNP. Considerando un p-valor < 0.01 se identificaron un total de 2708 genes expresados diferencialmente. En APCNP (1873 genes), TB activa (159 genes) y TB latente (141 genes) fueron expresados diferencialmente en comparación con los controles sanos. Cuando se comparó el APCNP con TB activa y TB latente, se identificaron 275 y 259 genes expresados respectivamente. Así mismo, se identifica 1 solo gen expresado diferencialmente entre TB activa y TB latente. En el análisis de expresión diferencial de microARNs exosomales, se identificaron 3 microARNs específicos para APCNP: miR-200A, miR-485 y miR-7977 que fueron los más sobre-expresados en comparación con los controles sanos. Conclusiones: miR-200, miR-485 y miR-7977 podrían ser usados como potenciales biomarcadores para el diagnóstico temprano del APCNP en países con alta incidencia de TB como el nuestro. Consideramos necesario realizar estudios adicionales para validar la posible aplicación de estos microARNs exosomales en respuesta al tratamiento y monitoreo de la enfermedad.

Palabras clave: Cáncer, tuberculosis latente, tuberculosis activa, microARNs

BROTE DE HISTOPLASMOSIS PULMONAR AGUDA EN TRABAJADORES DE SALUD EN AUCAYACU, DISTRITO DE JOSÉ CRESPO, REGIÓN DE HUÁNUCO, 2015

Luis Fernando Donaires Toscano¹, Susana Rosa Zurita Macalupu¹, Flor Cecilia Urcia Ausejo¹, Paul Esteben Pachas Chavez¹

¹Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: Identificar el agente etiológico de un brote de síndrome febril y describir sus características clínicas.

Métodos: Realizamos un estudio de cohorte, entre agosto a diciembre del 2015; enrolamos a 15 de los 21 trabajadores de salud de un distrito de la región Huánuco. En el Centro Nacional de Salud Pública aplicamos una ficha de investigación clínica-epidemiológica, colectamos muestras seriadas de esputo y sangre para realizar cultivo de hongos. En las muestras de suero pareadas se realizaron las pruebas de inmunodifusión para histoplasmosis, ELISA para dengue, oropuche y mayaro; ELISA y MAT para leptospiras, IFI para rickettsias. La evaluación radiológica se realizó en el Instituto Nacional de Salud. Fueron definidos como casos de histoplasmosis pulmonar aguda a aquellos sujetos en los que se logró aislar el *Histoplasma capsulatum*, seroconversión a las pruebas de inmunodifusión, y a aquellos casos que presentaron antecedentes de exposición y cursaron con clínica respiratoria o infiltrado pulmonar en las imágenes radiológicas. Resultados: La mediana de la edad fue 51 años (RI: 36-56), el 66,7% (10/15) fueron mujeres. La mediana del tiempo de exposición en la cueva fue de 28 minutos (RI: 10-30) y la del periodo de incubación 16 días (RI: 14-18); el 73,3% (11/15) fueron sintomáticos. Los síntomas más frecuentes fueron: tos, cefalea, malestar general, fiebre, expectoración, odinofagia, disnea, mialgias y artralgias. En las radiografías de tórax de 7 de 11 sujetos evaluados observamos infiltrado retículo-intersticial bibasal de diverso grado. En 9 de los 11 sujetos sintomáticos expuestos iniciamos tratamiento vía oral con itraconazol. Aislamos *Histoplasma capsulatum* en los cultivos de las tres muestras de esputo de dos casos (2/11) y un tercer caso seroconvirtió en la prueba de inmunodifusión para histoplasmosis a las cuatro semanas de enfermedad (1/11). La letalidad fue de 0%. Conclusiones: Confirmamos como agente etiológico del brote al *Histoplasma capsulatum* por criterio epidemiológico, clínico, radiológico y de laboratorio. Los síntomas principales fueron de tipo respiratorio y generales.

Palabras clave: Histoplasmosis pulmonar aguda, *histoplasma capsulatum*, trabajador de salud.

ANÁLISIS EXPRESIÓN GÉNICA DE MIR-21, MIR-29A, MIR-99B Y MIR-155 PARA DIAGNÓSTICO DIFERENCIAL DE TUBERCULOSIS LATENTE Y ACTIVA EN POBLACIÓN PERUANA

José Yareta¹, Marco Galarza¹, Oscar Pellon¹, Heininger Guio¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Lima, Perú

Objetivos: analizar la expresión de un perfil de microARNs para el diagnóstico diferencial de tuberculosis (TB) latente y TB activa. Métodos: se realizó un estudio retrospectivo. Un total de 30 muestras de suero fueron seleccionadas, de los cuales 10 fueron controles sanos, 10 pacientes con diagnóstico de TB latente y 10 pacientes con diagnóstico de TB activa. Se extrajo el ARN con kit comercial (miRNeasy, Qiagen), la síntesis de cDNA y posterior PCR en tiempo real se realizó utilizando kit comercial (TaqMan® MicroRNA Assays, Life Technologies). Se utilizó RNU48 como gen normalizador (*housekeeping gene*). La detección de Ct (threshold cycle) para cada microARN se realizó en el equipo Rotogene Q (Qiagen). Cada muestra se corrió por duplicado. El análisis de expresión diferencial de miR-21, miR-29a, miR-99b y miR-155 se realizó por el método de Ct comparativo o $2^{-\Delta\Delta Ct}$ (Método de Livak). Resultados: los resultados de cuantificación relativa por PCR en tiempo real muestran valores de Ct diferentes en cada curva de fluorescencia para los microARNs miR-21, miR-29a, miR-99b y miR-155 respecto al normalizador RNU48, los cuales nos dan un perfil de expresión diferencial respecto a controles sanos. El nivel de expresión de miR-21 fue mayor en pacientes con TB activa. No hay diferencias en la expresión diferencial de miR-99b en pacientes con TB latente y TB activa. Los microARNs miR-29a y miR-155 presentan mayor expresión diferencial en pacientes con TB latente. Conclusiones: miR-21 podría ser considerado como biomarcador para diagnóstico de TB activa, mientras que miR-29a y miR-155 podrían ser usados como biomarcadores para diagnóstico de TB latente. Es necesario la validación de estos microARNs en una población mayor de pacientes, así mismo explorar la expresión diferencial de otros microARNs específicos.

Palabras clave: microARNs, diagnóstico, tuberculosis.

MORTALIDAD ATRIBUIDA A DIABETES MELLITUS REGISTRADA EN EL MINISTERIO DE SALUD DEL PERÚ, 2005-2014

Noé Atamari-Anahui¹, Maycol Suker Ccorahua-Rios¹, Alvaro Taype-Rondan², Christian R. Mejía³

¹Escuela de Medicina, Universidad Nacional San Antonio Abad del Cusco. Perú.

²CRONICAS Centro de Excelencia en Enfermedades Crónicas, Universidad Peruana Cayetano Heredia. Perú

³Escuela de Posgrado, Universidad Privada Antenor Orrego. Perú.

Objetivo: Describir la mortalidad atribuida a diabetes mellitus (DM) registrada en el Ministerio de Salud (MINS) peruano. Métodos: Se realizó un estudio descriptivo transversal, basado en un análisis secundario de la base de datos de registros de defunción atribuida a DM del MINS-Perú, para el periodo del 2005-2014. Se consideró mortalidad atribuida a DM a aquellos registros que tuvieron como causa

básica de muerte a la DM. La data fue presentada de forma agregada usando estadísticos descriptivos y representación geoespacial, tomando en cuenta las tasas según las regiones naturales y departamentos del Perú. Se utilizó la prueba estadística de correlación de Spearman, para evaluar la asociación entre la diferencia de las tasas de mortalidad y el índice de desarrollo humano. El estudio realizó un análisis de datos secundarios que fueron obtenidos de una web de acceso público. Dichos datos no permitieron identificar a los sujetos. Resultados: En los 10 años evaluados, se observaron 25 074 registros que tuvieron como causa básica del fallecimiento la DM. La mortalidad atribuida a DM por cada 100 mil habitantes se incrementó entre el 2005 y 2014, de 148,6 a 241,9. La mortalidad atribuida a DM representó el 2,7% de los fallecimientos registrados para el periodo evaluado: 3,5% en la costa, 1,4% en la sierra, y 2,5% en la selva. Al evaluar el incremento en la mortalidad atribuida a DM (por 100 000 habitantes) entre el periodo 2005-2006 y el periodo 2013-2014, encontramos que los departamentos con mayor incremento fueron Moquegua (12,5), Lambayeque (9,5) y Piura (8,9). Se encontró una asociación entre el índice de desarrollo humano y la diferencia de tasas de mortalidad atribuidas a DM (Rho de Spearman: 0,41; valor $p=0,04$). Conclusiones: La mortalidad atribuida a la DM ha aumentado, fue mayor en la costa, intermedia en la selva y menor en la sierra. Algunos departamentos tuvieron mayor incremento de mortalidad. Hubo asociación entre la mortalidad y el índice de desarrollo humano.

Palabras clave: Diabetes mellitus, mortalidad, registros de mortalidad, Perú

17

FACTORES INFLUYENTES EN LA UTILIZACIÓN DE PRÓTESIS PARCIAL REMOVIBLE EN PACIENTES DEL SERVICIO DE ESTOMATOLOGÍA DEL HOSPITAL NACIONAL ARZOBISPO LOAYZA

Jean Paul Cirilo Jacobo¹, Pamela Roxana Chacón Uscamaita¹, Sergio Francisco Alvarado Menacho¹

¹Facultad de Odontología, Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú.

Objetivo: Determinar los factores que influyen en el uso de la prótesis parcial removible (PPR). Métodos: Se realizó un estudio observacional, descriptivo y transversal. Se examinó pacientes entre 35 y 85 años que acudieron al servicio de Estomatología del Hospital Nacional Arzobispo Loayza, durante el periodo mayo - junio del 2017. La muestra fue seleccionada mediante un muestreo aleatorio simple. Se trabajó con 182 pacientes. Los factores evaluados fueron los inconvenientes reportados por los pacientes con uso actual, y los que generaron el desuso en los pacientes sin uso actual. Se registró también el sexo, edad, material, ubicación, tiempo y motivo de uso de la prótesis. Los datos

se procesaron a través del programa estadístico SPSS v.24. Se trabajó con un nivel de significancia $p<0,05$ en la prueba de Chi Cuadrado para evaluar la asociación entre la presencia de inconvenientes y otros factores. Resultados: de 182 pacientes 138 usaban PPR actualmente, 44 no usaban, pero habían tenido experiencia con ellas. La frecuencia de inconvenientes en el uso de PPR fue de 55,2% en prótesis usadas actualmente y 84,1% de las prótesis sin uso actual. Los inconvenientes más frecuentes en los pacientes con uso actual fueron: aflojamiento de la prótesis, dificultades en la masticación, dolor en la masticación, dificultades fonéticas y rotura del retenedor. Mientras los que generaron desuso de las prótesis fueron: dificultades en la masticación, rotura de base protésica y presión en las mucosas. Se encontró diferencia estadísticamente significativa entre la presencia de inconvenientes y el sexo ($p<0,05$) siendo en mujeres (66,9%) más frecuente comparado con varones (37,1%); además no hubo asociación con la edad del paciente, materia, ubicación o tiempo de uso. Conclusiones: La mayoría de prótesis parciales removibles presentaron inconvenientes. Entre los factores influyentes en el uso tenemos: aflojamiento de la prótesis y dificultades en la masticación. Existe asociación entre la presencia de inconvenientes y el sexo.

Palabras clave: Prótesis dental parcial removible, uso, desuso, prevalencia, factores

18

RIESGO DE TUBERCULOSIS EN LOS HOSPITALES DEL SEGURO SOCIAL DE SALUD EN EL PERÚ

Antonio M. Quispe¹, Alfredo Arróspide Medina², Mirtha Valladares Fernández², Cleopatra Huapaya Pizarro², Joshi Acosta Barriga¹

¹ Instituto de Evaluación de Tecnologías de Salud e Investigación, EsSalud, Perú.

² Gerencia Central de Prestaciones de Salud, EsSalud, Perú.

Objetivo: Determinar el riesgo de tuberculosis (TB) asociado a los niveles de ventilación ambiental en los ambientes hospitalarios de alto riesgo de EsSalud. Métodos: Transversalmente se cuantificó el riesgo de tuberculosis en los ambientes hospitalarios de alto riesgo en una muestra representativa (muestreo polietápico) de hospitales de EsSalud seleccionados por sus altas tasas de morbilidad y número de personal de salud. En cada nosocomio se entrevistaron a informantes clave quienes identificaron los ambientes hospitalarios de alto riesgo como aquellos frecuentados por pacientes con TB y el personal de salud. Para medir el riesgo de TB asociado a los niveles de ventilación ambiental cada ambiente seleccionado y mapeado y evaluado de manera indirecta (tasa de flujo) o directa (concentración de CO₂), según factibilidad operativa, utilizando el modelo de transmisión aérea de Wells-Riley. De esta manera, el riesgo de TB quedó expresado como el porcentaje esperado de personas susceptibles infectadas en cada ambiente.

Resultados: Se evaluaron 22±5 ambientes de alto riesgo de TB (n=480) por hospital (n=22) en 11 Redes Asistenciales (n=22) de EsSalud. En estos se estimó un riesgo medio de TB del 42±29% (Intervalo de confianza [IC] al 95%:39-45%). Bivariadamente, se encontró que el riesgo de TB fue significativamente más bajo en las Redes de Lambayeque (vs. Loreto, Huánuco, Tacna y Arequipa) y Lima (vs. Loreto); en los hospitales de nivel I o II (vs. nivel III); en los programas de control de TB (PCT vs. emergencias hospitalización y consultorios externos); y en los ambientes con ventilación natural (vs. con aire acondicionado). Pero multivariadamente (regresión de Poisson multinivel), se reconocieron como verdaderos predictores del riesgo de TB el tipo de servicio (PCT [Referencia.] vs. emergencias [Beta1=12; IC95%:11-29], hospitalización [Beta2=20; IC95%:16-34] y consultorios externos [Beta3=25; IC95%:6-27]) y el tipo de ventilación (natural [Ref.] vs. acondicionado [Beta4=14; IC95%:7-21]). Conclusiones: El riesgo de TB en los ambientes hospitalarios de alto riesgo en EsSalud es altamente variable y heterogéneo, siendo más bajo en los ambientes de PCT y en aquellos ventilados naturalmente, lo que significa que éste puede disminuir intencionalmente mediante la implementación del Plan de Control de Infecciones de TB.

Palabras clave: Tuberculosis, prevención, riesgo, enfermedad ocupacional, ventilación ambiental, personal de Salud.

19

NUEVA HERRAMIENTA PARA ANALIZAR LOS PATRONES MLST DE BARTONELLA BACILLIFORMIS

Maria J Pons¹, Ruiz J¹

¹ *Barcelona Bartonella study group. España.*

Objetivo: presentar una nueva herramienta web para gestionar e unificar las diferentes secuencias de los genes MLST de *B. bacilliformis*. Métodos: Se ha creado una página web dedicada a la numeración de los MLST de *B. bacilliformis*. Esta se ha dispuesto en PubMLST (<https://pubmlst.org/bbacilliformis/>) utilizando el software de Bacteria Isolate Genome Sequence Database (BIGSdb). Esta herramienta también permite vincular los datos-MLST con la información epidemiológica de los aislamientos y los pacientes. Se analizaron todos los manuscritos publicados con datos de MLST, así como todos los genomas de *B. bacilliformis* de GenBank. Solo se consideraron las cepas de las que se disponía de información de los 7 genes "housekeeping" (ftsZ, flaA, ribC, mpB, rpoB, bvrR y groEL). En los ST (sequence type) presentados en la literatura, se priorizó uso previo primero, y fecha de envío a GenBank. Además, se realizaron datos de análisis sobre el origen geográfico y las relaciones filogenéticas. Resultados: Se identificaron 64 cepas que cumplían los criterios y se procedió a su análisis. Este mostró la presencia de 14 patrones diferentes, en su mayoría pertenecientes a ST1 (29 aislamientos) seguidos de ST4 (15 aislamientos). Solo en dos casos se volvió a numerar el patrón MLST (Ver075-ST13 y Peru38-ST14). El ST1 fue el más ampliamente distribuido en todas las zonas con datos disponibles. El árbol filogenético, construido por UPGMA (método de grupo de pares sin

ponderar con análisis de media aritmética), mostró 5 grupos de ST (complejo 1: ST1, ST9 y ST10; complejo 2: ST2 y ST14; complejo 3: ST3, ST4 y ST11; complejo 5: ST5, ST6, ST7 y ST13; complejo 8: ST8 y ST12) con el compuesto por ST 8 y 12, siendo el más diferente. Curiosamente, los aislamientos a partir de los cuales estaban disponibles los datos de sexo del paciente mostraron una sobrerrepresentación alta de hombres (76,5%). Conclusiones: La página web necesita retroalimentación y colaboración a fin de ser realmente útil para la comunidad de investigadores. La adición de nuevos aislamientos permitirá construir un escenario más real y ampliar el conocimiento de esta enfermedad de Carrión para diseñar nuevas medidas de lucha y control.

Palabras clave: MLST, filogenia, Bartonella bacilliformis, enfermedad de Carrión, Navegador Web

20

REGISTRO Y CARACTERÍSTICAS DE LOS ENSAYOS CLÍNICOS EN EL PERÚ, 1995-2016

Joel Sack Roque-Roque¹, Christopher A. Alarcon-Ruiz², Paula Heredia², Angie Roxana Gómez-Briceño³, Antonio M. Quispe⁴

¹ *Escuela Profesional de Medicina, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco, Perú.*

² *Facultad de Medicina, Universidad Ricardo Palma, Perú.*

³ *Escuela de Medicina, Universidad Nacional del Centro del Perú, Perú.*

⁴ *Grupo de Investigación Biomédica, Web Med Research, Perú.*

Objetivo: analizar la evolución cuantitativa y cualitativa del registro peruano de ensayos clínicos (EC) y el efecto de sus diferentes normativas durante el periodo 1995-2016. Método: Siguiendo un diseño transversal se revisaron todos los EC registrados en el Registro Peruano de Ensayos Clínicos (REPEC) durante el periodo 1995 - 2016. La recolección de los datos se realizó en dos fases: Primero, todas las fichas de registro del REPEC fueron descargadas en PDF el 20/06/2017; y, segundo, se ingresaron todos los descriptores de cada ficha en una base de datos por duplicado. Controlada la calidad de los datos (por consenso de los digitadores), se realizó el análisis descriptivo de los mismos. Para ello se resumieron las variables cualitativas según sus frecuencias absolutas y relativas, y las variables cuantitativas según sus medidas de tendencia central. Adicionalmente, se realizó un análisis de tendencia de los registros según año, fase, comité de ética (CEI) y participación de menores de edad. Resultado: Entre 1995 y 2016 el REPEC registró 1,711 EC, pasando de registrar seis descriptores antes del 2011 a >70 el 2016. Considerando sólo los descriptores OMS, estos aumentaron significativamente de 4/20 a 19/20 del 1995 al 2013. La mayoría (82%) de EC evaluaron poblaciones de ambos géneros y sólo un 15% incluyeron menores de edad. Institucionalmente, Merck Sharp & Dohme (16%) fue la institución que más EC solicitó registrar y clínicamente las enfermedades más investigadas fueron las oncológicas (24%). Metodológicamente, la mayoría fueron EC controlados (97%), aleatorizados (92%), paralelos (82%),

doble ciegos (65%) y de fase III (64%). La mayoría de EC fueron evaluados por unos pocos CEI, con un 96% de los EC registrados en 2016 evaluados por dos CEI. En general, se observó un importante cambio en la tendencia de los registros, registrándose una tendencia significativamente ascendente hasta el 2008 (n=161) y una tendencia significativamente descendente desde entonces. Conclusiones: El registro peruano de EC mejoró cuantitativamente y cualitativamente desde su creación hasta el año 2008. Desde entonces los registros de EC, aunque mejoraron en calidad, han disminuido sostenidamente. La mayoría de los registros corresponden a EC controlados, aleatorizados, paralelos, doble ciegos y de fase III, aprobados por pocos CEI.

Palabras clave: Ensayos Clínicos, Perú, Organización Mundial de la Salud

21

CARACTERÍSTICAS MICROBIOLÓGICAS DE LA ENFERMEDAD NEUMOCÓCICA INVASIVA EN MENORES DE CINCO AÑOS, PERÚ 2000-2016

Sara Morales de Santa Gadea¹, Victor Fiestas Solórzano²

¹Laboratorio de Infecciones Respiratorias Agudas, Instituto Nacional de Salud, Perú

²Unidad de Intervenciones Estratégicas, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: Identificar el reemplazo de serotipos y analizar el perfil de resistencia de los aislamientos en menores de 5 años hospitalizados por enfermedad neumocócica invasiva (ENI), antes y después de la introducción de la vacuna antineumocócica heptavalente (PCV7) en el país. Métodos: Estudio descriptivo que analiza las características microbiológicas de aislamientos de neumococo en menores de 5 años durante el período 2000-2016. Se usaron los resultados de concentración inhibitoria mínima obtenidos por método de Etest® para penicilina, ceftriaxona, cloranfenicol, eritromicina, cotrimoxazol, tetraciclina y vancomicina, utilizando los valores estandarizados por NCCLS y CLSI; así como, resultados de la prueba de Quellung para la determinación de serotipo. Mediante prueba de X² o prueba exacta de Fisher se determinó diferencia estadística entre frecuencias (p<0.05). Las tendencias temporales de serotipos y resistencia a los antimicrobianos fueron analizadas en dos periodos: pre-PCV7 (2000-2009) y post-PCV7 (2010-2016), se calcularon mediante regresión no-lineal, considerando aquel modelo que mostró mayor valor de coeficiente de determinación en relación con los grados de libertad. Se utilizó paquete estadístico Stata 14.0. Resultados: Se identificaron 368 aislamientos durante el periodo 2000-2016. Las cepas fueron aisladas de muestras de sangre, líquido céfalo-raquídeo y líquido pleural. El mayor porcentaje correspondió a menores de 2 años (71%), sexo masculino (60%) y hospitalizados en Lima (87%). Los diagnósticos clínicos fueron neumonía (65%), meningococemia (28%) y bacteriemia-sepsis (7%). Se evidencia en el tiempo una progresiva disminución del serotipo 14 (R²=0.763) e incremento del serotipo 19A (R²=0.904) y otros (principalmente serotipo 24F). Con relación a la susceptibilidad antimicrobiana, en el periodo post-PCV7 se encuentra alta resistencia a penicilina

en casos de meningitis (50%) y baja resistencia en casos de no-meningitis (1%), baja resistencia a ceftriaxona en meningitis (10%) y no-meningitis (0%), baja resistencia a cloranfenicol (1%) e incremento progresivo de la resistencia a eritromicina (R²=0.911) y tetraciclina (R²=0.803). Todos los aislamientos fueron sensibles a vancomicina. En general, hay un incremento progresivo de la multi-resistencia (R²=0.700). Conclusiones: Después de la introducción de PCV7, se evidencia una disminución significativa de serotipos incluidos en la vacuna (serotipo 14) e incremento de los serotipos no incluidos (serotipos 19 y 24F). Actualmente se encuentra alta resistencia a penicilina en meningitis, baja resistencia a ceftriaxona y cloranfenicol, y alta resistencia a eritromicina.

Palabras clave: Neumococo, serotipo, resistencia

22

TENDENCIA DEL RIESGO CARDIOVASCULAR SEGÚN CIRCUNFERENCIA ABDOMINAL EN PERUANOS

Carolina Tarqui-Mamani^{1,2}, Doris Alvarez-Dongo¹, Paula Espinoza-Oriundo¹.

¹Centro Nacional de Alimentación y Nutrición, Instituto Nacional de Salud

²Departamento Académico de Medicina Preventiva y Salud Pública, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú.

Objetivo: Analizar la tendencia del riesgo de enfermedad cardiovascular según circunferencia abdominal (CA) en peruanos. Métodos: Estudio de tendencia que analiza el riesgo cardiovascular según CA en 100,197 peruanos ≥12 años. Las muestras fueron probabilísticas e independientes. El riesgo cardiovascular se clasificó en bajo, alto y muy alto. La recolección de datos se realizó en hogares peruanos durante el 2009-2014. El procesamiento se realizó mediante muestras complejas ajustado por factor de ponderación, se calcularon prevalencias y chi cuadrado de tendencia lineal. Se solicitó el asentimiento informado verbal a los adolescentes y el consentimiento al menos a uno de los padres, y escrito a los participantes mayores de edad. Resultados: La tendencia del alto riesgo incrementó significativamente en adolescentes (11,8% a 14,0%; p<0,001) adultos (24,9% a 27,4%; p=0,019); ≥60 años (21,9% a 24,5%; p<0,001); hombres (17,6% a 22,1%; p<0,001), la secundaria (19,2% a 22,2%; p<0,001) y superior (25,6% a 27,5%; p<0,001), no pobres (22,5% a 23,9%; p<0,001), área urbana (22,5% a 24,4%; p<0,001); rural (16,1% a 17,7%; p=0,012); Lima Metropolitana (23,5% a 25,1%; p=0,002), costa (22,6% a 24,2%; p=0,001) y sierra (18,2% a 20,7%; p<0,001). La tendencia del muy alto riesgo aumentó en adolescentes (3,1% a 4,5%; p<0,001), adultos (32,8% a 37,2%; p<0,001), varones (9,3% a 11,1%; p<0,001), mujeres (39,8% a 42,5%; p=0,006), no pobres (27% a 29,6%; p=0,005), la secundaria (20,4% a 23,3%; p<0,001), superior (25,2% a 29,1%; p<0,001), el área urbana (27,9% a 30,5%; p<0,001), rural (13,1% a 16,2%; p<0,001); Lima Metropolitana (30,5% a 32,6%; p<0,001), sierra (16,8% a 21,4%; p<0,001) y selva (16,2% a 20,6%; p=0,031). Conclusiones: La tendencia del alto riesgo y muy alto riesgo cardiovascular según CA fue al incremento en los peruanos

de 12 a más años, predominando a mayor edad, mujeres, no pobres, zona urbana, Lima Metropolitana y costa.

Palabras clave: Obesidad abdominal, circunferencia abdominal, enfermedades cardiovasculares.

23

RENDIMIENTO DIAGNÓSTICO DE LA PRUEBA DE INMUNOBLOT COMERCIAL INNO-LIA HIV I/II SCORE PARA LA DETECCIÓN DE ANTICUERPOS CONTRA VIH-1

Eduardo Miranda-Ulloa¹

¹ Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud

Objetivo: Determinar el rendimiento diagnóstico de la prueba de Inmunoblot comercial INNO-LIA HIV I/II Score, para la detección de anticuerpos contra VIH-1. Métodos: Se realizó un estudio observacional de evaluación de una prueba diagnóstica durante los años 2014-2015. Se evaluó la marca del kit INNO-LIA HIV I/II Score, debido a que es la más usada en el Perú. Para la evaluación seleccionamos de la seroteca del INS, 132 sueros: 12 interferentes (2 con HTLV, 2 con citomegalovirus, 2 con Ag HBs, 2 con HBc total, 1 con HVC, 2 con Treponema pallidum y 1 con Tripanosoma cruzi) más 60 positivos y 60 negativos a anticuerpos contra VIH-1, confirmados por Western blot HIV-1 de la marca NEW LAV-BLOT I Biorad (Gold estándar para anticuerpos). Los ensayos fueron realizados según la metodología descrita en los insertos. La sensibilidad, especificidad, repetibilidad y reproducibilidad se calculó utilizando el programa Epidat v3.1 y Excel. Resultados: Los resultados de los parámetros fueron sensibilidad diagnóstica de 100%, especificidad diagnóstica de 98.3% y especificidad analítica de 100%. No se encontró falsos positivos, ni falsos negativos, sino únicamente un indeterminado. Nuestros resultados de repetibilidad y reproducibilidad intralaboratorio fue del 100%, lo cual garantiza el uso de este kit comercial cuando se trabaja con diferentes lotes de kits o con diferentes analistas o con protocolos de incubación de muestra de 16 y/o 3 horas. Conclusiones: La prueba de Inmunoblot de marca INNO-LIA HIV I/II Score, es aceptable para su uso en Perú en el diagnóstico confirmatorio de anticuerpos contra VIH-1. Sin embargo, recomendamos que los resultados positivos, sean siempre precedidos por una prueba de tamizaje reactivo.

Palabras clave: Rendimiento diagnóstico, anticuerpos, inmunoblot, VIH-1

24

CISTICERCOSIS HUMANA: REPORTE DE SEROPOSITIVIDAD POR INMUNOBLOT IGG EN EL PERÚ, 2005 AL 2014

Isidro Antitupa Janampa¹

¹ Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud

Objetivo: El complejo teniasis/cisticercosis es una enfermedad parasitaria ocasionada por la forma larvaria de la Taenia solium, zoonosis ampliamente distribuida en Latinoamérica. En la actualidad el método de diagnóstico serológico de elección es el Inmunoblot-IgG. El objetivo

del estudio fue reportar los casos positivos identificados mediante Inmunoblot-IgG, en el periodo 2015 al 2014. Métodos: Identificamos 4088 resultados de pacientes que solicitaron diagnóstico serológico por Inmunoblot-IgG para cisticercosis y/o neurocisticercosis, procedentes de los 24 departamentos del Perú. Se construyó una base de datos Microsoft Excel® 2013 con la información existente en el cuaderno de registro de muestras del Laboratorio de Zoonosis Parasitaria y del sistema NetLab del Instituto Nacional de Salud, correspondientes a los años 2005 al 2014. Se definieron las variables como edad, sexo y procedencia de los pacientes, por departamentos. Se estableció también un mapa de casos positivos por departamentos con ayuda del software QGIS v.2.8.6, por cada año. Resultados: De 4088 muestras ingresadas para diagnóstico de cisticercosis se observaron que la mayor cantidad provienen de 7 departamentos: Lima (1529), Junín (428), Cusco (421), Apurímac (337), Piura (211), Ancash (158) y Ucayali (168). De las muestras analizadas, 866 muestras fueron positivas a Inmunoblot IgG, destacándose 7 departamentos con altos índices de positividad a cisticercosis: Lima 316 (34,5%), Junín 103(11,9%), Cusco 87 (10,1%), Apurímac 47(5,4%), Piura 60(6,9%), Ancash 57(6,6%) y Ucayali 26(3,0%). El grupo de edad con mayor índice de positividad fue el de 26 a 65 años de edad. Entre el sexo masculino resultaron 290 positivos, comparado con 260 entre mujeres. Conclusiones: En el periodo 2005-2014, la población con alto índice de positividad a cisticercosis humana se encuentra en los departamentos de Lima, Junín, Cusco, Apurímac, Piura, Ancash y Ucayali.

Palabras clave: cisticercosis, Perú, frecuencia, serología

25

WESTERN BLOT CON ANTÍGENOS DE LA LISIS DEL VIRUS HTLV-1, UNA ALTERNATIVA DE DIAGNÓSTICO CONFIRMATORIO PARA UNA INFECCIÓN OLVIDADA

Eduardo Miranda-Ulloa¹, Bernardina Amorín-Uscata², Soledad Romero-Ruiz¹, Ronal Briceño-Espinoza¹, Estela Huamán-Ángeles¹, Fany Cárdenas-Bustamente¹, Percy Asmat-Marrufo³, Omar Orellana-Díaz⁴

¹ Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud

² Instituto de Medicina Tropical, Universidad Sao Paulo, Brasil

³ Laboratorio de Referencia Regional en Salud Pública de La Libertad, Perú

⁴ Laboratorio de Referencia Regional en Salud Pública Junín, Perú

Objetivo: Desarrollar un western blot usando antígenos de la lisis del virus HTLV-1 como alternativa para el diagnóstico confirmatorio. **Métodos:** Se realizó un estudio observacional de evaluación de una prueba diagnóstica durante 2015-2016. Seleccionamos 150 sueros: 50 negativos (sanos) y 50 positivos a HTLV-1, más 50 interferentes (VIH: 10, Sífilis: 7, Dengue: 7, Citomegalovirus: 6, HBsAg: 6, Gestantes: 6, Factor Reumatoideo: 4, HVC: 4). El patrón de referencia fue el Inmunoblot-INNO-LIA™ HTLV I/II Score. Se cultivó la línea celular MT2, células-T humanas transformadas por cocultivos con linfocitos de leucemia infectadas con HTLV-1. Para

lisar los virus, las células fueron sonicadas a 60 decibeles. Seguidamente, la técnica de western blot fue estandarizada usando el SDS-PAGE (Biorad) y las directrices de interpretación de resultados de la OMS. La sensibilidad y especificidad diagnóstica y analítica se calculó utilizando el programa Epidat versión 3.1 y Excel. Resultados: Los resultados de los parámetros evaluados fueron; sensibilidad diagnóstica: 94,0% (IC 95%: 83,8 - 97,9); especificidad diagnóstica: 98,0% (IC 95%: 89,5 - 99,6). No se reportó falsos positivos ni falsos negativos, pero sí cinco resultados indeterminados. De los indeterminados, tres pertenecieron al grupo de los positivos, uno al de los sanos y uno al de los interferentes (VIH). Conclusiones: Los resultados obtenidos del Western blot, la califican como una prueba de buen rendimiento diagnóstico y la hace útil para la confirmación serológica.

Palabras clave: Western blot; HTLV-1; inmunoblot, rendimiento diagnóstico

26

REGISTRO DE CÁNCER COLORECTAL HEREDITARIO EN LATINO AMÉRICA: DEL TAMIZAJE GENÉTICO A LOS ESTUDIOS DE COLABORACIÓN INTERNACIONAL

Benedito Mauro Rossi¹, Constantino Dominguez-Barrera², Edenir Inêz Palmero³

¹ Hospital Sirio Libanes, Sao Paulo, Brazil,

² Department of Preventive Medicine, Faculty of Medicine, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Peru,

³ Molecular Oncology Research Center, Barretos Cancer Hospital, Brazil,

Objetivo: El tamizaje genético de genes cancerígenos en países de Latinoamérica se realiza en los últimos 10 a 15 años y ha sido principalmente enfocado al cáncer de mama y colorectal. De acuerdo al Grupo de estudio de Tumores Hereditarios (GETH <http://www.geth.org.br/novo/>) y nuestra reciente investigación en la mayoría de países de América Latina, hay 33 establecimientos de salud de cuidado para cáncer colorectal: cinco en Argentina, uno en Bolivia y veinte en Brasil. **Métodos:** En América Latina, el tamizaje genético no se encuentra rutinariamente disponible en el Sistema de salud público, con excepción de pocos estudios realizados en instituciones de investigación o centros privados. Las limitaciones en el tamizaje genético tienen un impacto en la evaluación de los pacientes con riesgo de cáncer hereditario y en sus familiares, y finalmente incrementa la carga de cáncer. **Resultados:** La colaboración internacional podría ser relevante para lograr estudios adicionales sobre Síndrome de Lynch en los países de América Latina, que incrementen el conocimiento sobre las variantes MMR en diferentes poblaciones y generen conciencia adicional sobre esta condición en profesionales médicos y líderes en salud pública. En el caso de Síndrome de Lynch, recientemente describimos el espectro de las variantes de reparación patogénica de desajuste en población de América Latina: path_MLH1 hasta un 54%, path_MSH2 hasta un 43%, path_MSH6 hasta un 10%, path_PMS2 hasta un 3% y path_EPCAM hasta un 0,8%. Regiones mutadas frecuentes incluyen exones 11 de MLH1

(15%), exones 3 y 7 de MSH2 (17% y 15%, respectivamente), exón 4 de MSH6 (65%), exones 11 y 13 de PMS2 (31% y 23%, respectivamente). Conclusiones: Registros de cáncer hereditario de Argentina, Chile y Uruguay se han unido recientemente a la base de datos prospectiva de Síndrome de Lynch (PLSD). Este recurso provee conocimiento acerca de la incidencia de genes patógenos específicos MMR y la supervivencia de cáncer que afecta diferentes órganos, el cual brinda información sobre consejería genética y manejo clínico para la población. La PLSP sugiere que la evaluación de riesgo y supervivencia de Síndrome de Lynch debería ser basado en la edad, género y gen MMR involucrado.

Palabra clave: Registros de cáncer, síndrome de Lynch, América Latina, consejería genética

27

ENTEROBACTERIAS RESISTENTE A ANTIMICROBIANOS AISLADAS EN CARNES ADQUIRIDAS EN MERCADOS TRADICIONALES DE LIMA

Lidia Ruiz-Roldán¹, Sandra Martínez-Puchol¹, Cláudia Gomes¹, Noemí Palma¹, Maribel Riveros², Karen Ocampo², David Durand², Theresa J. Ochoa^{2,3}, Joaquim Ruiz¹, María Jesus Pons¹

¹ ISGlobal, Barcelona Ctr. Int. Health Res. (CRESIB), Hospital Clínic - Universitat de Barcelona, España.

² Universidad Peruana Cayetano Heredia, Instituto de Medicina Tropical Alexander Von Humboldt, Perú.

³ Center for Infectious Disease, University of Texas School of Public Health, Houston, USA.

Objetivo: determinar la carga de enterobacterias, y su nivel de resistencia a antimicrobianos, en muestras de diferentes tipos de carne de los mercados tradicionales de Lima. **Método:** las muestras de carne aviar, vacuno y porcino fueron compradas de manera aleatoria en 7 mercados tradicionales del norte (Comas, San Martín), centro (La Victoria, Cercado de Lima) y sur (Villa El Salvador) de Lima (Perú). Mediante técnicas microbiológicas clásicas y moleculares se identificaron las *Enterobacteriaceae* presentes. Se confirmaron las cepas de *Escherichia coli* con la amplificación del gen *uidA*, mientras que *Shigella* spp. o *Salmonella* spp. fueron confirmados por PCR. Los microorganismos remanentes, o discrepantes se identificaron a nivel de género mediante la amplificación del gen universal bacteriano *16S rRNA*. Los niveles de resistencia a 10 antimicrobianos; ampicilina (Amp), amoxicilina más ácido clavulánico (Amc), imipenem (Imi), cloranfenicol (Chl), ácido nalidíxico (Nal), ciprofloxacina (Cip), nitrofurantoina (Nit), trimetoprim-sulfametoxazol (Sxt), tetraciclina (Tet), azitromicina (Azm) y furazolidona (Fur), se establecieron en 261 cepas de *E. coli* (159 de pollo, 57 de res y 45 de cerdo) según la guía CLSI. **Resultado:** Se recuperaron un total de 830 aislados de 138 muestras: carne aviar (46,4%), carne de vacuno (31,9%) y porcino (21,7%). Se identificaron 17 géneros diferentes, 14 pertenecientes a Enterobacteriaceae. Se encontraron porcentajes significativamente diferentes de resistencia antimicrobiana entre los 3 tipos de carne

($p < 0,05$), siendo la de pollo la que presentaba valores más elevados. El 100% de los *E. coli* aislados de pollo fueron resistentes a Sxt, y a Amp; y superiores al 90% a Tet. En quinolonas y Chl los niveles de resistencia fueron superiores al 80%. En carne porcina se observó 95% de resistencia a Amp, 90% a Tet y 59.1% a Nal. En carne de vacuno los niveles más altos fueron Tet (52%), Cip y Amp (48% y 44% respectivamente). Los niveles de microorganismos multidrogo resistentes (MDR) fueron muy importantes, especialmente en carne proveniente de ganado aviar y porcino (98,2% y 86,4% respectivamente). Conclusiones: La presencia de bacterias resistentes a múltiples fármacos antimicrobianos en la carne, especialmente en pollo, es una preocupación importante para la salud pública en Lima. Es necesario estimular la investigación de resistencias a antimicrobianos en el Perú a nivel clínico-veterinario-ambiental para identificar los genes implicados y sus rutas de transmisión.

Palabras clave: Resistencia a antimicrobianos, carne, pollo, res, cerdo, *E.coli*

28

CITOMETRÍA PORTÁTIL UNA ALTERNATIVA IN SITU PARA EL RECUENTO DE LINFOCITOS T CD4 DE PACIENTES PERUANOS VIVIENDO CON VIH

Daniel Santos-Anaya¹, Armando Zapata-Cordova², Edgardo Mamani-Huaman¹, Fany Cárdenas-Bustamante¹, Sandra Abarca-Zuñiga³, Soledad Romero-Ruiz¹, Eduardo Miranda-Ulloa¹

¹ Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud

² Laboratorio Referencial, Sub Región de Salud LCC - Sullana, Región Piura, Perú,

³ Estrategia de Prevención y Control de ITS- VIH/SIDA, Sub Región de Salud LCC - Sullana, Región Piura, Perú,

Objetivo: Evaluar el citómetro portátil Alere Pima con muestras de pacientes peruanos VIH positivos. **Métodos:** Se realizó un estudio observacional descriptivo en el INS de Perú (Lima) durante marzo del 2017. Se seleccionaron al azar y por conveniencia 61 muestras de sangre total que procedieron del monitoreo de pacientes en Terapia Anti retroviral de gran actividad (TARGA). Las muestras fueron procesadas paralelamente en el citómetro portátil Pima Analyzer (Alere Technologies GmbH) usando el cartucho de prueba Alere Pima CD4 y en el citómetro de flujo FACS Canto II (BD Biosciences) usando el software de análisis BD FACS Canto Clínico y el kit de prueba BD Trucount Tubes – BD Multitest CD3/CD8/CD45/CD4 (prueba de referencia). El conteo absoluto de células TCD4+ fueron analizados mediante el software estadístico Epidat versión 4.2. Se determinaron los coeficientes de correlación de Pearson, Spearman, el Coeficiente de Correlación Intraclase (CCI) y la concordancia por el método de Bland-Altman. Resultados: Una vez obtenida las lecturas y tras la eliminación de un valor aberrante (Test de Grubbs), se obtuvieron los siguientes resultados para los 60 pares de datos: Coeficiente de Correlación de Pearson

= 0,977, Spearman = 0,98, CCI = 0.9002 (IC 95%: 0,8388 – 0,9391), Bland Altman: media de diferencias = -94,00 (IC 95%: -119,0615 – -68,9385), desviación estándar de las diferencias = 97.0146, límite de concordancia superior = -284,1447 (IC 95%: -326,9752 – -241,3143) e inferior = 96,1447 (IC 95%: 53,3143 – 138,9752). Estos resultados evidencian un alto grado de correlación lineal y un alto grado de acuerdo entre estas dos metodologías. Se pudo apreciar una mayor dispersión y sesgo en conteos elevados, aunque algo alejado de los valores decisivos críticos en el manejo de pacientes VIH positivos. Conclusiones: Los resultados obtenidos demuestran que el recuento de linfocitos T CD4 con el citómetro portátil Alere Pima Analyzer y el cartucho de prueba Alere Pima CD4 son una alternativa fiable para el monitoreo in situ de pacientes VIH positivos.

Palabras clave: Citómetro portátil, VIH, CD4, citómetro de flujo.

29

PLANTAS MEDICINALES DE USO TRADICIONAL EN EL EMBARAZO, PARTO Y POSPARTO EN LA POBLACIÓN AWAJÚN DE URAKUSA, CONDORCANQUI- AMAZONAS

Ivonne F. Reyes-Mandujano¹, Jesus Silva Alarcón¹, Lynda Díaz Paico¹, Raquel Hurtado La Rosa¹

¹Centro Nacional de Salud Intercultural, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: Identificar el uso de las plantas medicinales en la gestación y el parto de las mujeres *Awajún* de Urakusa. Métodos: Realizamos un estudio exploratorio aplicando una entrevista en nueve informantes clave (profesionales de la salud *Awajún* (1), técnicos de salud *Awajún* (2), parteras (2), vegetalistas (2) y madres de familia (2)); según sexo, edad, rol en la comunidad y conocimientos sobre el uso de plantas medicinales en el proceso de embarazo, parto y posparto. Previamente se obtuvo el consentimiento verbal del Apu de la comunidad y de cada uno de los entrevistados. Los datos fueron recogidos en forma anónima y con la ayuda de traductores. Las entrevistas estuvieron dirigidas a registrar información acerca de la forma uso, contraindicaciones, dosis, forma de obtención de la planta. Finalmente, se colectaron plantas para su posterior identificación botánica. Resultado: Se encontraron diversas especies de plantas, las que se usan en estado fresco y cultivados en huertos familiares; asimismo se reporta la existencia de varios ecotipos de jengibre; cada uno con un uso específico. Aunque, existe afluencia de las mujeres gestantes al servicio de salud para el control prenatal; el parto generalmente se realiza en el hogar con el acompañamiento de una partera o una mujer con experiencia (familiares); debido a que existe una mayor confianza en las plantas para reducir el dolor durante el proceso de parto y posparto. Las madres de familia y parteras entrevistadas refieren que para el embarazo, parto y posparto pueden usar tanto el *jengibre* como el *piri piri* con igual efecto, sin embargo, advierten no usarlos conjuntamente con medicamentos porque les “choca”, siendo considerado el de mayor riesgo el *piri piri*. Conclusiones: La comunidad *Awajún*

de Urakusa cuenta con un complejo sistema tradicional de salud, el cual está vigente para la atención de la salud materna. Las plantas medicinales constituyen el elemento más importante. Las plantas más utilizadas son: jengibre (*Zingiber officinale* Roscoe), pijipig (*Cyperus articulatus* L.), *Tsemantsem*(*Matelearivularis*Woodson), toé(*Brugmansia* sp.)

Palabras clave: Plantas medicinales, medicina tradicional, interculturalidad, salud materna

30

RESPUESTA HOSPITALARIA ANTE EMERGENCIAS Y DESASTRES EN BUENAVENTURA – COLOMBIA

Juan Fernando Millán Hurtado¹, Ronald Meneses Toro¹.

¹Maestría en Salud Pública. Universidad Javeriana Cali, Colombia.

Objetivo: Evaluar la capacidad de respuesta ante emergencias y desastres de instituciones hospitalarias de I y II nivel, de carácter público y privado del distrito de Buenaventura. Métodos: Este estudio es una investigación evaluativa de tipo cualitativo. Se aplicaron entrevistas semiestructuradas, y fue a través de la comprensión de los discursos y el diálogo con el personal de las instituciones hospitalarias y organismos de socorro, que se analizaron los Planes de Emergencia Hospitalaria de ambas instituciones de salud, al igual que el Plan Distrital de Gestión del Riesgo. La unidad de análisis del presente estudio se concentró en la Red de Atención en Salud en Emergencias y Desastres en el Distrito de Buenaventura, identificada gracias al método de Georreferenciación. Los participantes de esta investigación fueron seleccionados por conveniencia dada su experiencia y trayectoria en el hospital Luis Ablanque de la Plata y en la Clínica Santa Sofía del Pacífico, en temas relativos de Emergencias y Desastres. Resultados: Los hospitales deben responder de forma coordinada y articulada ante las necesidades de salud de la población y ante situaciones de Emergencia o Desastre deben atender a la población de forma inmediata de acuerdo a las directrices del Sistema Nacional para la Prevención y Atención de Desastres. Se observa que en los contenidos desarrollados de los Planes Hospitalarios de Emergencia no se tiene en cuenta los escenarios de riesgo previstos por el Consejo Distrital de Gestión del Riesgo de Buenaventura el cual es el órgano que tiene a su cargo la gestión del riesgo de desastres en este territorio. El no tener en cuenta estos escenarios impide que la planeación del Plan Hospitalario de Emergencia y la consecuente articulación interinstitucional con organismos de socorro Secretaría de Salud y Comité Distrital de Gestión del Riesgo no sea efectiva ya que se demuestra que cada uno hace esfuerzos no articulados. Conclusiones: En el estudio realizado se observa que ambas instituciones evaluadas poseen sus Planes Hospitalarios de Emergencia sin embargo no los articulan con los organismos de socorro Secretaría de Salud y de Gestión del Riesgo los cuales integran la respuesta en salud del Distrito de Buenaventura.

Palabras clave: Gestión del Riesgo, Medicina de desastres, Planes de emergencia

31

VALIDACIÓN DE UNA TÉCNICA DE PCR MÚLTIPLEX PARA LA DETECCIÓN DE VIBRIO CHOLERAEE TOXIGÉNICA

Willi Quino¹, Iris Pompa¹, María Luz Zamudio¹, Carmela Aguilera¹, Eduardo Juscamayta¹, Ronnie G Gavilán¹

¹Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: Validar una técnica de PCR múltiplex para el diagnóstico de *Vibrio cholerae* toxigénica basado en la detección de los genes *Vc-m*, *ctxA* y *tcpA*. Métodos: La validación de la técnica se realizó en el Laboratorio de Enteropatógenos del Instituto Nacional de Salud, a partir de ensayos de PCR convencional (*Vc-m*) y PCR Multiplex (*ctxA-tcpA*), y la estandarización del PCR Multiplex con tres blancos (*Vc-m/ctxA/tcpA*), la validación se realizó con 51 aislados clínicos de *Vibrio cholerae* toxigénica (*ctxA*) y 31 cepas de distintos géneros no productora de *ctxA*. Se determinaron el rango de trabajo, selectividad, robustez, sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo y valor predictivo negativo de la técnica. Resultados: Se validó la metodología obteniéndose un rango de detección que abarca desde la dilución 10^{-0} a 10^{-2} . La robustez fue óptima al modificar diferentes variables. Se obtuvo 100% de inclusividad, exclusividad, precisión analítica, valor predictivo positivo y valor predictivo negativo, así como la sensibilidad y especificidad. Conclusiones: La estandarización y posterior validación de la PCR múltiplex (*Vc-m/ctxA/tcpA*) realizada por operadores distintos y de acuerdo a los parámetros considerados, confirmó la repetibilidad y reproducibilidad de la técnica, por lo tanto, provee se constituye en una técnica rápida, precisa, segura y selectiva para la identificación de cepas de *Vibrio cholerae* toxigénica de aislados clínicos posterior a un aislamiento primario.

Palabras clave: Validación, PCR, *Vibrio cholerae*, toxina del cólera

32

EVENTOS MOLECULARES QUE AFECTAN LA EVOLUCIÓN DEL VIH EN SUJETOS PERUANOS CON DIFERENTE COMPORTAMIENTO SEXUAL

Carlos A Yabar¹, Inés Babilonia², Javier Salvatierra³, Rafael Rodríguez⁴

¹Instituto Nacional de Salud, Perú

²Hospital Militar Central, Perú

³CERITS Alberto Barton, Perú

⁴Banco de Sangre de Clínica Angloamericana, Perú

Objetivo: explorar los eventos que afectan la evolución molecular del Virus de la Inmunodeficiencia Humana Tipo 1 (VIH-1) en sujetos peruanos de Lima y Callao con diferente comportamiento sexual de riesgo. Método: Se realizó el análisis molecular del VIH a partir de 93 sujetos infectados, 61 fueron trabajadoras sexuales (TS) y 32 militares (PM) de ambos sexos. Se extrajo el ADN proviral de toda la población el cual fue sometido a PCR para la amplificación de los genes gag env y pol de VIH-1. Los productos fueron purificados secuenciados y analizados. Los productos de PCR de env fueron analizados mediante

ensayo de movilidad de heterodúplex (HMA) y luego clonados y secuenciados en vectores plasmídicos para la identificación de variantes genéticas virales por medio de análisis filogenético. Las secuencias fueron analizadas usando herramientas de bioinformática para la identificación de subtipos genéticos, recombinación, mutaciones de resistencia a los antirretrovirales (ARV), hipermutación y tropismo. Para el análisis estadístico de frecuencias e índice de asociación. Resultados: demostramos que todas las muestras analizadas fueron subtipo B con evidencia de recombinación entre diferentes subtipos, siendo la forma B/D la más frecuente (28%). Se hallaron dieciocho casos de infecciones mixtas y 66% de virus con tropismo R5. Los virus restantes con tropismo X4 fueron más frecuentes en pacientes con CD4 < 200 células/mL. También se halló un índice de 24% de resistencia frente a los ARV. Dentro de ello, se encontró evidencia de resistencia primaria (17%) la cual estuvo asociada con el ejercicio del trabajo sexual ($p = 0,04$) y con la presencia de infecciones mixtas ($p = 0,01$). Conclusiones: la evolución molecular del VIH sigue trayectorias diferentes entre poblaciones con diferente comportamiento sexual de riesgo, siendo la presencia de infecciones mixtas determinantes en la transmisión de cepas resistentes en TS vírgenes de tratamiento.

Palabras clave: VIH, evolución molecular, trabajo sexual

33

VIGILANCIA BASADA EN LABORATORIO DE INFLUENZA Y OTROS VIRUS RESPIRATORIOS EN EL PERÚ, PRIMER SEMESTRE DEL 2017

Nancy Rojas Serrano¹

¹Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: Identificar la actividad de los virus respiratorios con potencial epidémico, pandémico o brote. Dicha información puede orientar la formulación e implementación de medidas sanitarias que permitan reducir el impacto de las infecciones respiratorias agudas en el país. Métodos: La vigilancia está constituida por 21 centros centinelas de la vigilancia del Síndrome Gripal (SG) y 7 centros centinelas de la vigilancia intensificada de Infección Respiratoria Aguda Grave (IRAG) y muerte por IRAG. En los centros centinelas se obtienen muestras de hisopado nasal y faríngeo de pacientes que cumplan la definición de caso de SG (primeros 3 días de inicio de enfermedad), para IRAG (con 7 días de inicio de enfermedad para inmunofluorescencia directa (IFD) y hasta 10 días de inicio de enfermedad para de PCR en tiempo real (qPCR)). Además, se consideran otros tipos de muestras (aspirado nasofaríngeo lavado bronquial y tejido pulmonar en caso de fallecido). Las muestras son enviadas dentro de las 24 horas al Laboratorio de Referencia Regional (LRR) el cual es responsable de realizar el diagnóstico de virus respiratorios por el método de IFD. Resultados: Durante el primer semestre 2017, 1604 muestras procedentes de los centros centinela y 180 muestras de otros EESS fueron procesadas. El 57,3% fue positivo para Virus Sincitial Respiratorio (VSR), seguido por Influenza A/H3N2 (24,0%). En el departamento de Lima se evidencia mayor circulación de otros virus respiratorios. Conclusiones: Se evidencia

mayor circulación del virus influenza A subtipo y VRS. El grupo más afectado fueron niños menores de 1 año.

Palabras clave: vigilancia epidemiológica, virus de la influenza A, infecciones del sistema respiratorio, Perú

34

PURIFICACIÓN DE UNA FRACCIÓN PROTEICA DE 21 A 31 KDA A PARTIR DE LÍQUIDO HIDATÍDICO DE ECHINOCOCCUS GRANULOSUS MEDIANTE TRES DIFERENTES MÉTODOS

Dayanne Viviana Cornelio Parra¹, Nury Vargas Mayuri², William Quispe Paredes², Omar Cáceres Rey³, Elizabeth Sánchez Romani²

¹ Universidad Nacional Federico Villarreal, Perú

² Laboratorio de Zoonosis Parasitaria, Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

³ Laboratorio de Biotecnología y Biología Molecular, Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: La equinococosis quística producida por el estado larval del cestodo *Echinococcus granulosus* es un problema de importancia en salud pública. La eficacia de las técnicas serodiagnósticas de la enfermedad es dependiente de muchos factores como el origen, la pureza y calidad del antígeno. Con el objetivo de obtener un producto purificado de la fracción antigénica de 21 a 31 kDa, se evaluaron tres métodos de purificación de proteínas. Métodos: Para el estudio se empleó antígeno total de líquido hidatídico (ATLH) liofilizado, preparadas a partir de líquido de quiste hidatídico de ovino. Para la purificación de la fracción antigénica de 21 a 31kDa se emplearon tres métodos: 1. Purificación por fraccionamiento de proteínas con sulfato de amonio al 60% de saturación, ultrafiltradas en un sistema cerrado empleando membrana de celulosa regenerada y elusión de estas proteínas a partir de gel de electroforesis SDS-PAGE en un equipo Electroelutor; 2. Purificación por separación de proteínas mediante electroforesis SDS-PAGE y electro elución de la proteína de 21 a 31 kDa a partir del gel; 3. Purificación por fraccionamiento de proteínas con sulfato de amonio al 60% de saturación y electroeluidas a partir del gel. Resultados: Método 1. Mediante este método se fraccionó adecuadamente las proteínas del ATLH, con la ultrafiltración de proteínas se descartó aquellas con peso molecular mayores a 50 kDa y menores a 10 kDa, mediante la electroelución se aisló la fracción antigénica de 21 a 31 kDa pura, cuya concentración proteica fue de 1.04 µg/µl. La fracción purificada fue demostrada por SDS-PAGE y visualizada por coloración con plata. La reacción serológica de esta proteína mostró resultados óptimos mediante la prueba de Inmunoblot. Método 2 y 3, mediante estos métodos se purificó parcialmente la proteína de interés con concentraciones de 1.07 µg/µl y 0.8 µg/µl respectivamente, sin embargo, la reacción serológica por Inmunoblot no tuvo éxito. Conclusiones: La evaluación de los tres métodos de purificación desarrollados en este estudio nos lleva a concluir que el Método 1 fue el más eficiente y adecuado para fines de purificación de la fracción antigénica de 21 a 31 kDa de *Echinococcus granulosus*.

Palabras clave: Echinococcus granulosus, purificación, diagnóstico

DISTRIBUCIÓN DEL DIAGNÓSTICO DE ANEMIAS NUTRICIONALES EN MENORES DE UN AÑO EN EL SISTEMA DE SALUD PERUANO, 2016

Oscar Munares García¹, Guillermo Luis Gómez Guizado²

¹ Intendencia de Investigación y Desarrollo. Superintendencia Nacional de Salud. Perú

² Centro Nacional de Alimentación y Nutrición. Instituto Nacional de Salud. Perú.

Objetivos: Estimar la distribución y frecuencia de diagnósticos de anemias nutricionales en menores de un año atendidos en establecimientos del sistema de salud peruano durante el año 2016. Métodos: Estudio transversal, evaluamos 13216 diagnósticos de anemias nutricionales en menores de un año, remitidos a la Superintendencia Nacional de Salud bajo el Sistema Electrónico de Transferencia de Información de IPRESS y Unidades de Gestión de IPRESS (SETI-IPRESS), que cuenta con el diagnóstico CIE-10 (D50-D53), correspondientes a enero a diciembre de 2016. La información es remitida por el Ministerio de Salud (MINSa), Seguro Social de Salud (EsSalud), Sanidades de las Fuerzas Armadas y Policía Nacional del Perú (FFAA-PNP) y sector privado. Se aplicó distribución de frecuencias y porcentajes. Resultados: El 45,9% fueron diagnósticos remitidos por el MINSa, 36,2% provinieron de EsSalud, 0,5% provinieron de FFAA-PNP y 17,4% provinieron del sector privado. El 80,8% fueron diagnósticos de anemia por deficiencia de hierro sin otra especificación, 8,0% anemia nutricional no especificada, 6,1% anemia por deficiencia de hierro secundaria a pérdida de sangre, 4,0% otras anemias por deficiencia de hierro, 0,5% otras anemias nutricionales especificadas, 0,14% anemia por deficiencia de vitamina B12 sin otra especificación, 0,13% anemia megaloblástica, 0,12% anemia por deficiencia de folatos, 0,06% anemia por deficiencia de vitamina B12 debido a deficiencia de factor intrínseco, 0,06% anemia por deficiencia dietética de folatos, 0,02% anemia por deficiencia de vitamina B12 debida a mala absorción selectiva de vitamina B12 con proteinuria, 0,01% anemia por deficiencia de folatos inducida por drogas y 0,01% otras anemias por deficiencia de folatos. Conclusiones: En menores de un año, las anemias nutricionales por deficiencia de hierro fueron los más frecuentes, siendo la mayor proporción atendidos en establecimientos de salud del Ministerio de Salud.

Palabras clave: Anemias nutricionales, niños, deficiencia de hierro, Perú.

PREVALENCIA DE DOBLE CARGA DE MALNUTRICIÓN INFANTIL Y EN LA DÍADA MADRE-NIÑO: ESTUDIO DE BASE POBLACIONAL EN PERÚ, 2016

Héctor M. Briceño-Lazo^{1,2}, Renéé Pereyra-Elías², Reyna Liria-Domínguez³

¹ Hospital III Suárez-Angamos EsSalud, Perú

² Escuela de Postgrado y Escuela de Nutrición, Universidad

Peruana de Ciencias Aplicadas, Perú. ³Escuela de Medicina, Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas, Perú.

Objetivo: Determinar la prevalencia de doble carga de malnutrición (DCM) individual en niños <5 años y en la díada madre/niño en Perú. Métodos: análisis secundario de datos correspondientes a la Encuesta Demográfica y de Salud Familiar (ENDES), Perú, 2016. La población estuvo conformada por niños y niñas de 6-59 meses y sus madres de 15-49 años. La DCM en el niño se definió como aquel individuo que presenta anemia y/o retardo del crecimiento y, a su vez, tiene sobrepeso u obesidad. La DCM en la díada madre-niño se definió cuando se encontró: i) niño con anemia y/o retardo del crecimiento y madre con sobrepeso u obesidad; o ii) niño con sobrepeso u obesidad y madre con anemia y/o talla baja. Se calcularon las prevalencias de DCM y sus intervalos de confianza al 95% considerando el diseño complejo de la muestra. Resultados: Se analizaron 18012 niños y 17853 díadas madre-niño. El 51,7% de los niños fueron varones con un promedio de edad de 32,5±15,4 meses. El promedio de edad de las madres fue de 30,4±6,9 años. La prevalencia de DCM individual infantil fue de 1,99% [IC 95%: 1,71 a 2,27]. Mientras tanto, en la díada i) malnutrición por déficit en el niño y por exceso en la madre, la prevalencia fue de 24,6% [IC 95%: 23,7 a 25,5], resaltando la variante de niño anémico y madre con sobrepeso u obesidad con una prevalencia de 17,6% [IC 95%: 16,8 a 18,3]; y ii) malnutrición por exceso en el niño y por déficit en la madre presentó una prevalencia de 2,0% [IC 95%: 17,0 a 23,0]. Conclusiones: En el Perú, en una de cada cuatro díadas madre-niño, se presenta DCM por desnutrición en el niño y por sobrenutrición en la madre; siendo a su vez, la coexistencia de niño anémico y madre con sobrepeso u obesidad la forma más prevalente de esta paradoja de malnutrición.

Palabras clave: Trastornos de la Nutrición del Niño, prevalencia, Perú

ANÁLISIS DE LAS DEMORAS PARA LA ATENCIÓN MÉDICA EN PERSONAS QUE FALLECIERON POR DENGUE EN LA CIUDAD DE PIURA, 2017

Armando Llamocca Rodríguez¹, Oscar Emilio Rosas Zarate², Sara Ruth Castro Perez³

¹ Red de Salud Huamanga - Ayacucho, Perú

² DIRESA Villa Salvador – Lima, Perú

³ DIRESA Cajamarca, Perú

Objetivo: identificar las demoras en la atención médica de fallecidos por dengue en la ciudad de Piura. Métodos: realizamos un estudio descriptivo en fallecidos en el brote de dengue de Piura (2017) bajo los siguientes criterios: diagnóstico confirmado para dengue, residencia habitual en Piura y registrados en el sistema de vigilancia epidemiológica. Luego seleccionamos aleatoriamente para entrevistar a

familiares o personas más cercanas (previo consentimiento informado) que estuvieron durante el fallecimiento o conocen sobre la historia de atención de su enfermedad y su desenlace. Para entrevistar se utilizó cuestionario semiestructurado (previamente validado) para profundizar sobre las cuatro demoras en el proceso de búsqueda de atención desde el inicio de la enfermedad hasta el desenlace: 1. Reconocimiento del problema 2. Oportunidad de la decisión y acción 3. Acceso a la atención/logística de referencia 4. Calidad de la atención. Se realizó análisis univariado basado en tabla de frecuencias, porcentajes y medidas de tendencia central. Resultados: Se realizaron 14 entrevistas, madre/padre dieron información en 35,7%(5), 28,6%(4) esposa, 21,4%(3) el hijo y 7,1%(1) hermana y tía respectivamente. La edad mediana de fallecimiento fue 34 años con rango intercuartílico 43 años. 42,9%(6) proceden del distrito Piura, 14,3%(2) Sullana y Castilla respectivamente, 7,1%(1) de Veintiséis de Octubre, 7,1%(1) de Tambo Grande, 7,1%(1) de Catacaos y Bellavista, respectivamente. Demora I, 78,6%(11) desconocen sobre los signos de alarma de la enfermedad, pero escucharon hablar del dengue y conocen su forma de transmisión. Demora II, solo 21,4%(3) no buscaron atención médica. Demora III, 71,4% (10) recibieron atención médica en dos o tres instituciones y con escasa o nula referencia y contra-referencia. Demora IV, 71,4%(10) fueron atendidos en emergencia después de 5 minutos (35,7% después de una hora), 50,0%(7) perciben mala o pésima calidad de atención y 35,7% realizaron re-consulta en establecimientos de primer nivel de atención y 14,3%(2) prefirieron irse a otro establecimiento. Conclusiones: en la mayoría de los casos en la oferta de servicios de salud hubo dificultades, sin embargo, en mayor magnitud se visibilizan las limitaciones en la demora IV. Existe la necesidad de impulsar actividades de difusión sobre los signos de alarma de la enfermedad.

Palabras claves: Dengue, atención médica, mortalidad.

38

DETERMINACIÓN DE LA OCURRENCIA DE INCIDENTES Y ACCIDENTES EN LABORATORIOS Y ÁREAS TÉCNICAS DEL INSTITUTO NACIONAL DE SALUD, PERIODO 2012-2017

Cecilia Gazzo¹, José Casquero¹, Carla Mendoza², Marco Rodríguez², Pablo Ocampo²

¹ Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

² Oficina General de Administración, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: Determinar la ocurrencia de incidentes y accidentes en laboratorios y áreas técnicas del INS al manipular inadecuadamente agentes biológicos o químicos, y/o por condiciones físicas o disergonómicas. Métodos: Investigación retrospectiva mediante la revisión de los reportes y de informes de accidentes/incidentes ocurridos en los laboratorios y áreas técnicas. El análisis de datos es por tabulaciones de la información recolectada para obtener medias de edad y proporciones para determinar género y casos. Resultados: El 51,9% de los casos corresponde al

género masculino. La edad media fue 39,6 años. El 38,9% de los casos reportados ocurrieron en el Centro Nacional de Salud Pública (CNSP), 37,7% en el Centro Nacional de Producción de Biológicos (CNPB), 11,7% en el Centro Nacional de Alimentación y Nutrición (CENAN), 7,8% en el Centro Nacional de Control de Calidad (CNCC) y 3,9% en el Centro Nacional de Salud Ocupacional y Protección del Medio Ambiente para la Salud (CENSOPAS). El 40,3% de los casos reportados corresponde al grupo profesional, 38,9% al grupo técnico y 20,8% al grupo auxiliar. El 25,9% de los casos reportados corresponde a golpes por colisión o caída en el laboratorio o área técnica, 20,8% obedece a accidentes con elementos punzo cortantes, 9,1% a maniobras y/o posturas inadecuadas, 6,5% a derrames biológicos (en su mayoría tubos con cepas de *Mycobacterium tuberculosis*), 5,2% a trabajo repetitivo, 3,9% a mordeduras de serpientes y arañas, entre otros. Conclusiones: La mayor cantidad de accidentes en la manipulación de agentes biológicos o químicos ocurren en los laboratorios de CNSP y CNPB. Es necesario mejorar las competencias del personal en bioseguridad en el laboratorio.

Palabras clave: exposición a agentes biológicos, laboratorios, accidentes de trabajo

39

ESTILOS DE VIDA ASOCIADOS AL PARTO PRETÉRMINO ATENDIDAS EN UN HOSPITAL PÚBLICO DE LIMA METROPOLITANA

Merly Delgado Guevara¹, Oscar Munares-García²

¹Hospital Nacional Hipólito Unánue, Ministerio de Salud, Lima, Perú

²Facultad de Medicina San Fernando, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

Objetivo: determinar la asociación de algunos estilos de vida asociados al parto pretérmino. Métodos: estudio transversal en 30 gestantes (19 con parto pre-termino y 11 de parto normal) atendidas en el Hospital Nacional Hipólito Unanue de Lima Perú, en junio del 2017. Aplicamos cuestionarios de datos generales y el cuestionario PEPS-I que mide estilos de vida saludable. Estimamos estadísticas descriptivas, odds ratio (OR) y regresión logística (ORa) y curva ROC. Resultados: 81,8% de las pacientes con parto pre-término se encontraban entre los 28 a 32 años, comparado con el 68,4% de las de parto normal (p=0,46). Cuatro factores de estilo de vida se asociaron al parto pre-término, entre los factores de riesgo fueron tercigesta (OR: 10,3 IC95% 1,0-108,6), incluir a veces o nunca alimentos que contienen fibra (OR: 6,4 IC95% 1,2-35,4). Entre los protectores el encontrar siempre ambientes agradables donde vive (OR: 0,06 IC95% 0,01-0,56) y el encontrar siempre maneras positivas para expresar los sentimientos (OR: 0,2 IC95% 0,03-0,9). El modelo resultado adecuado y fue predictivo para parto pre-término (área bajo la curva ROC: 0,914). Conclusiones: existen estilo de vida que se comportan como protectores para el parto pre-término: el encontrar siempre maneras positivas de expresarse y ambientes adecuados donde vivir.

Palabras clave: parto pre-término, estilos de vida, factores de riesgo

ADHERENCIA TERAPÉUTICA Y FACTORES ASOCIADOS EN ADULTOS MAYORES CON ENFERMEDADES CRÓNICAS NO TRANSMISIBLES

Karim Alarcón Loayza¹, Oscar Munares-García¹

¹Facultad de Medicina, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú

Objetivo: evaluar la adherencia terapéutica y sus factores asociados en adultos mayores con enfermedades crónicas no transmisibles. Métodos: Estudio transversal en una muestra de 30 pacientes que acuden a atenderse por consulta externa al Centro de Salud Leonor Saavedra de San Juan de Miraflores del Ministerio de Salud, en Lima, Perú en los meses de julio y agosto del 2017. Aplicamos la escala de medición de adherencia al tratamiento de Morisky de 8 ítems, que ubica a los pacientes en: alta adherencia si obtuvo 8 puntos, media de 6 o 7 puntos y baja si obtuvo 5 puntos o menos. Los factores asociados se midieron con la versión 4 del instrumento con 24 ítems. Se analizó medidas de tendencia central para determinar los datos generales de los participantes, se aplicó la prueba Chi-cuadrado y odds ratio (OR) para estimar las asociaciones. Resultados: El 50,0% se encontraba entre los 70 a 79 años, 53,3% de sexo femenino, 40,0% de nivel secundario. El 53,3% presentó adherencia terapéutica baja. 19 participantes presentaron hipertensión, 10 diabetes, 4 hipotiroidismo. Los factores asociados a la adherencia baja fueron: a veces está convencido que el tratamiento es beneficioso (OR: 0,1 IC95% 0,01-0,7), a veces se interesa por conocer su condición (OR: 0,1 IC95% 0,01-0,8), deja de tomar el medicamento sin consultar (OR: 22,0 IC95% 2,4-204,8), deja de tomar el medicamento si siente que está bajo control (OR: 35,0 IC95% 3,0-411,5), siente presión a apegarse al tratamiento (OR: 46,0 IC95% 3,3-634,9). Conclusiones: Alrededor de la mitad de los adultos mayores con enfermedades crónicas presentan adherencia terapéutica media-baja.

Palabra clave: Negativa del Paciente al Tratamiento, anciano, enfermedad crónica.

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DEL ORIGEN DEL BROTE DE RABIA CANINA DE LA REGIÓN AREQUIPA

Ricardo Luis Lopez Ingunza¹, Carina Mantari Torpoco¹

¹Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: Determinar el origen del brote de rabia urbana ocurrido en la Región Arequipa el año 2014 mediante el análisis del gen de la nucleoproteína del virus rábico de muestras de tejido nervioso de canes provenientes de la Región Puno de años anteriores. Métodos: El ARN total fue extraído mediante el reactivo TRIZOL y la síntesis del ADN complementaria llevada a cabo con el Kit (AMV) Reverse Transcriptase. Para la amplificación del gen completo (1352 pb) se utilizaron dos

juegos de iniciadores. El secuenciamiento del gen N fue bidireccional y los cromatogramas editados con los programas Bioedit y MEGA 6 (obtención del árbol filogenético), luego ensamblados con CAP3 sequence assembly program, alineados con clustal W y enviados al servidor BoxShade. Resultados: El análisis bioinformático demostró que el gen N del virus rábico de todos los aislados está conservado con un 98,6 - 100% de similaridad aminoacídica; sin embargo, sustituciones aminoacídicas fueron halladas. El análisis filogenético demostró la formación de dos clados distribuidos de acuerdo a su origen geográfico. El primer clado agrupa a las muestras procedentes de las provincias de Camaná (12/2014) y Arequipa, indicando que estas tienen un origen común. Asimismo, dentro del mismo se agrupan secuencias correspondientes a la región Puno del año 2014 y 2015, asociándose las del distrito de Ayaviri, provincia de Melgar, Puno (09/2014) a los primeros casos ocurridos en Arequipa. El segundo clado corresponde a las provincias de Chucuito (Puno) limítrofe a Bolivia. Conclusiones: El análisis filogenético determinó que el brote de rabia de la Región Arequipa tuvo su origen en el departamento de Puno y probablemente con origen de la provincia de Melgar, Puno. Asimismo, se ha encontrado dos linajes de virus rábico en canes circulantes en la región sur del Perú.

Palabras clave: Rabia, virus de la rabia, filogenia, Peru.

DISTRIBUCIÓN DEL DIAGNÓSTICO DE INFECCIÓN URINARIA EN EL SISTEMA DE SALUD PERUANO, 2016

Maria Elena Muñoz Zambrano¹, Oscar Munares-García¹

¹Facultad de Medicina, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú

Objetivo: estimar la distribución y frecuencia del diagnóstico de infección urinaria en el sistema de salud peruano. Métodos: Estudio transversal donde se estudiaron 227 041 diagnósticos de infección urinaria, remitidos a la Superintendencia Nacional de Salud bajo el Sistema Electrónico de Transferencia de Información de IPRESS y Unidades de Gestión de IPRESS (SETI-IPRESS), cuenta con el diagnóstico CIE-10, edad, sexo, mes, y región correspondiente a enero a diciembre de 2016. Se aplicó distribución de frecuencias y porcentajes. Resultados: Según grupos de edad, los que se encuentran entre los 30 a 59 años presentaron la mayor proporción de diagnósticos de infección urinaria (42,5%), seguidos de los mayores o iguales de 60 años (27,3%), durante el año, la proporción osciló entre 2,5% a 11,6%, siendo en los meses de abril a diciembre los que presentaron mayor frecuencia. Las regiones de Lima (45%), Callao (6,3%) y Piura (5,9%) presentaron la mayor frecuencia. Entre los subsectores el Ministerio de Salud fue el que presentó el mayor porcentaje (39,8%), seguido de EsSalud (31,1%), las entidades privadas con 25,3% y las sanidades con 3,7%. Conclusiones: La infección urinaria se encuentra en todos los grupos de edad, su más frecuente en adultos mayores, Lima y en el Ministerio de Salud.

Palabras clave: Infecciones Urinarias, Perú

FRECUENCIA ALIMENTARIA EN ESTUDIANTES DE OBSTETRICIA DE UNA UNIVERSIDAD PERUANA

Oscar Munares-García¹, Erika Caro Mercado¹, Jessica Yace Martínez¹

¹Facultad de Medicina, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú.

Objetivo: Determinar el consumo alimentario en estudiantes de obstetricia. Métodos: Estudio transversal en 94 estudiantes de obstetricia de una universidad particular de Lima, Perú. Medimos variables antropométricas y un formulario de frecuencia alimentaria. Resultados: 55,3% de los estudiantes tenían entre 22 a 26 años, 96,8% mujeres. En cuanto a estado nutricional, 63,8% era normal, 23,4% con sobrepeso y 12,8% con obesidad. En cuanto a su consumo alimentario, 28,4% nunca consume verduras y hortalizas, 40,5% consume frutas a la semana, 31,3% nunca consume leguminosas y harinas, 36,5% nunca consume huevos, carnes y pescado y 41,0% nunca consume lácteos. En cuanto al consumo de verduras y hortalizas diariamente fue 12,2% en las normales, 4,2% en las de sobrepeso y 5,1% en las de obesidad. El consumo de frutas diariamente fue 12,5% en las normales, 9,4% en las de sobrepeso y 6,3% en las obesas. Conclusiones: Más de un tercio de los estudiantes de obstetricia presenta sobrepeso u obesidad, existe una diferencia en el consumo diario de frutas y verduras siendo menos frecuente entre las de sobrepeso y obesidad.

Palabras clave: ingestión de alimentos, estudiantes

TENDENCIA DEL ESTADO NUTRICIONAL Y ANEMIA EN GESTANTES PERUANAS SEGÚN EL SISTEMA DE INFORMACIÓN DEL ESTADO NUTRICIONAL DEL NIÑO Y LA GESTANTE (2012 – PRIMER SEMESTRE 2017)

Doris Alvarez Dongo¹, Carolina Beatriz Tarqui Mamani^{1,2}, Paula Lita Espinoza Oriundo¹

¹Instituto Nacional de Salud, Perú

²Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú

Objetivo: analizar la tendencia de los principales indicadores nutricionales en gestantes entre los años 2012 y primer semestre 2017 del Sistema de Información del Estado Nutricional del Niño y la Gestante (SIEN). Métodos: Estudio descriptivo, transversal, basado en el SIEN de la Dirección Ejecutiva de Vigilancia Alimentaria y Nutricional del CENAN del Instituto Nacional de Salud. La población estuvo constituida por gestantes que acuden a establecimientos de salud (EESS) del Ministerio de Salud quienes fueron evaluadas por personal de establecimientos de salud (EESS) registrando los datos en el aplicativo informático SIEN, consolidado a nivel de Direcciones de Salud y remitido al CENAN. El diagnóstico del estado nutricional se realizó mediante las tablas del Centro Latinoamericano de Perinatología / Salud de la Mujer y reproductiva, para determinación de anemia se usó los parámetros recomendados por OMS. Se determinó la proporción de bajo peso, sobrepeso, obesidad y anemia.

Resultados: El bajo peso en gestantes si bien ha disminuido en 0,3 % entre los años 2012 al primer semestre 2017, en los últimos años se ha mantenido sin cambios. La tendencia del sobrepeso y la obesidad fue hacia el aumento en 3,6% y 3,5% respectivamente entre los años 2012 y el primer semestre 2017. El exceso de peso (Sobrepeso + Obesidad) se incrementó en 7,1% en los años de referencia. La anemia presentó una tendencia hacia la disminución en 3,1% entre los años 2013 y el primer semestre 2017, manteniéndose sin cambios entre el 2016 y primer semestre 2017. Conclusiones: Según el SIEN, la tendencia del exceso de peso fue al incremento pasando de afectar a un tercio de las gestantes en el 2012 a más del 40% para el primer semestre 2017. La tendencia de anemia en gestantes fue a la disminución, aunque en los últimos periodos permanece invariable.

Palabras claves: estado nutricional, sobrepeso, obesidad, anemia, mujeres embarazadas

REPRESENTACIONES SOCIALES DEL MANEJO PREVENTIVO DE LA ANEMIA EN MADRES CON NIÑOS ENTRE 4 A 5 MESES, LIMA PERÚ

Judith Chamorro Galindo¹, Oscar Munares-García¹

¹Facultad de Medicina, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú

Objetivo: sistematizar algunas representaciones sobre el manejo preventivo de la anemia en madres de niños menores de cuatro y cinco meses de Lima, Perú. Métodos: estudio cualitativo, bajo el esquema de la teoría fundamentada, en cinco madres con niños entre los 4 a 5 meses, con manejo con suplementos con sulfato ferroso para prevenir la anemia, dichos niños fueron atendidos en el puesto de salud de Villas de Ancón, perteneciente al distrito de Ancón, las entrevistas a profundidad se realizaron entre agosto a setiembre del 2017. Para las entrevistas cualitativas se utilizó un consentimiento informado y se grabaron todas las respuestas de la madre durante la entrevista. Resultados: las madres presentaron una edad entre 26 a 37 años. Tras la evaluación de las entrevistas se encontraron 4 representaciones: 1. Importancia del problema de la anemia del niño, 2. Poca comprensión de las madres a las orientaciones dadas para la terapéutica del niño, 3. Importancia de la alimentación en la mujer y 4. Importancia e identificación de alimentos ricos en hierro. Conclusiones: se encontraron representaciones correspondientes a manejo realizado dentro del establecimiento de salud como son la comprensión de la terapéutica y alimentos ricos en hierro.

Palabras clave: anemia, niño, prevención, hierro

INMUNOGENICIDAD DEL ESQUEMA DE PRE-EXPOSICIÓN UTILIZANDO UNA VACUNA ANTIRRÁBICA COMERCIAL PRODUCIDA EN CELULAS DIPLOIDES

Ricardo Luis Lopez Ingunza¹, Albina Díaz Olivera¹

¹Instituto Nacional De Salud, Perú

Objetivo: determinar la seroconversión y persistencia del esquema de pre-exposición de tres dosis más un

refuerzo al año de la vacuna antirrábica de uso humano elaborada en células diploides en una población en riesgo que manipula animales que potencialmente podrían tener rabia. Métodos: estudio de cohorte prospectivo que se realizó durante los años 2011 al 2014 en la ciudad de Lima. La muestra consistió de 80 alumnos, mayores de 18 años, sin vacunación previa de primer o segundo año de las facultades de medicina veterinaria de dos universidades locales. Estos estudiantes se vacunaron de manera voluntaria con el esquema de pre -exposición de tres dosis (0, 7 y 28 días) con un refuerzo al año contra la rabia. Para la determinación de anticuerpos se utilizó la prueba rápida de inhibición de focos fluorescentes (RFFIT). Las colectas de muestras se realizaron antes de la vacunación, a los 28, 45, primer, segundo y tercer año. El título de 0,5 UI/mL es considerado como el límite de protección contra la rabia. Resultados: la vacunación logró títulos mayores a 0,5 UI/mL en el 96% de los alumnos a partir de la segunda dosis. El promedio geométrico a los 360 días, post esquema fue de 1,8 UI/mL y a los 720 días aumentó seis veces a 11,3 UI/mL, luego de un refuerzo, para luego disminuir a los 1080 días hasta 5,9 UI/mL. Conclusiones: la eficacia de la vacunación antirrábica con tres dosis fue del 100% (> 0,5 UI/ml). Un refuerzo al año logra el más alto nivel de protección y provee protección duradera de más de tres años.

Palabras clave: Inmunogenicidad Vacunal, rabia

47

ANÁLISIS DE CURVAS DE MELTING (HIGH RESOLUTION MELTING) PARA EL DIAGNÓSTICO DE TUBERCULOSIS MULTIDROGO-RESISTENTE (TB-MDR) EN MUESTRAS DE ESPUTO

Marco Galarza¹, Heinner Guio¹, Mitzi Rodríguez², Edith Castillo² Ada Reque², Omar Salazar²

¹Laboratorio de Biotecnología y Biología Molecular, Instituto Nacional de Salud, Perú

²Laboratorio de Referencia Regional de Tuberculosis y Microbiología, DIRESA Callao, Perú.

Objetivo: analizar curvas de melting (High Resolution Melting: HRM) para diagnóstico de TB-MDR en muestras de esputo. Métodos: estudio retrospectivo, 250 muestras de esputo descontaminados fueron colectadas: 124 sensibles a rifampicina (RIF) e isoniacida (INH), 24 monoresistentes a RIF, 33 monoresistentes a INH y 69 multidrogo-resistentes. Extrajimos el ADN con kit comercial (Invitrogen). El PCR en tiempo real se realizó utilizando kit comercial (Master Mix 1X HRM, Qiagen) bajo las condiciones de ciclaje del fabricante. Cada muestra se corrió por duplicado para los genes rpoB, katG e inhA. Se usó ADN de la cepa H37Rv como referencia en los análisis. El análisis de HRM se realizó en el software del termociclador Rotogene Q (Qiagen). Se evaluaron los parámetros de sensibilidad y especificidad del análisis HRM en comparación con el método de referencia agar proporciones en placa (APP). Resultados: los análisis de HRM comparados con el APP mostraron una sensibilidad de 89,4 % y una especificidad de 90,4 % para la detección de TB-MDR en muestras de esputos descontaminados, considerando a los genes rpoB, katG y la región promotora inhA. Estos valores son

mayores cuando se analizan los parámetros de sensibilidad y especificidad por separado para cada gen. Los valores de sensibilidad y especificidad estuvieron dentro del rango del intervalo de confianza de 95%. Las muestras analizadas por duplicado dieron el mismo resultado para cada uno de los marcadores evaluados: genes rpoB, katG e inhA, indicando un 100% de reproducibilidad. Conclusiones: el análisis de curvas de melting (HRM) mostró una adecuada sensibilidad y especificidad en el diagnóstico de TB-MDR. Su uso podría ser una buena alternativa al diagnóstico microbiológico, con esto se reduciría el tiempo de exposición de pacientes a personas sanas y el oportuno inicio de tratamiento de la enfermedad.

Palabra clave: tuberculosis, Tuberculosis Resistente a Múltiples Medicamentos, diagnóstico

48

RIESGO ENTOMOLÓGICO DEL VECTOR DEL DENGUE EN LAS EMBARCACIONES DE LORETO UTILIZANDO OVITRAMPAS Y TECNOLOGÍA DE INFORMACIÓN Y COMUNICACIONES (TICS)

Carmen Sinti Hesse¹, Fabiola Díaz Soria¹, Rodil Tello Espinoza², Wilma Casanova Rojas³, Christiam Carey Ángeles³, Alva Luz Vásquez Vásquez², Karine Zevallos Villegas¹.

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú.

²Vicerrectorado de Investigación, Universidad Nacional de la Amazonía Peruana, Perú.

³Facultad de Medicina Humana, Universidad Nacional de la Amazonía Peruana, Perú.

Objetivos: estimar el riesgo entomológico del vector de dengue durante el recorrido fluvial de embarcaciones con rutas fronterizas de Loreto utilizando ovitrampas y TICS. Métodos: estudio observacional, la población de estudio fueron los mosquitos identificados durante el recorrido de ida y vuelta de 03 embarcaciones que partieron desde Iquitos hacia las localidades fronterizas de la región Loreto. Un personal del estudio estuvo durante el recorrido de ida y vuelta de cada embarcación, y realizó al menos dos mediciones de adultos, huevos y larvas. Cada medición fue geo-referenciada con GPS Garmin/Etrex 20x. Los datos de las fichas fueron colectados en tabletas utilizando el software libre Open data kit, las imágenes de los huevos de las ovitrampas fueron captadas con cámaras digitales y para el conteo de huevos se aplicó el software Image J. El análisis y procesamiento de los datos se realizó en el Instituto Nacional de Salud (Sede Iquitos). Se realizó un análisis descriptivo utilizando Stata v14. Resultados: se realizaron dos viajes por embarcación (el primero en época de vaciante y el segundo en creciente fluvial). El tiempo de viaje de ida y vuelta fue de 5 a 30 días, siendo la ruta del Estrecho la de mayor duración. El rango de pasajeros por embarcación varió de 50 a 200 por ruta. Se realizaron de 4 a 15 colectas de huevos, larvas y adultos. Se encontró índices de riesgo entomológico alto para *Aedes aegypti* en la embarcación con Ruta al Estrecho y de medio a bajo en las otras rutas. Además de *Aedes aegypti* se encontraron otros mosquitos adultos: *Culex sp.*, *Culex melanoconium*, *Manzonia sp.*, *Aediomia*, *Coquilletidia*, *Anopheles trianulatos*, *Anopheles peryasui*, *Anopheles nuneztovari*. El programa OpenData Kit en tabletas permitió

colectar e enviar la información solo en lugares con acceso a internet. La banda del internet no permitió el envío de imágenes a tiempo real. Conclusiones: existe riesgo entomológico para *Aedes aegypti* en las embarcaciones con rutas fronterizas de Loreto. Las TICs son aplicables y funcionales en la vigilancia entomológica en campo.

Palabras clave: vigilancia, entomología, dengue, vectores de enfermedades

49

ACCESO A CENTROS DE SALUD E INCIDENCIA DEL CÁNCER DE CUELLO UTERINO EN LIMA METROPOLITANA: UN ESTUDIO USANDO SISTEMAS DE INFORMACIÓN GEOGRÁFICA

Johans A. Arica¹

¹The University of Sheffield

Objetivo: identificar si la tasa de incidencia del cáncer de cuello uterino presenta una distribución espacial cluster. Encontrar los determinantes sociales, económicos o espaciales de la enfermedad. Método: estudio ecológico y descriptivo. La unidad de análisis es la zona censal. Estas zonas presentaron características derivadas del Censo 2007 (determinantes sociales y económicos) y a su vez características espaciales (índices de acceso a centros a salud) que fueron analizadas para observar si explican la tasa de incidencia del cáncer de cuello uterino a nivel de zona censal. Materiales: Casos de cáncer de cuello uterino identificados entre 2004-2005 y 2010-2012; cartografía de calles, urbanizaciones, manzanas y zonas censales, límites distritales; variables censo 2007; centros de salud públicos para la prevención y tratamiento de la enfermedad; cantidad de profesionales de la salud con labores para la prevención de la enfermedad. El análisis consistió en: geocodificación de pacientes y centros de salud; Spatial smoothing; análisis de correlación Pearson; Principal Component Analysis (PCA); Three-step floating catchment area (3SFCA); regresión multivariada; regionalización automatizada (REDCAP); análisis cluster espacial global y local. Resultados: la distribución espacial de los casos de cáncer se concentra en el centro de la metrópoli y algunas zonas del norte, sur y este. Así mismo, la tasa de incidencia pareció mostrar un patrón cluster. En otras palabras, zonas censales con una alta tasa se encuentran rodeadas de zonas con altas tasas y el mismo patrón es observado con las tasas más bajas. Para confirmar tal patrón, 3 técnicas estadísticas espaciales fueron usadas: Global Moran's I, Local Moran's I, Gi Statistic, los cuales confirmaron que Lima Metropolitana presenta un patrón cluster de la incidencia del cáncer. Luego, mediante análisis de correlación y regresión se encontró que la tasa de incidencia está más relacionada con factores socioeconómicos en lugar de los factores espaciales. Conclusiones: patrón espacial cluster estadísticamente significativo de la tasa de incidencia en Lima Metropolitana. Mujeres que viven en zonas con desventajas socioeconómicas son más propensas a sufrir de cáncer de cuello uterino. La desventaja socioeconómica es un determinante social importante para entender la enfermedad. Factores espaciales no explican la variación de la incidencia.

Palabras clave: Sistemas de Información Geográfica, Accesibilidad a los Servicios de Salud, epidemiología, Neoplasias Uterinas

50

IMPACTO DE EL NIÑO COSTERO 2017 EN POBLACIONES DE VIBRIO CHOLERAЕ Y VIBRIO PARAHAEMOLYTICUS EN LA COSTA NORTE DE PERÚ

Oscar Escalante-Maldonado¹, Julio Chunga¹, Ítalo Gallesi¹, Ronnie G. Gavilán¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: evaluar los posibles riesgos de este evento en la ocurrencia de Vibrios patógenos en muestras ambientales y clínicas. Métodos: las muestras clínicas (heces) y ambientales (mariscos y agua de mar) fueron colectadas en las regiones de Tumbes, Piura y Lambayeque, dos veces por mes durante los meses de enero a mayo del 2017. Las muestras fueran analizadas mediante cultivo microbiológico, amplificación isotérmica mediada por bucle (LAMP) y reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para evaluar la presencia de variantes toxigenicas de *V. cholerae* (gen *ctxA*) y *V. parahaemolyticus* (genes *tdh/trh*). Asimismo, se obtuvieron los datos de temperatura superficial del mar (SENAMHI) los cuales fueron comparados con la ocurrencia de Vibrios toxigénicos y analizada su correlación mediante líneas de tendencia. Resultados: se colectaron un total de 186 muestras ambientales y 250 muestras clínicas. El ensayo LAMP fue llevado a cabo a partir del ADN extraído de la muestra directa y el método PCR a partir de las colonias de *Vibrio* aisladas. El cambio en los valores de presencia/ausencia obtenidos durante el estudio mostró una muy buena correlación del número de muestras ambientales positivas con el número de pacientes positivos y el cambio de temperatura en el agua del mar, con un coeficiente de correlación de 0,8, debido al evento El Niño Costero lo cual podría haber jugado un rol importante en el incremento de muestras positivas en los meses de mayor temperatura superficial y presencia de lluvias. Conclusiones: estos resultados reafirman el rol que cumplen las condiciones medio ambientales en la emergencia de patógenos de importancia en salud pública, asimismo estas evidencias pueden permitir a las autoridades tomar medidas preventivas para reducir el efecto de futuros eventos oceanográficos/climáticos en las regiones con mayor riesgo de sufrir epidemias.

Palabras clave: El Niño Oscilación del Sur, *Vibrio cholerae*, *Vibrio parahaemolyticus*, Amplificación de Genes, Reacción en Cadena de la Polimerasa

51

SANGRE SECA EN PAPEL FILTRO, UNA ALTERNATIVA EXITOSA EN EL PLAN NACIONAL DE ELIMINACIÓN DE LA TRANSMISIÓN INFANTIL DEL VIH

Fany Cárdenas-Bustamante¹, Soledad Romero-Ruiz¹, Estela Huamán-Angeles¹, Susan Espetia-Anco¹, Maribel Acuña-Barrios¹, Eduardo Miranda-Ulloa¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud.

Objetivo: evaluar la prueba de diagnóstico de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) cualitativo en tiempo real a

partir del ADN proviral del VIH-1, en muestras de sangre seca en papel filtro. Métodos: realizamos un estudio observacional (octubre-diciembre 2016). Seleccionamos 56 muestras de sangre extraídas en tubos con EDTA (28 positivos a VIH y 28 negativos de niños expuestos a VIH (Gold Estándar: sistema COBAS® AmpliPrep/COBAS® TaqMan® HIV-1, v2.0 y PCR convencional HIV-1 ADN proviral). Las 56 muestras fueron impregnadas en papel filtro (DBS); añadiéndose 70 ul por cada círculo de la tarjeta 903 TM, se dejó secar (18-25°C) por tres horas y luego fueron almacenadas hasta su procesamiento por la prueba cualitativa de PCR-RT a partir del ADN proviral de VIH-1, extraídos del papel filtro con una solución fijadora de ADN. La sensibilidad, especificidad, límite de detección y precisión diagnóstica se calculó utilizando el programa EpiDat v 3.1 y Excel. Resultados: la prueba cualitativa de PCR-RT a partir de ADN proviral de VIH-1 extraído de sangre seca en papel filtro mostró una sensibilidad y especificidad diagnóstica del 100% (IC 95%: 87-100) respectivamente. En cuanto a su límite de detección, esta prueba cualitativa también mostró buenos resultados al enfrentarlas 22 veces a cuatro muestras con diferentes valores de carga viral. Del mismo modo, se tuvo una alta precisión de la prueba al procesarse 11 repeticiones de estas cuatro muestras en dos días consecutivos. Conclusiones: los resultados nos muestran una buena eficiencia diagnóstica de la prueba molecular evaluada. En consecuencia, el uso de sangre seca en papel filtro de niños expuestos al VIH de lugares poco accesibles nos posibilitará realizar mejores intervenciones sanitarias dirigidas a eliminar la transmisión materno infantil del VIH.

Palabra clave: Virus 1 de la Inmunodeficiencia Humana, Reacción en cadena de la polimerasa (PCR)

52

SITUACIÓN DE LA RABIA EN EL PERÚ, PERIODO 2015-2017

Ricardo Luis Lopez Ingunza¹, Albina Diaz Olivera¹

¹Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: sistematizar la información de los diagnósticos de laboratorio de rabia realizados por el laboratorio de zoonosis virales del Centro Nacional de Salud Pública del Instituto Nacional de Salud (INS) durante los años 2015-2017 (30 junio). Método: incluimos todos los casos de rabia humana y animal diagnosticados. La fuente de datos fue el sistema NETLAB, que es un sistema informático que registra los resultados de todos los laboratorios del INS. El diagnóstico de rabia fue confirmado mediante el uso de pruebas estandarizadas en el laboratorio de zoonosis virales (inmunofluorescencia directa y la prueba biológica). Además, en el caso de muestras de rabia humana son utilizadas otras pruebas como la RT-PCR y la prueba rápida de inhibición de anticuerpos fluorescentes. Resultado: durante los años 2015-2017 se confirmaron un total de 17 casos de rabia humana urbana y silvestre correspondiendo solamente uno de ellos a rabia urbana en Puno y el resto a rabia silvestre de las regiones de Loreto (7 casos), Pasco (4), Cusco (3) y San Martín (2). De estos brotes tres de ellos correspondieron a comunidades nativas, a excepción de San Martín y el de mayor magnitud ocurrió en Loreto. En cuanto a rabia canina,

fueron 118 casos de rabia canina que se presentaron en las regiones de Puno y Arequipa. En la Región Puno ocurrieron 17 y en Arequipa 101 casos de rabia. En lo que respecta a rabia silvestre se confirmó un total de 60 casos en nueve regiones: San Martín (25), Amazonas (8, Apurímac (7), Ayacucho (7), Cajamarca (2), Huánuco (3), Loreto (1), Pasco (11) y Madre de Dios (1 caso). Conclusiones: la rabia humana sigue siendo un problema serio en el Perú, siendo la de mayor importancia la rabia humana silvestre. Sin embargo, se mantiene la persistencia de la rabia transmitida por canes en la región Puno y Arequipa, siendo un riesgo potencial de diseminación a otras regiones urbanas, como Lima.

Palabras clave: rabia, virus de la rabia, diagnóstico, Perú

53

ANÁLISIS DEL RESISTOMA DE BARTONELLA BACILLIFORMES EMPLEANDO HERRAMIENTAS COMPUTACIONALES

Mariella Farfán-López¹, Abraham Espinoza-Culupú², Ruth García-de-la-Guarda³

¹Unidad de Posgrado, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú

²Instituto Butantan, Laboratorio de Bacteriología, Brasil,

³Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú

Objetivo: analizar el resistoma de Bartonella bacilliformis, mediante métodos computacionales, con la finalidad de conocer genes relacionados a la resistencia antimicrobiana. Métodos: investigación de tipo descriptivo, se realizó la búsqueda de cepas de genomas completos de Bartonella bacilliformis depositados en la base de genes e genomas GenBank, encontrando un solo genoma completo, se trabajó con el genoma de Bartonella bacilliformis KC583(NC_008783.1), para el análisis del resistoma se ingresó a la web de MicroScope y ARDB-Antibiotic Resistance Genes Database en donde se trabajó con el genoma mencionado obteniendo los resultados en tablas que luego se transfirieron a formato excel. Los resultados obtenidos fueron corroborados con un blast. Resultados: logramos detectar genes encontrados en otras cepas bacterianas que están presentes en Bartonella bacilliformis como: Alanyl-tRNA synthetase de E. coli con una identidad de 53,5% relacionado a la resistencia a novobiocina; el gen transcription repair coupling factor con identidad de 36% relacionado a la resistencia a las quinolonas (ciprofloxacina, levofloxacina) droga usada en el tratamiento de la enfermedad de Carrión; también hemos encontrado transportadores como ATP-binding protein of ABC transporter y AcrB/AcrD/AcrF multidrug efflux protein que confieren resistencia a eritromicina, cloranfenicol y fluoroquinolonas. Conclusiones: nuestros datos indicarían que esta similitud de genes relacionados a la resistencia antimicrobiana encontrados en Bartonella bacilliformis podrían explicar una de las causas en las fallas del tratamiento de la enfermedad y la persistencia de la bacteria.

Palabras clave: Resistoma, Biología Computacional, genoma bacteriano, Bartonella bacilliformis

ASOCIACIÓN ENTRE DÉFICIT COGNITIVO Y ESTADO AFECTIVO EN ADULTOS MAYORES ATENDIDOS EN DOS ESTABLECIMIENTOS DE SALUD. LA VICTORIA, CHICLAYO

Virgilio E Failoc-Rojas¹, Aldo F Del Pielago Meoño¹

¹Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo, Perú

Objetivo: evaluar la asociación entre el déficit cognitivo y estado afectivo en adultos mayores de dos centros de salud La Victoria, Chiclayo, atendidos en el año 2016 por consultorio externo. Métodos: realizamos un estudio observacional y retrospectivo que incluyó a individuos mayores de 60 años que residan en el distrito de La Victoria, Chiclayo. Se recolectó información de la historia clínica y se usó el test de Escala depresión abreviada de Yesavage (sensibilidad: 81,1%, especificidad: 76,7%) y para la evaluación cognitiva se usó cuestionario abreviado de Pfeifer (sensibilidad: 85,7%, especificidad: 79,3%). Obteniéndose una muestra por comparación de proporciones, (con una proporción para depresión del 27% para mujeres y 14% en varones), dando un total de 302 pacientes. Se realizó análisis univariado presentando en frecuencias y porcentajes, bivariado usando chi-cuadrado y t-student, y multivariado usando regresiones generalizado lineal. El estudio fue aprobado por el Comité de ética del Hospital Regional Lambayeque. Resultados: el promedio de la edad fue 73 años. Se encontró que el 30,8% presentaban manifestaciones depresivas, y el 18,2% presentó algún grado de deterioro cognitivo. Hubo 160 (52,98%) que tuvieron un riesgo socio familiar, en valoración funcional dependiente se detectaron 29 (9,60%). En el análisis multivariado para el estado afectivo con la deficiencia cognitiva ajustado a las variables edad, estado nutricional, comorbilidades, dependencia, estado socio-familiar, se encuentra una razón de prevalencia de 1,76 ($p < 0,05$). Sin embargo, esto no es influyente en los varones, pero si es significativo en las mujeres. Por lo tanto, independiente de la edad, estado nutricional, enfermedades, estado socio familiar del adulto mayor, las mujeres que tienen alguna manifestación depresiva, tienen 2,32 más probabilidad de tener deterioro cognitivo. Conclusiones: podemos inferir que mientras más avanzada sea la edad de la persona mayor será el riesgo para tener un deterioro cognitivo y más si hay alguna comorbilidad. La depresión está asociada con deficiencia en el estado cognitivo siendo el riesgo socio familiar un factor influyente que puede ser prevenible.

Palabras clave: Salud Pública, anciano, deterioro cognitivo, índice masa corporal, atención primaria de salud.

PREVALENCIA DE DESNUTRICIÓN CRÓNICA, SOBREPESO, OBESIDAD Y ANEMIA EN MENORES DE 5 AÑOS QUE ASISTEN A ESTABLECIMIENTO DE SALUD DE ESSALUD PUNO, 2012-2016

Gaby Raquel Ochoa Yucra¹, Claudia Beatriz Villegas Abrill¹

¹Universidad Nacional del Altiplano, Puno, Perú

Objetivo: estimar la prevalencia de desnutrición crónica, sobrepeso, obesidad y anemia en niños de 0 a 59 meses

que asisten al consultorio de Nutrición del Hospital III EsSalud Puno, 2012 a 2016. **Métodos:** estudio descriptivo, basado en un análisis secundario de datos de la evaluación nutricional del consultorio de Nutrición y tamizaje de anemia en el Consultorio de Pediatría del Hospital III EsSalud Puno, durante los años 2012 al 2016. Se clasificó en tres grupos de edad, como lactantes menores (<6 meses), lactantes mayores (> 6 meses a 2 años) y preescolares con el fin de analizar las diferencias entre edades y sexo. Resultados: la prevalencia de desnutrición crónica en niños menores de 5 años fue de 21% para el 2016 la proporción más alta fue a la edad de 24 a 59 meses afectando en un 30% a niñas y en 26,6% a niños en el 2016. El sobrepeso afectó en un 21,8% en el último año, proporción mayor al observado en el año 2012 (11,3%). La prevalencia de obesidad es leve según la importancia de salud pública ya que las cifras no superan el 10%, no se encontró diferencias significativas entre sexo. La prevalencia de anemia supera el 40% en ambos sexos, siendo más alta en mujeres. Conclusiones: las cifras siguen ascendiendo constantemente cada año, siendo así un grave problema de salud pública y lo que constituye un verdadero desafío para las políticas públicas. A pesar de que otros estudios indican que las cifras disminuyen cada año, en este estudio se demostró lo contrario.

Palabras clave: prevalencia, desnutrición crónica, sobrepeso, obesidad y anemia.

POBREZA Y SU INFLUENCIA EN EL RIESGO Y DAÑO FAMILIAR DEL DISTRITO DE VILLA MARÍA DEL TRIUNFO, PERÚ 2015-2017

Cristian Morán-Mariños^{1,4}, Sarita Quispe Colquepisco^{2,4}, Carlos Alva-Díaz^{3,4}

¹ Sociedad Científica de Estudiantes de Medicina, Universidad Privada San Juan Bautista (SOCIEM – UPSJB). Lima, Perú.

² Sociedad Científica de Estudiantes de Medicina de Ica (SOCEMI), Universidad Nacional San Luis Gonzaga. Ica, Perú.

³ Servicio de Neurología, Hospital Nacional Daniel Alcides Carrión, Callao, Perú

⁴ Centro de investigación OADI, Hospital Nacional Daniel Alcides Carrión, Callao, Perú.

Objetivo: determinar el estado de pobreza y su influencia en el riesgo y daño familiar del distrito de Villa María del Triunfo (VMT), Perú 2015 – 2017. Métodos: estudio ecológico de fuente secundaria de la base de datos del establecimiento de salud “Daniel A Carrión” del distrito de VMT en el que se evalúa el riesgo familiar y nivel socioeconómico de familias de 7 sectores. Revisamos retrospectivamente las fichas de cada familia buscando las variables de interés. Registramos los datos en Microsoft Excel 2015 y se analizaron en Stata v.12. Resultados: entre el 2015 y junio 2017 se evaluaron a 450 familias en el distrito de VMT. Más de la mitad de las familias son pobres (77,9%), de estas el 36,3% son de mediano y alto riesgo. Los daños más prevalentes fueron malnutrición y salud mental. Los factores de riesgo familiar más frecuentes fueron violencia familiar, en infantes la ausencia de lactancia materna y en gestante ser adolescente o añosa. En el análisis

multivariado se encontró que la pobreza está asociada a riesgo familiar ($p = 0,019$; RR: 1,84; IC 95% 1,07 - 3,23) y la probabilidad de adquirir algún daño ($p < 0,001$ OR: 2,29; IC 95% 1,32-3,92). Conclusiones: El nivel de pobreza entre el periodo 2015 - 2017 fue alto. Esta condición se encontró asociada a un mayor riesgo y daño familiar especialmente para condiciones como malnutrición y problemas de salud mental. Se deberían realizar intervenciones en las familias sobre todo en las pobres y adoptar medidas.

Palabras clave: pobreza, familia, Perú

57

REPORTE DE CARGA POR ENFERMEDADES NEUROLÓGICAS EN EL PERÚ: ESTUDIO DE FUENTE SECUNDARIA DE LA GBD 1990 – 2015

Andrely Huerta-Rosario^{1,2}, Roberto Molina-Niño de Guzmán^{1,2}, Alba Navarro-Flores^{1,2}, Carlos Alva-Díaz^{1,3}, Wilfor Aguirre-Quispe^{1,4}, Nilton Custodio⁵, Juan Enrique Toro-Perez⁶, Roberto Romero³

¹Red de Eficacia Clínica y Sanitaria, REDECS, Lima, Perú

²Facultad de Medicina “Hipólito Unanue” de la Universidad Nacional Federico Villarreal

³Servicio de Neurología, Departamento de Medicina, Hospital Daniel Alcides Carrión

⁴Instituto Nacional de Salud

⁵Instituto Peruano de Neurociencias, Lima, Perú,

⁶Servicio de Clínica Pediátrica, Hospital Nacional Guillermo Almenara

Objetivo: analizar los datos de carga por enfermedades neurológicas en Perú para 1990-2015 y evaluar su evolución según sexo, edad y tipo de trastorno. **Métodos:** estudio descriptivo que usó los datos epidemiológicos publicados por Institute for Health Metrics and Evaluation que incluye el The Global Burden of Disease desde el año 1990 al 2015. La medida de carga utilizada fue los años de vida ajustado por discapacidad (AVAD), que resulta de la suma de los años de vida perdidos debido a muerte prematura (AVP) y los vividos con discapacidad (AVD). Los AVAD se ajustaron por comorbilidad y se estimaron con intervalos de confianza del 95%. Se seleccionaron los datos para el Perú en 1990 y 2015 para AVAD, AVD y AVP por año, sexo, edad y tipo de trastorno neurológico. Resultados: la carga por trastornos neurológicos fue 2,7% y 5,7% en 1990 y 2015 respectivamente, del total de AVAD por todas las causas para el Perú. En el 2015, Las cinco principales causas fueron: migraña, enfermedad cerebrovascular, encefalopatía neonatal por asfixia o trauma, enfermedad de Alzheimer (con un incremento de 157% con respecto a 1990), y cefalea por sobreuso de medicación. El cáncer del sistema nervioso central también presentó un incremento del 183% de AVAD respecto a 1990. El 61,1 % de AVAD lo aportaron las mujeres. Entre los 25 y 39 años se produjeron mayor cantidad de AVAD y un pico máximo en mayores de 85 años. Del total del AVP, los trastornos neurológicos representaron el 2,15% siendo la encefalopatía neonatal la principal. Del total de AVD, los trastornos neurológicos representaron el 9,47% siendo la migraña la principal. Conclusiones: La carga por trastornos neurológico se duplicó desde 1990 al 2015, el Alzheimer y el cáncer del SNC son los que más se incrementaron. Estas representan una importante causa de discapacidad atribuible

al incremento de la esperanza de vida de nuestra población.

Palabras clave: Carga de la enfermedad; enfermedades neurológicas; años de vida ajustadas por discapacidad.

58

REPORTE DE CARGA POR ENFERMEDADES PSIQUIÁTRICAS EN EL PERÚ: ESTUDIO DE FUENTE SECUNDARIA DE LA CARGA GLOBAL DE ENFERMEDADES, 1990 – 2015

Alba Navarro-Flores^{1,2,3,4}, Andrely Huerta-Rosario^{1,2,3,4}, Roberto Molina^{1,2,3,4}, Carlos Alva-Díaz^{1,5}, Wilfor Aguirre-Quispe^{1,6}, Hernan Alexander Sinche Espinal⁷, Juan Carlos Ocampo Zegarra⁸, Luis Armando Andamayo Villalba⁹, Chahua M¹⁰

¹ Red de Eficacia Clínica y Sanitaria, REDECS, Lima, Perú

² Facultad de Medicina “Hipólito Unanue” de la Universidad Nacional Federico Villarreal

³ OADI del Hospital Nacional Daniel Alcides Carrión

⁴ Sociedad Científica de Estudiantes de Medicina Villarrealinos, SOCEMVI

⁵ Servicio de Neurología, Departamento de Medicina, Hospital Daniel Alcides Carrión, Callao-Perú

⁶ Oficina General de Investigación y Transferencia Tecnología del INS

⁷ Servicio de psiquiatría en niños y adolescentes, Hospital Edgardo Rebagliati Martins, Lima-Perú ⁸Hospital Guillermo Almenara, Lima-Perú

⁹ Hospital Víctor Larco Herrera, Lima-Perú

¹⁰ Hospital Hermilio Valdizan, Lima-Perú

Objetivo: analizar los datos de carga por enfermedades psiquiátricas en Perú para 1990-2015 y evaluar su evolución según sexo, edad y tipo de trastorno. **Métodos:** estudio descriptivo que usó los datos epidemiológicos disponibles del Institute for Health Metrics and Evaluation que incluye el The Global Burden of Disease desde el año 1990 al 2015. La medida de carga utilizada fue los años de vida ajustado por discapacidad (AVAD), que resulta de sumar los años de vida perdidos por mortalidad prematura (AVP) y los años vividos con discapacidad (AVD). Los AVAD se ajustaron por comorbilidad y se estimaron con intervalos de confianza del 95%. Se seleccionaron los datos para el Perú en dichos años para AVAD, AVP y AVD por año, sexo, edad y tipo de trastorno psiquiátrico o por consumo. Resultados: la carga por trastornos psiquiátricos representó el 11,7% del total de AVAD por todas las causas para el Perú en el 2015, siendo el doble de 1990 (5,3%). Las cinco principales causas fueron: trastornos depresivos (4,2% del total de AVAD), trastornos de ansiedad, trastornos por abuso de drogas, esquizofrenia y trastorno bipolar. Las diferencias por sexo fueron mínimas (las mujeres representaron el 5,9% y los varones el 5,7% del total de AVAD). Los máximos AVAD se concentraron entre los 10 y 54 años siendo mayor entre 20 a 29 años. Del total del AVP, los trastornos psiquiátricos representaron solo el 0,7%, siendo el abuso de drogas la principal en el 2015, y el abuso de alcohol en 1990. Del total de AVD, los trastornos psiquiátricos representaron el 23,4% siendo los trastornos depresivos y por ansiedad los principales. Conclusiones: Los trastornos psiquiátricos representan una importante causa de discapacidad en el 2015 para Perú, siendo los trastornos depresivos y por

ansiedad los más discapacitantes, presentándose en todos los grupos etarios y con predominio en el sexo femenino.

Palabras clave: psiquiatría, carga global de enfermedades, Perú

59

ANÁLISIS DE LA MORTALIDAD PERINATAL EN LIMA NORTE: USO DEL MÉTODO BABIES

Luz Edith Chan Cacciri¹

¹*Epidemiología de la Dirección de Redes Integradas de Salud Lima Norte, Lima, Perú*

Objetivo: describir el análisis de la mortalidad perinatal mediante el método BABIES. Métodos: estudio descriptivo transversal. Se usó la base de datos de Vigilancia Epidemiológica Perinatal y Neonatal 2014 y 2015 de los distritos de Independencia, Comas y Carabayllo. Se tomó las siguientes características de los casos: sexo, edad gestacional, peso, tipo de muerte y causa básica de muerte. Se analizó la mortalidad perinatal según el método de la matriz BABIES el cual categoriza en cuatro áreas de causas posibles: "Salud materna", "Cuidado durante el embarazo", "Cuidado durante el parto" y "Cuidado del recién nacido". Para evaluar qué categoría influye más a la mortalidad perinatal se calcula el "exceso de tasa", el cual se obtiene mediante la diferencia de las tasas de cada área con la de una población estándar. Se realizó el análisis con el software STATA versión 14. Resultados: se obtuvo 317 registros de muertes perinatales, 177 (55,8%) de sexo masculino. La edad gestacional media fue $32,3 \pm 5,3$ semanas. La muerte en la etapa fetal fue la más frecuente. La causa básica de muerte más frecuente fue "feto y recién nacido afectado por condiciones de la madre". La tasa de mortalidad perinatal de Independencia fue la más baja siendo de 6,1 y 5,9 por 1000 nacimientos en el 2014 y 2015 respectivamente. En el análisis de la mortalidad perinatal según el método BABIES, se obtuvo que el exceso de mortalidad perinatal en el distrito de Comas fue mayor en el área de "salud materna". Por otro lado, en Carabayllo el exceso fue mayor en el área de "cuidado durante el embarazo". Conclusiones: la metodología BABIES nos permite evaluar las causas de mortalidad en áreas de intervención por ello consideramos importante reportar este análisis siendo de mucha utilidad a nivel local.

Palabras clave: mortalidad perinatal, vigilancia epidemiológica

60

REPRESENTACIONES A LA VIOLENCIA INTRAFAMILIAR EN ADOLESCENTES EMBARAZADAS DE LIMA

Oscar Munares-García¹, Dora Mariela Salcedo Barrientos² Stefany Valencia¹, Charlene Perretti², Nataly Dorote Curichua¹

¹*Facultad de Medicina, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Perú*

²*Facultad de Obstetricia de la Universidad de São Paulo (USP), Brasil*

Objetivo: comprender y sistematizar representaciones sociales de violencia intrafamiliar en gestantes adolescentes.

Métodos: estudio de dos casos de adolescentes gestantes con diagnóstico de violencia intrafamiliar atendidas en el Instituto Nacional Materno Perinatal de Lima, Perú. Aplicamos entrevistas a profundidad que evaluaba episodios de violencia intrafamiliar; la información fue sistematizada con aplicación de análisis de contenido. La recolección de los datos fue realizada en mayo del 2017. Fue planteado como categoría analítica: género, violencia intrafamiliar, atención de salud y se destaca como categorías empíricas: conflictos familiares, abandono familiar, procesos destructivos, abortos durante la adolescencia. Resultados: Caso 1: adolescente de 18 años (G3P1011), 18 semanas de gestación, historia de dos compromisos. Un aborto provocado a los 15 años, con su primera pareja convivió él y otros familiares, hubo hacinamiento en casa en provincia, presentado episodios de violencia física tanto para ella como para su hijo (1 año, 6 meses), pidió apoyo al padre de la pareja sin recibirlo, terminó esa relación. En su segundo compromiso viajó hasta Lima, y convive con su pareja, recibe apoyo de su padre y hermano, presenta frustración por primera relación y cuadros de depresión. Caso 2: adolescente de 18 años (G2P0010), 41 semanas de gestación. Convive con pareja y familia, manifiesta mala relación con suegra, con episodios de violencia psicológica, hacinamiento, su pareja bebe licor siempre, el resto de familia indiferente, presenta problemas económicos, con un aborto espontáneo a los 16 años. Conclusiones: se evidencia prioritariamente episodios de violencia física y psicológica en embarazadas adolescentes dentro del hogar; fue identificado determinantes sociales en las tres dimensiones: singular, particular y estructural evidenciando un enfoque diferente en el tipo de atención que estas adolescentes deberían recibir.

Palabras clave: embarazo, adolescencia, violencia doméstica, género.

61

FIRMA GENÓMICA PARA GENOTIPIFICAR MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS

David Tarazona¹, Luis Jaramillo¹, Víctor Borda¹, Kelly Levano¹, Marco Galarza¹, Heinner Guio¹

¹*Laboratorio de Biotecnología y Biología Molecular, Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Lima, Perú*

Objetivo: analizar y proponer un nuevo conjunto de SNPs para genotipificar MTB basado en secuencias genómicas obtenidas de América, África, Asia y Europa. Métodos: utilizamos 249 secuencias genómicas MTB obtenidas de las bases de datos mundiales: 125 reportaban genotipos conocidos determinados por el método de referencia (Spoligotyping), 76 reportaban genotipos conocidos determinados por análisis filogenético; y 48 no reportaban genotipos. Las secuencias se mapearon con el genoma de referencia H37Rv utilizando BWA y SAMtools, además se identificó SNPs utilizando kSNP y ParSNP. Las mutaciones en loci se transformaron a datos binarios y se determinaron mediante el criterio de inclusión/exclusión (IE) utilizando

datos de Spoligotyping y filogenias, se excluyó el análisis de SNPs en regiones no secuenciadas; luego se seleccionó los SNPs no sinónimos presentes en clúster de grupo ortólogos (COG) más conservados de cada genotipo MTB. Finalmente, nuestro nuevo conjunto propuesto se analizó en 34 secuencias genómicas MTB adicionales con genotipos conocidos. Resultados: para desarrollar el sistema de asignación de SNPs y genotipos, primero utilizamos el criterio IE. En una base de datos, integramos 7649 SNPs encontrados a partir de 249 secuencias genómicas de MTB que incluyen los genotipos Beijing, CAS, EAI, Haarlem, LAM, X, Ural, AFRI1 y AFRI2. Posteriormente, se excluyeron los SNPs compartidos entre los diferentes genotipos. Finalmente, se seleccionó los SNPs no sinónimos presentes en el COG más conservado de cada genotipo de MTB. Se generó una base de datos de SNPs, que incluye SNPs, gen y COG, reportando 2, 36, 20, 4, 2, 2, 40, 65 y 67 SNPs para Beijing, CAS, EAI, Haarlem, LAM, X, Ural, AFRI1 y AFRI2 respectivamente. Seleccionamos 10 SNPs no sinónimos para 9 genotipos MTB analizados (Tabla 1) y validamos nuestro resultado utilizando 34 genomas MTB adicionales obteniendo una correlación del 100% con sus genotipos conocidos. Conclusiones: El conjunto de SNPs propuesto abarca los genotipos MTB más prevalentes a nivel mundial: Beijing, CAS, EAI, Haarlem, LAM, X, Ural, AFRI1 y AFRI2. Este conjunto de SNPs abre la posibilidad de realizar estudios de epidemiología molecular y marcadores de resistencia a drogas antituberculosas.

Palabras clave: tuberculosis, genómica.

62

IMPACTO DE LOS HUAICOS EN LA SALUD PÚBLICA: REVISIÓN SISTEMÁTICA Y METANÁLISIS

Rudy Fasanando-Vela¹

¹Escuela Profesional de Medicina Humana, Universidad Privada Antenor Orrego, Trujillo, Perú

Objetivo: determinar cuál es el impacto de los huaicos en la salud de las personas. Métodos: realizamos una revisión sistemática de artículos originales en los que se evaluó el impacto de los huaicos en la salud en las bases de datos MEDLINE, EMBASE, SCOPUS, Cochrane Central y Web of Science. Para ello se utilizaron como términos de búsqueda los siguientes: “landslides”, “deslizamiento de tierra”, “caída de rocas” “flujo de tierra”, “morbilidad”, “mortalidad”, “impactos en la salud”. La revisión de los artículos y extracción de datos se realizó al 31/05/2017, seleccionando los artículos por duplicado y de forma independiente. El metanálisis de los datos se realizó con el paquete estadístico STATA y el análisis de la calidad de los estudios con la metodología Cochrane. Resultados: de 1,074 artículos encontraron 13 cumplieron con los criterios de selección, incluyendo tres que pudieron ser metaanalizados. Solo uno de estos estudios reportó estimados de la tasa de mortalidad (15,6/1,000), mientras la mayoría (8/13) reportaron solo los conteos de fallecidos (3,187 en total). De manera similar, a nivel individual la mayoría de estudios reportó conteos de daños a la salud a nivel individual (2,471 en total), siendo los más frecuentes los trastornos de

la salud mental (18%; n=434) de tipo Trastorno de Estrés Postraumático (TEPT) (50%; n=216/434). A nivel familiar, los daños a la salud (29%; n=472/1,619) más frecuentemente reportados fueron las enfermedades respiratorias, transmitidas por vectores y las gastrointestinales. Luego de metanalizar los estimados de TEPT asociado a huaicos se estimó una prevalencia del 25% (Intervalo de confianza al 95%: 22-28%). Para este análisis no se encontró heterogeneidad entre las prevalencias estimadas. Conclusiones: el impacto de los huaicos en la salud es altamente variable, teniendo como uno de sus principales efectos el daño a la salud mental de las personas afectadas. Esto debería ser tomado en consideración en todo plan de contingencia contra este tipo de desastres naturales tan comunes en nuestro país.

Palabras clave: huaico, impacto de los desastres, metaanálisis

63

EQUINOCOCOSIS QUÍSTICA HUMANA: REPORTE DE LA SEROPOSITIVIDAD POR INMUNOBLOT IGG EN EL PERÚ ENTRE 2007-2015

William Marcelino Quispe Paredes¹

¹Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: reportar los casos positivos a equinocosis quística (EQ) diagnosticados serológicamente por Inmunoblot IgG, se analizaron datos registrados en el sistema NetLab del del Instituto Nacional de Salud, ingresados durante el período 2007 a 2015. Métodos: estudio de tipo descriptivo basado en resultados de diagnóstico serológico de la equinocosis quística por Inmunoblot IgG. La población constituida por 10,764 muestras de suero de pacientes con sospecha clínica a EQ; procedentes de establecimientos de salud del país ingresados al INS en el periodo enero 2007 a diciembre 2015. Para consignar los datos de lugar de procedencia edad y sexo de pacientes, se revisaron las fichas epidemiológicas de cada paciente. Para el análisis estadístico de factores de riesgo se utilizó el paquete Epidat versión 4.1, se aplicó odds ratio (OR) para evaluar el grado de riesgo de la enfermedad. Las tablas fueron construidas con MS-Excel® y el mapa de distribución de casos seropositivos con el programa QGIS®2.18. Resultados: 1799 (16,7%) muestras fueron seropositivas a equinocosis quística por Inmunoblot IgG concentradas en 9 departamentos del país: Lima 853 (47,4%), Junín 190 (10,6%), Ayacucho 188 (10,5%), Huancavelica 115 (6,4%), Pasco 89 (4,9%), Cusco 82 (4,6%), Puno 56 (3,1%), Apurímac 50 (2,8%) e Ica 30 (1,7%). Valores con mayor riesgo de contraer la enfermedad (OR) presentan los pacientes procedentes de Pasco (OR 2,77 IC 95% 2,13 – 3,61), Puno (OR 2,56 IC 95% 1,85 – 3,54), Junín (OR 2,49 IC 95% 2,07 – 2,98) y Ayacucho (OR 2,06 IC 95% 1,72 – 2,46). El grupo etáreo con mayor porcentaje de seropositividad está entre los 50 a 59 (16,3%) y la edad más afectada entre los 20 a 29 (14,7%) años. En cuanto a género el grupo femenino representa 55,9%, sin embargo, el grupo masculino presenta mayor riesgo de enfermar (OR=1,5; IC: 95% 1,4-

1,7). Conclusiones: En Perú existen regiones altamente endémicas a EQ, por tanto, urge la necesidad de implementar el Programa Nacional de Prevención, Control y Vigilancia Epidemiológica de equinocosis quística. Sugerimos enfocar la vigilancia activa en personas entre 1 a 21 años de edad para determinar los focos activos de la enfermedad.

Palabras clave: Equinocosis, Western Blot, Perú

64

RESULTADOS DEL PROGRAMA DE EVALUACIÓN EXTERNA DEL DESEMPEÑO PARA EL DIAGNÓSTICO MICROSCÓPICO DE MALARIA A NIVEL NACIONAL 2016

Carlos Bartra-More¹, Franklin Chirinos-Palomino¹, Melitón Gebol-Cahuaza¹, Roberto Mendoza-Bautista¹, Nadia Galindo-Cabello¹

¹ Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú.

Objetivo: Evaluar la concordancia en *resultado*, *especie*, *estadio* y *densidad parasitaria* en el diagnóstico microscópico de malaria a los laboratorios de la red nacional de Perú en el marco del PEED. Métodos: Se evaluaron 22 Laboratorios de Referencia Regional y Laboratorios Intermedios de zonas endémicas y no endémicas a malaria. Se elaboraron paneles de 20 láminas con *P. falciparum*, *P. vivax*, mixta (Pf/Pv) y negativas; asimismo, las láminas positivas tenían diferentes estadios y densidades parasitarias. Los parámetros a evaluar fueron: concordancias de *resultado* y *especie* (aceptable >95%) y *estadio* con *densidad parasitaria* (p/μL) (aceptable >80%). Para el análisis estadístico se empleó el coeficiente Kappa de Cohen (κ) para determinar la concordancia en los resultados, así como también valores predictivos positivos (VPP) y valores predictivos negativos (VPN). Se estableció una escala de calificación según el nivel de concordancia del laboratorio evaluado. Se utilizó el sistema NetLab para la comparación y cálculo de los resultados en tiempo real. Resultados: Para el parámetro de *resultado* 20 de los laboratorios la concordancia fue aceptable y el VPP fue del 100% para todos. Para el parámetro de *especie* sólo 9 tuvieron una concordancia aceptable; el valor de concordancia κ fue muy buena para 12 laboratorios identificando a *P. falciparum* y para 9 laboratorios identificando *P. vivax*. En el parámetro de *estadio* 12 obtuvieron una concordancia aceptable; para el estadio asexual de *P. falciparum* 12 y *P. vivax* 9 tuvieron concordancia κ muy buena. En contraste, la concordancia en *densidad parasitaria* fue no aceptable para todos los laboratorios, reflejando la aplicación errónea de la fórmula, así como la falta de experiencia en la determinación de la densidad parasitaria en las solicitudes del diagnóstico microscópico de malaria que se realiza en los establecimientos de salud. Conclusiones: La evaluación refleja concordancia aceptable en el parámetro *resultado*; sin embargo, tienen una baja concordancia en los parámetros *especie*, *estadio* y *densidad parasitaria*; por ello, se deben realizar capacitaciones para una mejora en la concordancia y asegurar un diagnóstico rápido y oportuno.

Palabras clave: Malaria, Plasmodium, reproducibilidad de resultados, diagnóstico.

65

PREVALENCIA Y FACTORES ASOCIADOS A LAS DISLIPIDEMIAS EN NIÑOS Y ADOLESCENTES DEL DISTRITO DE TACNA. 2014

Silvia Sakuray M¹, Edgar Tejada V², Emilio Cabello M³, Rina Alvarez B⁴, Juan Canepa Y⁵, Javier Villanueva R², James Soria T⁶.

¹ Laboratorio de Salud Pública, Dirección Regional de Salud, Tacna, Perú.

² Dirección Ejecutiva de Epidemiología, Dirección Regional de Salud, Tacna, Perú.

³ Servicio de Pediatría, Hospital Nacional Cayetano Heredia, Lima, Perú.

⁴ Escuela de Postgrado, Universidad Nacional Jorge Basadre Grohmann, Tacna, Perú.

⁵ Centro de Salud Ciudad Nueva, Dirección Regional de Salud, Tacna, Perú.

⁶ Policlínico Francisco Bolognesi PNP, Tacna, Perú.

Objetivo: Determinar la prevalencia y factores asociados a dislipidemias en niños y adolescentes del distrito de Tacna. Métodos: estudio descriptivo transversal en una muestra probabilística de 824 niños de 6 a 17 años de edad de Instituciones Educativas Públicas y Privadas del distrito Tacna. Para determinar la dislipidemia se recolectaron muestras de sangre a 434 niños de nivel primario y 431 del nivel secundario, se aplicó una encuesta para medir factores biológicos como edad, sexo, peso al nacer y estado nutricional; antecedentes familiares en padres, hermanos y abuelos de infarto cardíaco, angina de pecho, accidente cerebro vascular, colesterol, hipertensión, diabetes y obesidad; estilos de vida sobre dieta rica en grasas saturadas y en azúcares refinados, actividad física y tabaquismo. Los resultados fueron analizados mediante el Software estadístico SPSS v.23.0 utilizando el modelo de Regresión Logística. Resultados: La prevalencia de dislipidemia fue de 10,9%, siendo en niños de nivel primario 4,1%, adolescentes de nivel secundaria 6,8% y la mayor proporción fue para el sexo masculino (13,5%) respecto a mujeres (8,3%). En niños con obesidad la prevalencia fue 55,1% y sobrepeso 11,3%. Los antecedentes familiares predominantes fueron: colesterol alto en padres (41,4%) y abuelos (46,1%), HTA en abuelos (41,9%), obesidad en padres (30,8%) y abuelos (31,8%). El análisis de regresión logística determinó que los factores asociados a la dislipidemia fue la edad menor a 10 años, peso alto al nacer y la obesidad; dolor en pecho en padres, colesterol alto en padres, diabetes mellitus en padres y abuelos, dieta rica en grasas saturadas y colesterol, actividad física inactiva o poco activa. Conclusiones: La prevalencia de dislipidemias en niños y adolescentes fue 10,9%. Existe asociación significativa con peso alto al nacer, antecedentes de dolor de pecho en padres, colesterol alto en padres, diabetes mellitus de padres y abuelos y alimentación rica en grasas saturadas y colesterol, así como actividad física inactiva/poco activa.

Palabras clave: Dislipidemias, factores biológicos, prevalencia, estilo de vida

PREVALENCIA Y FACTORES RELACIONADOS A DISLIPIDEMIAS EN ESTUDIANTES UNIVERSITARIOS

Olga Marisol Arroyo Huanaco¹, Sullybeth Rayza Alcantara Tito¹, Billy Joel Sánchez Jacinto¹

¹Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú

Objetivo: determinar la prevalencia y factores relacionados a dislipidemias en estudiantes universitarios. **Métodos:** estudio descriptivo, transversal, retrospectivo que se realizó durante noviembre del 2012, en el estudio se incluyeron 220 estudiantes mediante un muestreo no probabilístico por conveniencia. Se realizaron mediciones del perfil lipídico por método enzimático y precipitación para las fracciones de colesterol, así como medidas antropométricas; además se registraron datos como edad, sexo y antecedentes personales y familiares. La identificación de dislipidemias se basó en los resultados del perfil lipídico de acuerdo a lo establecido por el NCEP - ATP III. Se creó una base de datos en Excel 2010 y se realizaron medidas de resumen y frecuencias, en el análisis múltiple se utilizó un modelo lineal generalizado, familia binomial link log para identificar factores relacionados a dislipidemia. Se utilizó el software STATA versión 13. Resultados: 167 (75,9%) fueron femenino, el promedio de edad fue de 21,2 años. El 80 (54,3%) y 38 (22,8%) de mujeres presentaban obesidad central y sobrepeso respectivamente. La prevalencia de dislipidemia fue 134 (60,9%). Se encontró HDL disminuido en 117 (53,2%) y 8 (3,6%) presentaban alteraciones en todos los parámetros del perfil lipídico. No se encontró relación entre la dislipidemia y el índice de masa corporal, antecedentes familiares y personales. En el análisis múltiple se encontró que tener dislipidemia está asociado a obesidad central (PR 1,62; IC95% 1,3 – 2,0, p <0,05) y al sexo masculino (PR 0,61; IC95% 0,44 - 0,86, p<0,05), luego de ajustar por antecedentes familiares y personales. Conclusiones: existe una elevada prevalencia de dislipidemia, siendo bajos niveles de HDL uno de los parámetros con mayor frecuencia; además los principales factores relacionados a dislipidemia fueron la obesidad central y el sexo en los estudiantes universitarios

Palabras clave: Dislipidemias, prevalencia, obesidad

LAMP (LOOP-MEDIATED ISOTHERMAL AMPLIFICATION) PARA DETECTAR ADN DE TRYPANOSOMA CRUZI EN CASOS SEROPositIVOS A LA ENFERMEDAD DE CHAGAS DE BAGUA-AMAZONAS

Bryan Cabrera Campos¹, Jenny Ancca Juárez¹, Pilar Azañedo Martínez¹, Dania Nonajulca Cordova¹, Silvia Vega Chirinos¹

¹ Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: determinar la presencia de ADN de Trypanosoma cruzi en muestras de sangre de seropositivos a la enfermedad

de Chagas, procedentes de Bagua – Amazonas, por la técnica LAMP. **Métodos:** se analizaron 20 muestras de sangre impregnadas y conservadas en papel FTA. En el aislamiento del ADN, se empleó 2 discos de papel de 6 mm de diámetro (~20 uL de sangre) y se siguió el protocolo modificado del kit PureLink Genomic DNA. La concentración de ADN fue medida por espectrofotometría de U.V. a 260 nm. Se eligió como blanco, una porción de la secuencia del gen del ARNr 18s y empleó el kit LAMP WarmStart®. El protocolo consistió en incubación por 30 minutos a 65°C, seguido de inactivación por 5 minutos a 85°C y la lectura por observación directa de turbidez. Los resultados fueron corroborados por electroforesis en gel de agarosa al 2% con un marcador de ADN fluorescente. Las muestras a la vez fueron analizadas por PCR convencional. Resultados: en los tubos de los controles positivos, se observó una turbidez blanquecina producto de la formación de precipitados de pirofosfato de magnesio y consecuencia de la reacción de amplificación de ADN presente. En los tubos de las muestras analizadas, así como del control negativo, no se observó turbidez. La electroforesis en gel de agarosa al 2% de los productos de amplificación por LAMP del control positivo, mostraron la escalera de bandas fluorescentes correspondiente al resultado positivo y el control negativo no presentó bandas o señal fluorescente salvo la que generan los primers que no participaron en la reacción. Ninguna de las muestras analizadas, caracterizadas como seropositivas por presentar anticuerpos contra el parásito, mostró bandas fluorescentes, lo que indicaría ausencia del parásito en las muestras. El PCR convencional de ADN kinetoplastidial y ADN satelital resultó negativo para todas las muestras examinadas. Conclusiones: ninguno de los casos seropositivos analizados por LAMP evidenció ADN de T. cruzi, resultado concordante al obtenido por PCR convencional. Tanto para el diagnóstico como en la investigación epidemiológica, es una buena alternativa para detección rápida de ADN de T. cruzi en laboratorios que no presentan equipos especializados.

Palabra clave: Técnicas de Amplificación de Ácido Nucleico, Trypanosoma cruzi, Enfermedad de Chagas.

OBTENCIÓN Y CARACTERIZACIÓN FUNCIONAL Y FENOTÍPICA DE LAS CÉLULAS ESTROMALES MESENQUIMALES MULTIPOTENTES DE CORDÓN UMBILICAL

Willy Cerón¹, Marco Cabello¹, Milagros Pinto¹, Sandra Jara¹, Ivan Lozada-Requena¹, Alejandrina Regalado¹, Debra Malaga¹, Jose L. Aguilar¹

¹Laboratorio de Inmunología LID 108, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú

Objetivo: protocolizar la obtención, caracterización funcional y fenotípica de las MSC-CU de acuerdo a los criterios técnicos establecidos por la sociedad internacional de terapia celular (ISCT). **Métodos:** el cordón umbilical (CU) fue obtenido bajo consentimiento informado y aprobación del comité de Ética de la UPCH y el Hospital Nacional Cayetano Heredia. Se obtuvo en medio de cultivo alfa MEM con antibióticos un segmento de 10cm de CU y fue procesado dentro de las 6 horas en

sala de cultivo celular. Se retiró la vena y arterias y se realizó la digestión con colagenasa tipo I al 0.5% por 60 minutos. Las células obtenidas se cultivaron en medio alfa MEM suplementado con lisado plaquetario humano al 10%. Luego del tercer pasaje las células fueron identificadas por citometría de flujo usando los marcadores CD90, CD73, CD105, CD34, CD44, CD45, HLA-DR y CD34. La funcionalidad fue determinada por medio de su diferenciación hacia linaje osteogénico condrogénico y adipogénico. Resultados: un segmento de 5 cm de CU rindió de forma eficiente para obtener 1x10(6) de células al 5to día de cultivo. La morfología fue de células adherentes de aspecto fibroblástico. Los pasajes se realizaron cada 4 días con obtención de 5x10(6) en el 2do pasaje, 15x10(6) en el 3er pasaje, 45x10(6) en el 4to pasaje. La citometría de flujo evidenció una pureza mayor a 90% en los marcadores CD90, CD105, CD73 y una contaminación menor al 3% en los marcadores negativos (CD34, CD45, HLA-DR). La diferenciación osteogénica fue evidenciada por la coloración positiva con rojo de alizarin. La diferenciación adipogénica fue evidenciada por la coloración positiva con oil red. La diferenciación condrogénica fue evidenciada por la coloración positiva con alcian blue. Conclusiones: la metodología permitió el cultivo de las MSC-CU con morfología característica expresión de marcadores positivos y negativos diferenciación hacia los linajes osteogénico condrogénico y adipogénico tal como lo establece la ISCT dentro de los criterios de identificación para el uso de las MSC en investigación y aplicación clínica.

Palabras clave: células del Estroma, cordón umbilical, citometría de flujo

69

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE LAS CEPAS AISLADAS EN PERÚ DE 1991 AL 2016

Melissa Yvon Carrascal Huyhua¹, Eduardo Julio Juscamaita López¹, Oscar Roberto Escalante Maldonado¹, Ronnie Gustavo Gavilán Chavez¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: analizar y conocer la variación genética presencia de los genes asociados a la virulencia y su integración genómica de las cepas de *Vibrio cholerae* de laboratorio de referencia nacional del Instituto Nacional de Salud. **Métodos:** caracterizar molecularmente la presencia de los genes asociados a la virulencia y su integración genómica como *vcm ompW rtxA hlyB rxC ctxA tcp wasa1c pTLC hlyA hlyC orfU zot wasa1a ace toxR y stn/sto*, mediante la reacción en cadena de la polimeras convencional, de la colección de cepas de aislamientos clínicos y ambientales de *Vibrio cholerae* de 1991 al 2016. Resultados: la población clonal de *Vibrio cholerae* en las cuales existe genes relacionados a la virulencia e integración genómica está directamente asociado con las cepas de *V. cholerae* O1 O139 y noO1 noO139 aisladas durante los períodos históricos dividido en epidemia (1991-2001) y post- epidemia (2002-2016) del cólera en Perú. Los genes más frecuentemente asociados a la virulencia de *Vibrio cholerae* proviene de aislamientos clínicos de *V. cholerae* O1 (73%) O139 (2%) y noO1 noO139 (18%); y en

menor frecuencia proviene de aislamientos ambientales *V. cholerae* O1 (3%) y noO1 noO139 (4%). El perfil frecuente de los genes *vcm, ompW, rtxA, hlyB, rxC, ctxA, tcp, wasa1c, pTLC, hlyA, hlyC, orfU, zot, wasa1a, ace, toxR y stn/sto* estaban presentes en 100%, 100%, 98%, 94%, 89%, 81%, 81%, 73%, 71%, 70%, 70%, 67%, 67%, 65%, 62%, 53% y 1%, respectivamente. Conclusiones: estos genes se agrupan en varias regiones y han sido adquirido a partir de fagos a través de mecanismos de transferencia horizontal de genes indefinidos.

Palabras clave: virulencia, bacteriófago, toxinas bacterianas, Vibrio cholerae

70

ESTANDARIZACIÓN DE UN PCR-ELISA PARA LA DETECCIÓN DE RESISTENCIA DE MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS A ISONIACIDA

Andres Martin Vasquez Dominguez¹, Omar Alberto Cáceres Rey¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: estandarizar un PCR-ELISA que sea capaz de detectar la resistencia a Isoniacida (INH). **Métodos:** se utilizaron como controles positivos ADN de la cepa de laboratorio H37Rv y la cepa ATCC-7832 con resistencia a INH. Estas cepas provinieron del Laboratorio de Referencia Nacional de Micobacterias del INS. Se evaluaron diferentes métodos de extracción de ADN para determinar el mejor método de extracción. Se estandarizaron las concentraciones de los componentes de PCR, para amplificar el gen *katG* que codifica la resistencia a INH. Además, se amplificó la secuencia de inserción IS6110, para identificar al complejo Mtb. Los diferentes parámetros del PCR-ELISA que se estandarizaron fueron: La concentración del conjugado marcado con peroxidasa (POD), la concentración del producto de PCR, la concentración de la estreptavidina, la concentración de la sonda y la temperatura de hibridación del producto de PCR con la sonda específica para el gen *katG*. Resultados: el método de extracción por CTAB y lizozima fue el más eficaz y el de mejor rendimiento para la extracción, obteniendo una concentración de 86.04 ng/μL con su grado de pureza de 1,93. Las concentraciones de los componentes del PCR para los 2 genes fueron: 1X de Buffer 1.5 mM de MgCl₂ 0.8 mM de dNTP's 0,1 μM de Primers 1 U/μL de Taq DNA Polimerasa y 10 ng de ADN. Para el PCR-ELISA la concentración de estreptavidina fue de 20 μg/mL, la concentración de sonda más óptima fue de 7,5 pmol/mL de producto de PCR fue de 20 ng, la temperatura de hibridación más óptima en la cual la sonda se complementa correctamente con el producto de PCR fue 60°C y la concentración del conjugado marcado con peroxidasa fue de 150 mU/mL (1/1000) leído a 450 nm. Conclusiones: se logró estandarizar la técnica de PCR-ELISA que permitió detectar la mutación puntual en el codón 315 (Serina-Treonina) del gen *katG* que le confiere la resistencia a INH. Se recomienda seguir optimizando las condiciones para la detección de las diversas mutaciones del gen *rpoB* que causan resistencia a RIF.

Palabras clave: Mycobacterium tuberculosis, Reacción en Cadena de la Polimerasa

EXPOSICIÓN AL BULLYING EN ADOLESCENCIA Y EL DESARROLLO DE SOBREPESO/OBESIDAD: COHORTE DE TRES AÑOS DE SEGUIMIENTO EN PERÚ

Daniela Prado-Ghezzi¹, Ximena Cruz-Retamozo¹, Renéé Pereyra-Eliás²

¹ Escuela de Nutrición, Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas, Perú

² Escuela de Medicina, Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas, Perú

Objetivo: evaluar si existe asociación entre la exposición al bullying en la adolescencia temprana y el desarrollo de sobrepeso /obesidad tres años después en una muestra de adolescentes peruanos del estudio "Niños del Milenio". Métodos: estudio de cohorte prospectiva en adolescentes peruanos de 14-15 años. Se incluyó solamente a los adolescentes con un Z-score del índice de masa corporal (IMC) para la edad <1 d.e. en la línea de base (sin sobrepeso/obesidad). La exposición a victimización por bullying fue medida con el cuestionario Standardized Social and Health Assessment Peer Victimization Scale. Esta escala evalúa cuatro subtipos de bullying en el año previo; si la persona reporta victimización en por lo menos uno de ellos, se consideró como víctima de bullying. Al seguimiento, se consideró con sobrepeso/obesidad a aquellos que tuvieron un IMC =25,0 kg/m² a los 18 años. Se calcularon los riesgos relativos crudos (RR) y ajustados (RRa) utilizando modelos lineales generalizados de la familia Poisson, considerando la localidad como conglomerado. Resultados: se incluyeron 420 participantes en el análisis. El 45,5% fueron mujeres; la media de edad fue 14,9 años (d.e.: 0,3). En la línea de base, el 61,2% reportaron ser víctimas bullying. Tres años después, la incidencia acumulada de sobrepeso/obesidad fue 17,9% (75/210). No hubo diferencias estadísticamente significativas entre la incidencia de sobrepeso/obesidad en adolescentes con y sin exposición al bullying (18,9% vs 15,8%; p=0,406). En el análisis ajustado, tampoco se encontraron diferencias entre estas incidencias (RRa=1,26; IC95%:0,84-1,88). Solo los adolescentes que reportaron victimización por el subtipo verbal de bullying tuvieron una mayor incidencia de sobrepeso /obesidad (RRa=1,61; IC95%:1,25-2,09). No hubo asociación con los otros subtipos de bullying. Conclusiones: no se encontró asociación entre la exposición al bullying a los 14-15 años y el sobrepeso/obesidad tres años después. Solo quienes experimentaron victimización por bullying de tipo verbal presentaron un mayor riesgo de sobrepeso/obesidad. Se requieren más estudios longitudinales en países en desarrollo.

Palabras clave: Acoso escolar, sobrepeso, obesidad, adolescente

EVALUACIÓN ETNOBOTÁNICA DE PLANTAS MEDICINALES EN DOS LOCALIDADES DE LA REGIÓN AMAZONAS, AÑO 2015

Jorge Luis Cabrera Meléndez¹, Jesús Silva Alarcón¹

¹Centro Nacional de Salud Intercultural, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: realizar una evaluación etnobotánica de las plantas medicinales en dos localidades de Amazonas (Levanto y La Jalca Grande). **Métodos:** se revisó bibliografía de especies medicinales presentes en Amazonas. Se consultó a las autoridades locales y personal de salud sobre los pobladores con conocimiento de usos tradicionales de plantas medicinales; con ellos se realizaron caminatas etnobotánicas. Se recolectaron los especímenes, se prensaron, y fueron herborizados y depositados en el Herbario del CENSI, siguiendo los documentos de gestión institucional para tales propósitos. Imágenes de las plantas recolectadas fueron mostradas a grupos de 10 a 15 pobladores, quienes dialogaron acerca de los usos medicinales, nombres comunes y formas de uso, incluyendo combinaciones con otros recursos. Además, mediante el uso de papelógrafos los pobladores locales identificaron problemas de salud y las plantas que son utilizadas para la curación de los mismos; todo el proceso fue grabado en audio y en fotografías. Resultados: se registraron 91 plantas medicinales, siendo la familia botánica Asteraceae (manzanilla, carqueja, diente de león, entre otras) la que más plantas presenta, seguida de las Lamiaceae, Fabaceae, Solanaceae, entre otras. Se listaron 24 problemas de salud, siendo "infecciones del tracto urinario" el que más plantas registró para su tratamiento, seguido de: diarreas, infecciones respiratorias, susto, entre otras. Conclusiones: el conocimiento y uso de plantas medicinales está vigente entre los pobladores y personal de salud de Levanto y La Jalca Grande. Los procesos de diálogo intercultural son una herramienta eficaz para la evaluar la flora medicinal del país.

Palabras clave: etnobotánica, plantas medicinales, medicina tradicional

ANÁLISIS IN SILICO DE LA SORTASA A DE STREPTOCOCCUS MUTANS Y ESTUDIO DE SU INTERACCIÓN MEDIANTE DOCKING MOLECULAR

Malú Chavez-Gamarra¹, Gustavo A. Sandoval^{1,2}

¹Grupo de Investigación en Bioinformática y Biología Estructural, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú.

²Oficina de Investigación y Creatividad Intelectual. Universidad María Auxiliadora.

Objetivo: Streptococcus mutans se adhiere a superficies formando biopelículas, evadiendo las defensas del hospedero y la quimioterapia antimicrobiana. Durante la

infección existen enzimas encargadas de fijar proteínas de superficie a la pared bacteriana, entre ellas la Sortasa A (SrtA). Estudios previos determinaron la interacción de esta enzima y la quercetina-3-o-arabinoside como un blanco terapéutico efectivo. Por ello, se profundizó en estudiar dicha interacción molecular para mejorar las futuras terapias antimicrobianas. **Método:** el estudio *in silico*, partió de la búsqueda de las secuencias de esta enzima proveniente de *S. mutans* (Uniprot: Q8CM62). Empleando dicha información se determinaron sus principales parámetros bioquímicos, dominios conservados, predicción de estructuras secundarias y modelamiento tridimensional empleando las herramientas ProtParam, MMBD, PHD Secondary Structure Prediction y el servidor SWISS-MODEL. Una vez obtenidos los modelos tridimensionales, éstos fueron optimizados mediante el campo de fuerza GAFF y para el ligando respectivo se usó el campo de fuerza MMFF94(s). Los ensayos de docking molecular fueron realizados empleando AutoDock Vina y MGLTools respectivamente. Resultados: la SrtA presentó 206 aminoácidos, peso molecular de 22.71kDa y punto isoeléctrico de 9.01. Según sus dominios conservados, SrtA pertenece a la superfamilia de cisteintransferasas clase A, con un dominio formado por los aminoácidos Cys205/His139/Arg213 que reconocen el motivo LPXTG. A partir de la predicción de su estructura secundaria, su conformación presentó 30.49% de alfa hélices y 26.42% de láminas beta, siendo su estructura tridimensional del tipo mixta (alpha-beta). De la búsqueda de motivos conservados, presentó solo una cadena de tipo A, naturaleza química de la triada catalítica (hidrofóbica/hidrofílica/hidrofílica) que interactúan con pequeños ligandos. Del modelamiento proteico, empleando la SrtA de *Streptococcus pyogenes* (PDB:3FN5), se observó que la triada catalítica es muy conservada. De la optimización geométrica de la proteína y ligando, se obtuvo valores de energía de -3462.51kJ/mol y 643.564kJ/mol, respectivamente. De los templados proteína-ligando, se escogió el valor de mayor afinidad ($\Delta G = -5.7$ kcal/mol) y menor RMSD=0. Conclusiones: se concluye que la enzima Sortasa A wild type de *Streptococcus mutans*, es una molécula básica que mediante su triada catalítica, actúa específicamente con el flavonol, un tipo de flavonoide, quercetin-3-o-arabinoside optimizada; por lo cual se considera de relevancia para la salud oral.

Palabras clave: *Streptococcus mutans*, Optimización, Simulación del Acoplamiento Molecular, técnicas *in vitro*

74

CONOCIMIENTO SOBRE PRIMEROS AUXILIOS EN CONDUCTORES DE MOVILIDAD ESCOLAR DE COLEGIOS PRIVADOS DEL DISTRITO DE SAN BORJA

Castillo-Portilla¹, Napurí-Vidaurre¹, Vivas-Llanos¹

¹Facultad de Tecnología Médica, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú

Objetivo: describir los conocimientos sobre primeros auxilios en conductores de movilidad escolar de colegios privados del distrito de San Borja, Lima-Perú. Métodos: estudio descriptivo

de corte transversal, en 130 conductores de movilidad escolar del distrito de San Borja, tomados de instituciones escolares privadas. Se incluyeron a conductores de movilidad escolar que estaban registrados por el Gerencia de Transporte Urbano, y que brindaran sus servicios a colegios privados que cuenten con autorización de la municipalidad de San Borja. Se excluyeron a personas que no desearan participar o leer la hoja informativa del estudio. Resultado: 73 (56,1%) fueron conductores fueron mujeres, la media de edad fue de 40,8 años y una desviación estándar de $\pm 10,7$; 71(54,6%) contaban con un grado de instrucción mayor a secundaria completa; sobre el lugar de procedencia 97 (74,6%) fueron de la costa, finalmente contaron con una mediana de tiempo laboral de 24 meses (rango 2-120). Se utilizó un cuestionario de 23 preguntas obteniendo la mediana de 10,5 (rango de 1 - 23), donde 86 (66,1%) respondieron menos de 13 preguntas acertadas. La única variable que se encontró con asociación estadística significativa fue grado de instrucción. Conclusiones: el porcentaje de conductores de movilidad escolar que desaprobaron el cuestionario es alto. Se debe considerar una evaluación a nivel de Lima Metropolitana con el propósito de describir los conocimientos con los que cuentan los conductores de movilidad escolar sobre primeros auxilios en los diferentes distritos.

Palabras clave: conocimiento; primeros auxilios

75

RESULTADOS DEL PROGRAMA DE EVALUACIÓN EXTERNA DEL DESEMPEÑO PARA EL DIAGNÓSTICO MICROSCÓPICO DE MALARIA EN AMÉRICA DEL SUR 2016

Carlos Bartra-More¹, Franklin Chirinos-Palomino¹, Melitón Gebol-Cahuaza¹, Roberto Mendoza-Bautista¹, Nadia Galindo-Cabello¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú.

Objetivo: el primer componente de la estrategia global del control de la malaria, es el acceso al diagnóstico y tratamiento adecuado. Entre los esfuerzos que se han realizado para el control del paludismo en las Américas se tuvo como objetivo evaluar la concordancia en *resultado*, *especie*, *estadio* y *densidad parasitaria* en el diagnóstico microscópico; a los países de América del Sur participantes del Programa de Evaluación Externa del Desempeño (PEED) internacional. Métodos: se evaluaron 11 Laboratorios de Referencia Nacional de América del Sur: Argentina, Bolivia, Fiocruz – Brasil, Evandro Chagas – Brasil, Colombia, Chile, Ecuador, Guyana, Paraguay, Surinam, y Venezuela. Se elaboraron paneles de 20 láminas con *P. falciparum*, *P. vivax*, mixta (Pf/Pv) y negativas; asimismo, las láminas positivas tenían diferentes estadios y densidades parasitarias. Los parámetros a evaluar fueron: concordancias de *resultado* y *especie* (aceptable >95%) y *estadio* con *densidad parasitaria* (p/μL) (aceptable >80%). Para el análisis estadístico se empleó el coeficiente Kappa de Cohen (κ) para determinar la concordancia en los resultados, así como también valores predictivos positivos (VPP) y valores predictivos negativos

(VPN). Se utilizó el sistema NetLab para la comparación y cálculo de los resultados en tiempo real. Resultados: para el parámetro de *resultado* la concordancia fue aceptable para todos los laboratorios y el VPP y VPN fue del 100% para todos. Para el parámetro de *especie* 7 tuvieron una concordancia aceptable; el valor de concordancia κ fue muy buena para 7 laboratorios identificando a *P. falciparum* y para 10 laboratorios identificando *P. vivax*. En el parámetro de *estadio* todos obtuvieron una concordancia aceptable; para el estadio sexuado de *P. falciparum* 8 y estadio asexuado de *P. vivax* 10 tuvieron concordancia κ muy buena. En contraste, la concordancia en *densidad parasitaria* fue no aceptable para todos los laboratorios; sin embargo, 4 laboratorios mejoraron su concordancia, pero sin llegar al valor de aceptabilidad. Los resultados reflejan la falta de experticia al momento de hacer recuento microscópico. Conclusiones: en la presente evaluación se ha logrado obtener mejores resultados de concordancia en los parámetros de *resultado*, *especie* y *estadio* en comparación con años anteriores; sin embargo, aún se sigue presentando baja concordancia en *densidad parasitaria*. Por ello, se requiere la continuidad de participación de los países en el PEED.

Palabra clave: Malaria, Plasmodium, reproducibilidad de resultados, diagnóstico.

76

CLONAMIENTO PARA LA EXPRESIÓN UNA PROTEÍNA ADHESINA RECOMBINANTE DE BARTONELLA BACILLIFORMIS CANDIDATA A VACUNA CONTRA LA ENFERMEDAD DE CARRIÓN

Cleidy Mirela Osorio Mogollón¹, Carlos Patricio Padilla Rojas¹, Priscila Lope Pari¹, Gladys Ventura Egusquiza¹, Henri Bailon Calderon¹, Adolfo Marcelo Nique¹, Jackeline Morales Tarazona²

¹ Laboratorio de Referencia Nacional de Biología Molecular, Instituto Nacional de Salud, Perú

² Laboratorio de Vacunas Virales, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: analizar una proteína adhesina candidata a vacuna que influye en la patogenicidad de Bartonella bacilliformis. **Métodos:** estudio es de tipo básico experimental. Se realizó la amplificación por PCR del gen que expresa a la proteína adhesina, de la cepa KC583 de Bartonella bacilliformis, producto que fue utilizado para insertarlo en el plásmido pET28a. Previo a la inserción, preparamos tanto al inserto como al plásmido con enzimas de restricción (NcoI y XhoI), y luego ligamos ambos con la enzima ADN Ligasa. El plásmido recombinante formado se transformó en la cepa TOP10 de Escherichia coli. Para la expresión de la proteína se usó una cepa de expresión BL21DE3 de Escherichia coli. Resultados: para comprobar la presencia del gen adhesina se amplificó mediante PCR del gen que expresa la proteína adhesina, el cual posee 2852 pb. Se obtuvo una correcta purificación del plásmido pET28a en una banda que corresponde a 5639 pb. Se obtuvieron bandas que evidencian la purificación y preparación del inserto y del plásmido. En placas de Agar LB Kanamicina se hicieron dos transformaciones (A y B) y

se obtuvieron 285 colonias transformadas en A (plásmido con inserto) y 126 colonias transformadas en B (como control, sólo el plásmido), todas con las características típicas de la cepa TOP10. Para la última transformación se obtuvieron 143 colonias, todas con las características típicas de las células BL21DE3. Conclusiones: se logró obtener el plásmido recombinante el cual contiene el gen adhesina. Se logró la transformación exitosa del plásmido a una cepa de Escherichia coli. La colonia transformada está lista para la expresión de la proteína adhesina recombinante.

Financiamiento: Este trabajo es financiado por INNOVATE PERÚ. CONVENIO N° 306-INNOVATEPERU-PIAP-2015.

Palabra clave: Vacuna, Bartonella bacilliformis, Enfermedad de Carrión, clonamiento

77

IMPACTO POTENCIAL DE LA VARIABILIDAD CLIMÁTICA EN LA EPIDEMIOLOGÍA DE LA TUBERCULOSIS EN UN HOSPITAL DE LIMA, 2008-2012

Franko Omar García Solórzano¹, Keyla Estefani Ramos Ramirez¹, Paula Lucero Heredia Torres¹, Alfonso Javier Rodriguez Morales^{1,2}, Diana Milena Castañeda Hernández³

¹Facultad de Medicina Humana, Universidad Ricardo Palma, Perú

²Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Risaralda, Colombia.

³Comité de Tuberculosis, Asociación Colombiana de Infectología, Pereira, Risaralda, Colombia.

Objetivo: evaluar el impacto potencial de los factores climáticos en la epidemiología de la tuberculosis usando un indicador macro climático (ONI) en un hospital de Lima, Perú. **Métodos:** estudio ecológico en el cual se recolectaron datos epidemiológicos (número de casos mensuales de TB pulmonar [TBP] y extrapulmonar [TBEP]) del período 2008-2012. Se realizó análisis descriptivo y se corrieron modelos de regresión no lineales con variables independientes climáticas: pluviometría, temperaturas e índice ONI (Oceanic Niño Index-ONI, de la NOAA). Se empleó Stata 14® licenciado para UTP, nivel de significancia $p < 0,01$. Resultados: se diagnosticaron 2162 casos en el período de estudio (36/mes), 56,5% fueron TBP. En las regresiones no lineales simples, se observaron asociaciones significativas ($p < 0,01$) entre ONI, pluviometría y temperaturas: Entre ONI y total de casos de TB de $r^2 = 0,9495$ ($p < 0,01$), TBP $r^2 = 0,9081$ ($p < 0,01$), TBEP $r^2 = 0,9250$ ($p < 0,01$); entre pluviometría y TB de $r^2 = 0,9751$ ($p = 0,01$); y entre temperaturas y TB $r^2 = 0,9834$ ($p = 0,01$). Conclusiones: los hallazgos preliminares de la presente investigación muestran como los cambios climáticos influyen en la ocurrencia de la TB, lo cual puede contribuir a focalizar acciones de prevención, control y diagnóstico estacional de esta enfermedad. Estudios adicionales podrían ser importantes para la confirmación y validación de estos resultados.

Palabras clave: Tuberculosis, cambios Climático, El Niño Oscilación del Sur

BARRERAS DE TOMADORES DE DECISIÓN EN LA IMPLEMENTACIÓN DE LA NORMA TÉCNICA PARA ATENCIÓN DE PERSONAS CON TUBERCULOSIS EN CALLAO

Marina Piazza Ferrand¹, Nora Reyes Puma¹, Ricardo Aldo Morales², Jaqueline Alcalde Rabanal³, Nelly Godoy Mendoza¹, Javier Morales Barrenechea¹

¹Instituto Nacional de Salud, Perú

²Dirección Regional de Salud del Callao, Perú

³Instituto Nacional de Salud Pública de México, México

Objetivo: identificar las estrategias que utilizan los tomadores de decisiones de establecimientos de primer nivel del Callao, para fortalecer los servicios de atención de tuberculosis. Métodos: estudio diseño transversal, cualitativo. El ámbito de estudio fueron los 45 EE.SS. que ofertan servicios diferenciados para la atención de personas afectadas por TB en la Región Callao. En estos EE.SS. laboran 126 profesionales de salud. Se realizaron ocho grupos focales: uno con jefes de establecimientos, tres con promotores y uno por cada tipo de profesional prestador (médicos, enfermeras, técnicos, psicólogos y trabajadores sociales). La información fue grabada, transcrita y codificada en unidades temáticas mediante el programa ATLAS.ti. Resultados: las metas de atención y cobertura del SIS definen las prioridades de atención. Estas se establecen en base a la población estimada por el Instituto Nacional de Estadística e Informática sin reflejar la población real a ser cubierta y sin responder a los recursos humanos disponibles. La falta de integración del equipo de trabajo en especial de quienes están en contacto más cercano con los pacientes limita la capacidad de los decisores para mejorar el desempeño de la estrategia. La información acerca del ámbito familiar y comunitario generada por técnicos de enfermería y promotores comunitarios no llega a los gestores. El sistema de información es manual, sólo la tercera parte de los establecimientos cuenta con computadora y el acceso a Internet es muy limitado. Falta de flexibilidad en gestión de gasto de decisores no les permite crear iniciativas para motivar al personal u organizar actividades con la comunidad. Conclusiones: el estudio identifica limitaciones importantes en la implementación del programa respecto al proceso de establecimiento de metas el manejo de información y la falta de flexibilidad del gasto. Estas afectan la promoción de la salud, comunicación social y el abordaje de los determinantes sociales con enfoque territorial.

Palabras clave: Tuberculosis, Implementación de Plan de Salud, Perú

VACUNACIÓN CONTRA EL VIRUS DE LA HEPATITIS B A RECIÉN NACIDOS EN HOSPITALES DE LIMA Y CALLAO

Alfredo Borda-Olivas¹, Ángel Florián-Florián², Edgar Montalvan-Santillan¹, María Dedios-Alegria¹, César Cabezas-Sánchez¹, Fernando Donaires-Toscano¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud

²Instituto Nacional de Salud del Niño.

Objetivo: determinar el cumplimiento de la vacunación contra la Infección del Virus de la Hepatitis B (VHB) a Recién Nacidos

(RN) durante las primeras 24 horas de vida en los hospitales de tercer nivel de la ciudad de Lima y Callao. Métodos: estudio de diseño transversal, multicéntrico, y descriptivo. Se incluyó a todos los RN de Hospital de tercer nivel o más, públicos o privados, de Lima y Callao. En primer lugar, se identificaron durante una semana todos los RN en los servicios de atención inmediata, realizándoles un seguimiento hasta el alta o durante 72 horas de vida, actualizando diariamente su situación vacunal. La información sobre la vacunación, datos epidemiológicos del RN, madre y datos de la institución de estudio fueron recogidos de la Historia Clínica Neonatal, Historia Clínica Materna, información del personal de salud a cargo de la administración de la vacuna, y de la madre del RN. Se realizó un análisis descriptivo de los datos. El estudio fue revisado y aprobado en por el Comité de Ética del INS. Resultados: el estudio se realizó en 12 establecimientos de Salud de Lima y el Callao incluyéndose a 935 madres y RNs. Respecto al reporte de la hora de vacunación un 79.6% (744/935) tuvieron reporte de padres, servicios de salud (SS) o de ambos correspondiendo al 20.4% (191/935) los casos que no tuvieron reporte de la hora de vacunación. La cobertura de vacunación antes de las 24 horas de vida fue de 85.2% según el reporte de padres y 88.9% según el reporte de SS. La vacunación antes de las 12 horas de vida fue 39.7% según el reporte de padres y 48.6% según reporte de los SS. Se identificó un establecimiento, clínica privada, donde no se realizó ninguna vacunación. También se identificó un establecimiento con vacunación del 100% en las primeras horas 2 horas de vida (reporte de SS), pero con mayor proporción de padres sin información previa. Conclusiones: se encuentra una alta cobertura de vacunación contra el VHB en RNs antes de las 24 horas de vida, mayores a la meta propuesta por el MINSA (79%); sin embargo, es necesario algunas mejoras en algunos establecimientos, para una mejora den la calidad de atención de salud.

Palabras clave: vacunación, recién nacido, hepatitis B

PACIENTES ASIGNADOS (PRIORIDAD DE ATENCIÓN I Y II) EN EMERGENCIA-ADULTOS DE UN HOSPITAL GENERAL LIMA, SEGUN TIPO DE TRANSPORTE PREHOSPITALARIO

Carlos Enciso Aybar¹, Julio Villanueva Gómez¹, Manuel Castillo-Portilla¹, Raúl Correa Ñaña¹

¹Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú

Objetivo: determinar la sobrevivencia de pacientes asignados como prioridad de atención I y II, en el servicio de emergencia de adultos del Hospital Cayetano Heredia, según el tipo de transporte pre hospitalario utilizado, en el periodo 2015. Método: estudio de tipo descriptivo observacional longitudinal, para la cual se seleccionaron 367 pacientes (31 Prioridad I y 336 Prioridad II) transportados al Hospital Cayetano Heredia, mediante muestreo aleatorio simple. Resultados: al séptimo día de admisión al servicio de emergencias de adultos del Hospital Cayetano Heredia, fallecieron el 16,1% de pacientes de prioridad de atención I, de quienes el 80% acudió en una unidad móvil no médica. Conclusiones: los pacientes trasladados por unidades móviles no médicas y asignados con prioridad de atención I fallecieron en un 16,1%. No existió diferencia significativa entre sobrevivencia en pacientes prioridad I y el tipo de transporte evaluado

(p=0,23). No hubieron fallecidos en pacientes prioridad II.
Palabras clave: sobriedad, emergencias, transporte de pacientes

81

DETECCIÓN DE PLASMODIUM USANDO GOTA GRUESA Y PCR NESTED EN MUESTRAS PARA LA ELABORACIÓN DEL PEED 2017

Carlos Bartra-More¹, Nadia Galindo-Cabello¹, Franklin Chirinos-Palomino¹, Melitón Gebol-Cahuaza¹, Roberto Mendoza-Bautista¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú.

Objetivo: detectar *Plasmodium* en muestras de sangre total mediante gota gruesa y PCR Nested, para su posterior uso en la elaboración de paneles de evaluación 2017. Métodos: se evaluaron 40 muestras de sangre total obtenidas en la cosecha de parásitos 2017 en el departamento de Loreto realizada por el personal del laboratorio, así como muestras controles del Laboratorio Supranacional de Malaria. Las muestras fueron evaluadas por la prueba diagnóstica gota gruesa con tinción Giemsa y por la prueba de PCR Nested, para la cual se extrajo ADN con el kit comercial de ThermoScientific™ a partir de 200µL de sangre. El PCR Nested fue basado y adaptado según la metodología de Singh *et al.*, 1999, usando los primer's rPLU5 y rPLU6 para el género *Plasmodium* y rFAL1 y rFAL2 (*P. falciparum*); rVIV1 y rVIV2 (*P. vivax*). Resultados: la técnica de gota gruesa pudo detectar: 22 muestras de *P. vivax*, 11 *P. falciparum*, 3 infecciones mixtas y 4 negativas. Los resultados del PCR nested se observaron en la electroforesis de agarosa mostrando diferentes tamaños de las bandas para *P. vivax* (120 pb) y *P. falciparum* (205 pb); así como la aparición de doble banda para las infecciones mixtas; esta técnica pudo detectar: 21 muestras de *P. vivax*, 10 *P. falciparum*, 6 infecciones mixtas y 3 negativas. La discordancia de resultados entre las dos técnicas fue mayor en las infecciones mixtas, para la gota gruesa a causa del parecido morfológico de algunos estadios jóvenes de *P. falciparum* con merozoitos de *P. vivax*; además el falso negativo en la gota gruesa se debe a una infección submicroscópica la cual si fue detectada por PCR Nested. Conclusiones: en la presente evaluación se ha logrado obtener mejores resultados de detección de *Plasmodium* empleando la técnica de PCR Nested comparado con la gota gruesa, especialmente en muestras mixtas e infecciones submicroscópicas. Por ello se requiere la implementación y validación de dicha técnica para el diagnóstico de la malaria.

Palabra clave: Plasmodium, Reacción en Cadena de la Polimerasa, malaria

82

RELACIÓN DE LA CIRCUNFERENCIA DEL CUELLO Y EL PERÍMETRO ABDOMINAL EN PACIENTES CON SÍNDROME METABÓLICO

Virgilio E Failoc-Rojas¹

¹Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo, Perú.

Objetivo: determinar la asociación entre perímetro abdominal y circunferencia cervical en pacientes con Síndrome

Metabólico en Chocope, La Libertad. Métodos: estudio transversal observacional. Se incluyó a los pacientes mayores de 18 años con Síndrome Metabólico con estudios de laboratorio actualizados menor a 6 meses. Para el cálculo del tamaño de muestra se utilizó Epidat v.3.1 para el cálculo muestral con: proporción esperada de 21%, precisión de 5%, nivel de significancia al 95% distribuido por muestreo aleatorio simple obteniéndose un total de 250 pacientes. Se analizaron los datos con el programa SPSS 22.0 utilizando estadística descriptiva mediante el uso de frecuencias absolutas frecuencias relativas medidas de tendencia central; además de estadística inferencial mediante el uso de chi cuadrado para variables categóricas T-Student para muestras independientes prueba r de Pearson para el análisis inferencial se considerará como significativo un valor de p<0.05. Se contó aprobación ética del Hospital Chocope. Resultado: el 67,6% de pacientes fueron mujeres. Se encontró obesidad abdominal en 95,6%, hipertrigliceridemia en 94%, hipertensión arterial en 85.2%. El promedio del perímetro abdominal fue 98,5 cm y del perímetro cervical fue 38 cm. además la frecuencia de obesidad cervical fue de 86,8%, siendo más frecuente en mujeres que en varones (91,1% vs 77,7%). La correlación del cuello con las mediciones del abdomen e Índice de masa corporal fue positiva significativamente. Por cada 0,6 cm de aumento en circunferencia cervical aumenta 1 cm de circunferencia abdominal, y por cada 0,5 cm de aumento de la circunferencia cervical en varones aumenta 1 cm de su circunferencia abdominal. Además, se halló correlación positiva significativa con IMC (r= 0,43 p<0,05), por cada 0,9 cm de aumento en circunferencia cervical aumenta en 1 punto el IMC. Conclusiones: existe correlación significativa moderadamente alta entre circunferencia abdominal y circunferencia cervical en pacientes con Síndrome Metabólico (p<0,05). Las mujeres presentan mayor prevalencia de obesidad cervical (91,2%) que los varones (77,7%). Estos resultados indican que la circunferencia del cuello tiene relación antropométrica en estos pacientes.

Palabras clave: síndrome metabólico, antropometría

83

INMUNOGENICIDAD DE UNA PROTEÍNA MULTI-EPITÓPICA COMO CANDIDATA PARA VACUNA CONTRA LA ENFERMEDAD DE CARRIÓN

Carlos Padilla Rojas¹, Priscila Lope Pari¹, Cleidy Osorio Mogollon¹, Lisbet Inga Angulo¹, Lorena Santos Solis¹, Henri Bailon Calderon¹, Adolfo Marcelo Ñique¹, Jackeline Morales Tarazona², Gladis Ventura Egusquiza¹

¹Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular, Instituto Nacional de Salud, Perú

²Laboratorio de Vacunas Virales, Centro Nacional de Producción de Biológicos. Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: evaluar la inmunogenicidad de un antígeno multiepitope candidato a vacuna contra la enfermedad de Carrión usando bioinformática. Métodos: estudio básico experimental. Mediante herramientas bioinformáticas se seleccionó segmentos de antígenos de membrana o epitopes del patógeno que interaccionen con MHC clase

I y II. Así mismo, se evaluó el grado de toxicidad de los epítomos y su ubicación superficial en la estructura de los antígenos. Con los epítomos seleccionados se diseñó una proteína multi-epitópica, la cual fue sintetizada, clonada y expresada en *E. coli* BL21. La proteína recombinante fue purificada usando cromatografía de afinidad basada en la resina de Ni-NTA. Ratones BalB/C fueron inmunizados con la proteína multi-epitope y se evaluó los niveles de anticuerpos IgG mediante ELISA indirecto. Resultados: los epítomos seleccionados se unen con MHC clase I y II más prevalentes de la población peruana. Estos epítomos son conservados entre aislamientos de *B. bacilliformis*. Los epítomos seleccionados se encuentran en la superficie de las proteínas. La proteína multi-epitópica presenta una cobertura poblacional peruana teórica de 99,9%. Esta proteína ha sido clonada, expresada y purificada en *E. coli* BL21 en condiciones nativas. Asimismo, la proteína es inmunogénica debido a que induce títulos de anticuerpos en ratones inmunizados. Conclusiones: las herramientas bioinformáticas son útiles para el diseño racional de vacunas. La proteína multi-epitópica demostró ser inmunogénica, y puede ser la base de una futura vacuna contra la enfermedad de Carrión.

Financiamiento: Este proyecto es financiado por INNOVATE-PERU Convenio N° 306-INNOVATEPERU-PIAP-2015.

Palabra clave: *Bartonella bacilliformis*, vacuna, biología computacional, enfermedad de Carrión

84

PRODUCCIÓN DE NANOANTICUERPOS RECOMBINANTES CONTRA PROTEÍNAS DEL VENENO DE BOTHROPS ATROX

Henri Bailon Calderon¹, Colque E¹, Leiva W¹, Cáceres O¹, Padilla C¹, Montejo H¹, Yaniro V¹, García D¹, Tintaya B², Lévano J¹, Celis M¹, Romao E³, Smiejkowska N³, Muyldermans S³, Calero A⁴, Galarza M¹, Bonilla C², Seraylan S¹, Inga R², Ventura G¹

¹Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular, Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

²Centro Nacional de Producción de Biológicos, Instituto Nacional de Salud, Perú

³Laboratorio de Inmunología Celular y Molecular. Vrije Universiteit Brussel, Bélgica

⁴Oficina General de Administración, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: producir nanoanticuerpos recombinantes contra las proteínas más tóxicas del veneno de *B. atrox*, que serán usados posteriormente para la producción de un antídoto basado en estos nanoanticuerpos. Métodos: se inmunizó una llama (*Lama glama*) con el veneno de *B. atrox* (0.5-4 mg) y se obtuvieron los linfocitos. Se amplificó por PCR los genes de VHH, los cuales fueron clonados en un fagémido pMECS-GG, y se generó una librería de genes de nanoanticuerpos. La selección de nanoanticuerpos contra el veneno se realizó por el método de phage display y secuenciamiento de ADN. Los nanoanticuerpos recombinantes fueron expresados en *E. coli* WK6 y purificados por resina de afinidad. Esta investigación se realiza en el Instituto Nacional de Salud, con el financiamiento

de CIENCIACTIVA. Resultados: se logró amplificar por PCR los genes VHH de 700 pb y clonarlos en el fagémido pMECS-GG, obteniéndose una librería robusta de genes de nanoanticuerpos (109 células/ml) y 100% de eficiencia de transformación. La obtención de nanoanticuerpos por el método de phage display con una fracción de proteínas del veneno como antígeno, permitió obtener 80 clones positivos, de los cuales solo se seleccionaron 18 clones por secuenciamiento de ADN. Se logró expresar y purificar los nanoanticuerpos de 5 de estos clones de *E. coli* recombinante hasta la fecha. Conclusiones: la biotecnología es importante para mejorar los métodos existentes y desarrollar nuevos métodos de diagnóstico y tratamiento de las enfermedades. Se ha logrado producir nanoanticuerpos recombinantes que se unen a proteínas del veneno de *B. atrox*; y se analizará su capacidad para neutralizar estas toxinas del veneno.

Palabras clave: Nanotecnología, Bothrops, antídotos

85

USO DE CARBENDAZIM EN EL CONTROL DE CONTAMINACIÓN DE CULTIVOS DE MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS

N Barreda Ponce¹ K Lopez Tamara,¹ DJ Coleman,² J Aliaga Gamarra,¹ J Coit,³ R Calderon,¹ CD Mitnick.³

¹Socios en Salud Sucursal Perú, Laboratorio Lima, Perú

²Saint Georges University of London, Reino Unido

³Harvard Medical School, Department of Global Health & Social Medicine, Boston, Estados Unidos de América.

Objetivo: evaluar la efectividad de carbendazim en la reducción de la contaminación fúngica de cultivos sin comprometer el crecimiento de MTB. Método: En el contexto de un ensayo clínico de pacientes con TB-MDR tratados con altas dosis de levofloxacina, se obtuvieron 70 muestras de esputo para diagnóstico y seguimiento terapéutico en Lima, Perú. Las muestras fueron descontaminadas con NALC-NaOH y dos alícuotas de 200 µl fueron inoculadas en medio 7H11 sin carbendazim (referencia) y medio 7H11 con carbendazim (0,05 mg/ml). Luego de incubar las placas hasta 60 días; se analizó la frecuencia pareada de positividad, negatividad y contaminación. Además, se realizó el conteo pareado de las unidades formadoras de colonias comparando el rendimiento del cultivo con o sin carbendazim, usando la prueba de suma de rangos de Wilcoxon. Resultados: En las 70 muestras analizadas, la tasa de contaminación de los cultivos referenciales fue de 10% pero al adicionar carbendazim aparecieron como negativos. Estas muestras pertenecieron a pacientes en seguimiento de tratamiento (Ver Tabla N° 01). No se observó contaminación en los cultivos tratados con carbendazim. El conteo de unidades formadoras de colonias (ufc) tanto en las placas tratadas y no tratadas con carbendazim no presentó diferencias estadísticamente significativas, lo que sugiere que el crecimiento de MTB no es alterado por la adición de carbendazim a las placas de cultivo 7H11. Conclusiones: Nuestros resultados indican que carbendazim es un método eficaz para controlar la contaminación en medios sólidos sin interferir con el crecimiento de MTB en medio Middlebrook 7H11. Es necesario analizar a los microorganismos específicos que responden a carbendazim para construir evidencia.

Palabras clave: *Mycobacterium tuberculosis*, medio de cultivo

BACTERIEMIA POR ELIZABETHKINGIA MENINGOSÉPTICA EN LA UNIDAD DE CUIDADOS CRÍTICOS DE UN HOSPITAL II-2 DE LA REGIÓN NORTE DEL PERÚ

Luis Ramos Correa¹, Hudson Oliva Berrú², Miguel Rojas Mendoza², Evelyn Barco³, Salvador Zelaya Medina⁴, Luz Maria Moyano Vidal⁵

¹Servicio de Medicina, Hospital Regional II-2 "JAMO" Tumbes, Perú

²Unidad de cuidados intensivos, Hospital Regional II-2 "JAMO" Tumbes, Perú

³Área de Microbiología, Hospital Regional II-2 "JAMO" Tumbes, Perú

⁴Unidad de programas, Hospital Regional II-2 "JAMO" Tumbes, Perú

⁵Unidad de Epidemiología y Salud ambiental, Hospital Regional II-2 "JAMO" Tumbes, Perú

Objetivo: reportar el segundo caso de E. meningoseptica en el Perú. Métodos: reportamos el caso de una paciente de sexo femenino, 78 años e inmunocompetente con antecedente de hipotiroidismo, que se sometió a intervención quirúrgica por enfermedad diverticular colónica complicada, peritonitis, absceso parieto-cólico izquierdo y retroperitoneal. Paciente ingresa a la unidad de cuidados intensivos para manejo post operatorio por presentar sangrado intraoperatorio, insuficiencia respiratoria que requiere ventilación mecánica, sepsis de origen abdominal, neumonía basal izquierda y encefalopatía severa. Inician tratamiento con Meropenem, Vancomicina y Metronidazol con una desmejorada evolución clínica, completando 43 días de internamiento entre los servicios de cirugía y la Unidad de Cuidados Intensivos (UCI). Resultados: se tomó muestras de hemocultivo obteniendo aislamiento positivo para Elizabethkingia meningoseptica multidrogorresistente, sensible a Moxifloxacino y Trimetropin Sulfametoxazol, habiendo recibido previamente la prescripción de Meropenem y Vancomicina por shock séptico de origen abdominal durante más de 5 días en el servicio de cirugía. La Paciente fallece al iniciar tratamiento antibiótico específico luego de una prolongada estancia. Conclusiones: se confirma la elevada mortalidad de Elizabethkingia meningoseptica en pacientes inmunocomprometidos o con patologías concomitantes debilitantes procedentes de áreas críticas.

Palabras clave: Bacteremia, Unidades de Cuidados Intensivos

FRECUENCIA Y FACTORES ASOCIADOS A TOXOPLASMOSIS GESTACIONAL EN PACIENTES ATENDIDAS EN UN HOSPITAL REFERENCIAL DE LAMBAYEQUE

Virgilio E Failoc-Rojas¹, Heber Silva Diaz², Emma Arriaga²

¹Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo, Perú

²Hospital Regional Lambayeque, Perú

Objetivo: estimar la frecuencia de la toxoplasmosis gestacional en pacientes admitidas en el Hospital Regional

Lambayeque (HRL) y en la Macro Región Norte del Perú y los factores asociados a las pacientes con serología positiva. Método: estudio tipo descriptivo de corte transversal. La población estuvo constituida por gestantes atendidas durante el año 2015 y 2016 en el HRL. La recolección de los datos se realizó mediante la aplicación de un cuestionario a cada participante. La detección de la enfermedad se realizó buscando anticuerpos séricos anti toxoplasma en el suero de la paciente previamente colectado y almacenado a -70°C. Las pruebas serológicas realizadas se estandarizaron usando ELISA. Las muestras positivas a IgM e IgG contra T. gondii fueron calificadas para la prueba de IgG – avidéz, con el cual se determinó el tiempo de seroconversión. Se realizó un análisis bivariado. Se contó con aprobación comité ética del HRL. Resultado: de un total de 218 gestantes, se encontró que la media de edad fue 26,4 años. De ellas 78 gestantes (35,8%) dieron positivo a la prueba ELISA IgM. Del total el 4,9% manifestaron tener tenido un antecedente de aborto. Se encontró asociación con las variables de gestantes con 3 o más embarazos, embarazo en tercer trimestre, antecedente de aborto, contacto con gatos, no contar con agua potable. No se encontró asociación con las variables procedencia, nivel educativo, amenaza de aborto, consumo de vegetales. Conclusiones: el mayor riesgo se encontró el contacto con gatos. Es importante resaltar los hallazgos que se encuentran en las gestantes como los antecedentes y algunos factores como el contacto del agua. Este estudio puede servir para implementar medidas preventivas en gestantes.

Palabras clave: toxoplasmosis congénita, embarazo, prevalencia

IMPACTO DEL FENÓMENO DEL NIÑO COSTERO SOBRE LA LEPTOSPIROSIS DURANTE EL 2016 Y 2017

Alejandra Sasha Vásquez Herrera¹, Rocío Alexandra Huamaní Arteaga¹, Wilson Portugal²

¹Universidad Científica del Sur, Lima, Perú

Objetivo: describir el impacto del fenómeno del niño costero sobre la leptospirosis durante el 2016 y 2017. Método: estudio descriptivo realizado del 2016 al 2017 mediante data procedente del Ministerio de Salud, Instituto Nacional de Salud, el Centro Nacional de Epidemiología, Prevención y Control de Enfermedades e investigaciones científicas publicadas. Para este fin, se usaron gráficos de barra y de tendencia. Resultados: durante la semana 16 del año 2016 se presentaron 26 casos confirmados y 19 casos probables. Sin embargo, el acumulado del año 2016 fueron 241 confirmados, 368 probables, 2 defunciones y 0.77 de I.A. Durante la semana 16 del año 2017 se presentaron 0 casos confirmados y 52 probables. Sin embargo, el acumulado del año 2017 fueron 631 casos confirmados, 1454 probables, 3 defunciones y 1.98 de I.A. Los departamentos con más casos notificados en la semana epidemiológica 15 durante el 2017 fueron Ica (105 confirmados, 15 probables), Tumbes (104 confirmados, 216 probables), Loreto (92 confirmados, 134 probables),

Ucayali (87 confirmados, 388 probables), Piura (42 confirmados, 61 confirmados). Durante la semana 15 del 2016 fueron Madre de Dios (525 casos), Loreto (119), San Martín (46), Lambayeque (24). Departamentos de la costa norte y central representan el 43% de casos a nivel nacional. Conclusiones: en los departamentos afectados de la zona costa norte y costa central principalmente en el 2017 se han notificado 3 veces más casos de leptospirosis que durante el mismo periodo del año 2016 debido a las consecuencias climatológicas fluviales generadas por el Niño Costero.

Palabra clave: leptospirosis, El Niño Oscilación del Sur

89

VALIDACIÓN DE PCR CONVENCIONAL COMO PRUEBA DIAGNÓSTICA PARA RICKETTSIOSIS EN MUESTRAS HUMANAS Y DE ECTOPARÁSITOS

Rosa Palacios Salvatierra¹, Omar Cáceres Rey¹, Andrés Vásquez Domínguez², Patricia Mosquera Visaloth¹

¹Instituto Nacional de Salud, Perú

²Universidad Nacional Federico Villarreal, Perú

Objetivo: validar la prueba molecular PCR convencional para diagnóstico rápido de rickettsiosis en el INS. Métodos: mediante kit de extracción se obtuvo ADN de muestras: 10 sangre total y 10 glóbulos blancos negativos en cultivo y serología, 10 sangre total y 10 glóbulos blancos con serología y cultivo positivo, 10 ectoparásitos positivos secuenciados, 10 ectoparásitos negativos, 20 aislamientos IFI positivos, 20 cultivos negativos; y de controles ATCC: *R. akari* y *R. canadensis*, *Ehrlichia muris* y *Bartonella henselae*, midiendo concentración en espectrofotómetro Nanodrop. Estandarizados según referencias y optimizados los parámetros del PCR, se establecieron condiciones de amplificación para cuatro genes: *gltA* (378 a 381 pb), *htrA* (434 a 483 pb), *ompA* (540 a 590 pb) y *ompB* (2,478 a 2,484 pb). Después de electroforesis en gel de agarosa para los amplicones obtenidos, se tiñó con bromuro de etidio, visualizando en transiluminador y fotodocumentando. Resultados: empleando software EPIDAT 4.2 se determinó sensibilidad y especificidad por prueba diagnóstica simple. Para *ompA* no amplificaron controles ATCC por ser *Rickettsias* que no tienen este gen. Para *ompB* solo amplificó *Rickettsia akari* que si tiene este gen. Toda vez que solo hubo inespecíficos, no aplicó efectuar análisis del rendimiento. Frente a pruebas de referencia IFI en aislamientos de cultivo celular y secuenciamiento de vectores se evidencia en análisis cualitativo una sensibilidad y especificidad del 100 % para ectoparásitos; un 78 % para cultivos de cepas puras. En muestras de glóbulos blancos la sensibilidad resultó de 60% y en sangre total de 40 a 50%, dependiente de la carga microbiana, con especificidad de 100%; siendo el gen *gltA* el más aplicable. La concordancia intra operador e inter operador al aplicar protocolos

controlados para detección de *Rickettsias* es muy buena ($Kappa = 1,00$) y significativa ($p < 0,01$). Conclusiones: la prueba PCR convencional resulta válida para detección de *Rickettsias* durante vigilancia epidemiológica de brotes, especialmente en muestras de ectoparásitos y de sangre en humanos con infección rickettsial en etapa febril con alta carga microbiana. Para cultivos se requeriría purificación adicional para evitar inespecificidad.

Palabras clave: Reacción en Cadena de la Polimerasa, Infecciones por Rickettsiaceae, Vectores Artrópodos

90

INMUNOBLOT-IGG CON ANTÍGENOS SEMIPURIFICADOS (27-28KDA) PARA EL DIAGNÓSTICO CONFIRMATORIO DE FASCIOLOSIS HUMANA

Isidro Antitupa Janampa¹, William Marcelino Quispe Paredes¹, Elizabeth Sánchez Romaní¹

¹Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: la fasciolosis es una zoonosis parasitaria de importancia en salud pública a nivel mundial es producido por la ingesta de metacercarias del trematodo de *Fasciola hepática* en vegetales de tallo corto. El diagnóstico de esta zoonosis se realiza por examen directo de heces con la técnica de sedimentación rápida (TSR) y kato-katz, sin embargo, estos métodos coprológicos tienen baja sensibilidad tanto en la fase aguda como crónica. Método: el estudio fue conformado por 214 muestras: 102 presentan anticuerpos contra *F. hepática* (confirmados por diagnóstico serológico y copro-parasitológico), 10 presentan anticuerpos contra *Ascaris lumbricoides*, 06 presentan anticuerpos contra *Strongyloides spp*, 06 presentan anticuerpos contra *Trichuris trichiura*, 09 presentan anticuerpos contra *Entamoeba spp*, 13 presentan anticuerpos contra *Blastocystis spp*, 16 presentan anticuerpos contra *Giardia lamblia*, 10 presentan anticuerpos contra *Echinococcus quística/hidatidosis*, 09 presentan anticuerpos contra *cisticercosis*, 03 presentan anticuerpos contra *Paragonimus spp*, 10 presentan anticuerpos contra *Toxoplasma gondii* y 20 no presentan anticuerpos contra *F. hepática* (aparentemente sanos). Se evaluaron los parámetros de sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo, valor predictivo negativo, proporción de falsos positivos, proporción de falsos negativos, exactitud de la prueba y el índice de Kappa. Resultados: de 102 (47,7%) muestras confirmadas para fasciolosis humana, nueve (4,2%) muestras no fueron reconocidas por las tiras reactivas que contienen la fracción 27-28kDa semipurificados. De 112 muestras negativas a fasciolosis humana, hubo una reacción cruzada con una muestra de paciente con *Paragonimosis*; aparentemente porque existe una similitud entre estos trematodos y comparten el mismo epítipo en la proteína semipurificada. De los parámetros evaluados del método de Inmunoblot-IgG empleando antígenos de la fracción 27-28kDa semipurificados, este presenta una sensibilidad de 91,2%, especificidad de 99,1%, valor predictivo positivo de

98,9%, valor predictivo negativo de 92,5% y un índice de kappa de 0,91; indicando que esta prueba serológica es muy sensible y específico para el diagnóstico de fasciolosis humana, y es más robusto que otros métodos serológicos que existen para el diagnóstico de fasciolosis humana. Conclusiones: el método evaluado presenta una sensibilidad de 91,2% y especificidad de 99,1%, por tanto, la robustez es mayor al de otros métodos de ensayo que se emplean antígenos metabólicos crudos y/o totales (AgTMFhE/S) de Fasciola hepática.

Palabra clave: Fasciola hepatica, Western Blotting, cromatografía.

91

ENCEFALITIS POR DENGUE: REPORTE DE CASO EN UN HOSPITAL REGIONAL DEL LA COSTA NORTE DEL PERÚ

Gustavo Valencia Masias¹, Hudson Oliva Berrú², Miguel Rojas Mendoza², Christian Davila Carbajal², Salvador Zelaya Medina³, Luz Maria Moyano Vidal⁴

¹Servicio de Medicina, Hospital Regional II-2 "JAMO" Tumbes, Perú

²Unidad de cuidados intensivos, Hospital Regional II-2 "JAMO" Tumbes, Perú

³Unidad de programas, Hospital Regional II-2 "JAMO" Tumbes, Perú

⁴Unidad de Epidemiología y Salud ambiental, Hospital Regional II-2 "JAMO" Tumbes, Perú

Objetivos: reportar el primer caso de encefalitis por Dengue manejado en un nivel II-2. Métodos: caso de un cuadro compatible con Encefalitis por Dengue virus en una paciente de 31 años, trabajadora de un Grifo, con antecedentes de Dengue dos años atrás, sin antecedentes médicos de relevancia; con historia de 05 días previos a su ingreso hospitalario de un cuadro febril con temperaturas entre 39-40°C asociado a cefalea, artralgias, vómitos biliosos, debilidad generalizada, y la presentación de episodios convulsivos tónico-clónicos generalizados en dos oportunidades. Resultados: la paciente fue recibida en trauma-shock y posteriormente ingresada a UCI con un Glasgow de 10, donde se inició neuro-protección, ingreso al 02 día de hospitalización a ventilación mecánica, fue positiva a Antígeno NS1 y Elisa IgM para dengue en suero; negativa para Leptospirosis, Chikungunya, Zika y Malaria, se le realizó una tomografía cerebral simple donde se evidenció alteraciones de la morfología y densidad difusa cerebral, sugestivo de edema cerebral difuso, lo que fue compatible con un cuadro neurológico de encefalitis por Dengue. Fue destetada del VM a los 05 días y dada de alta hospitalaria luego de 02 semanas de estancia hospitalaria. Conclusiones: la encefalitis atribuida a dengue es una de las complicaciones neurológicas raras y mortales, su manejo clínico requiere un conocimiento amplio de la sintomatología y disponibilidad de áreas críticas, especialmente en regiones donde la transmisión del vector y la presencia de casos de dengue es endémica.

Palabras clave: dengue, encefalitis

92

CARACTERÍSTICAS DEL PERSONAL DE SALUD QUE BRINDA ATENCIÓN INTEGRAL AL AFECTADO POR TUBERCULOSIS EN LAS UNIDADES DE ATENCIÓN DIFERENCIADA DE LA REGIÓN

Nora Reyes Puma¹, Marina Piazza Ferrand¹, Ricardo Aldo Morales², Jaqueline Alcalde Rabanal³, Nelly Godoy Mendoza¹, Javier Morales Barrenechea¹

¹Instituto Nacional de Salud, Perú

²Dirección Regional de Salud del Callao, Perú,

³Instituto Nacional de Salud Pública de México, México

Objetivo: la tuberculosis (TB) en el Perú es un problema importante de Salud Pública y según la última evaluación nacional las tasas de morbimortalidad han disminuido, pero se ha incrementado el número de afectados de TB multidrogo resistente y extradrogoresistente. En la última década, se ha tomado decisiones políticas y sanitarias que se han convertido en barreras para la implementación de la norma técnica. Se evalúa el equipo humano que brinda la atención integral al usuario. Métodos: se realizó un estudio transversal descriptivo, cuantitativo de las características del personal que labora en las Unidades de Atención Diferenciada (UAD) en los EE. SS del primer nivel de atención de la Diresa Callao. El personal de cuarenta cinco EE. SS administrados por la Diresa Callao, ingresaron al estudio (n=126). Se aplicó una encuesta y realizó el análisis estadístico descriptivo de los datos. Se realizó la evaluación de las funciones del personal según la NT que refiere que son responsables de la detección, diagnóstico y tratamiento de los casos de TB en todas sus formas. Las atenciones son de tipo ambulatorio y de actividades extramurales y comunitarias. Resultados: el personal que brinda atención a los usuarios de la UAD un total de 126 profesionales siendo en su mayoría personal técnico (40%) enfermeras (28%) y médicos (15%) y psicólogos asistentes sociales (17%). El tiempo que brinda cada grupo ocupacional a los usuarios es de 98% en el caso de los técnicos de enfermería, 44% en las enfermeras, 11% Asistentas Sociales y 9% Médicos, 5% en Psicólogos y nutricionista. Si ingresan tres pacientes nuevos mes por EE. SS con cuatro contactos por paciente nuevo y cinco sintomáticos respiratorio por día y un promedio de 15 minutos por atención. Tenemos ocupadas 112 horas al mes de las 150 horas totales, quedando solamente disponible 37 horas al mes para cumplir las otras actividades que establece la NT, las cuales son; preparar el expediente único, coordinaciones y actividades preventivo promocionales en la comunidad, la visita domiciliaria inicial y periódica, debiendo sumarse la atención de los antiguos. Conclusiones: el equipo que debe brindar la atención integral no está disponible, el tiempo que brinda es limitado siendo el personal técnico de enfermería el que atiende directa y permanentemente a los usuarios, por lo que es este grupo de trabajo requiere contar con las competencias necesarias para brindar una atención de calidad a los usuarios de la UAD.

Palabras clave: tuberculosis, Investigación Operativa, enfermeros

PROPUESTA DE ESTRATEGIA PARA LA EVALUACIÓN DE LA CALIDAD DE LOS DISPOSITIVOS MÉDICOS EN ESSALUD

Armando J Rivero¹, Víctor Suárez Moreno¹

¹Instituto de Evaluación de Tecnologías Sanitarias e Investigación, EsSalud, Perú

Objetivo: la propuesta establece una estrategia de abordaje de esta complicación sanitaria institucional definiendo de manera armónica los diversos formatos y contenidos técnicos relativos a la evaluación de calidad de los dispositivos médicos (DM) como son los glosarios definiciones listados formas de denominación ficha técnica ficha de calidad design dossier normas técnicas agrupamiento por características técnicas por nivel de riesgo y por importancia en adquisiciones, especificaciones técnicas, entre otros. Métodos: el estudio es cuantitativo no experimental transversal exploratorio y descriptivo. El agrupamiento de los dispositivos médicos tuvo como base el listado "Compras y consumos de material médico 2015", el listado de quejas técnicas (incluye quejas usuarios y sospechas de incidentes adversos entre diciembre 2015 a agosto 2016) y el listado pruebas de control de calidad. Basado en ese agrupamiento se relacionan características comunes y su clasificación de riesgo generándose los agrupamientos por coincidencias básicas y por empleo de factores de corrección. Considerando que se trata de efectuar un análisis multifactorial los análisis ABC deben someterse a una evaluación exhaustiva del contexto que genera la aparición de los mismos como los procesos de compra la calificación del proveedor las fichas técnicas y la recurrencia de defectos en la calidad o funcionalidad. Resultados: de un listado de 8910 ítems, se obtuvieron 31 agrupamientos de DM que representan el 80,7% de la compra y empleo institucional. Conclusiones: 1. basados en el nuevo concepto de agrupamiento, se pueden establecer métodos experimentales comunes para cada uno de ellos, consiguiendo optimizar y calificar su implementación y ejecución en un laboratorio de la RED. 2. el agrupamiento de productos permite incrementar el impacto de la evaluación de calidad de DM debido a que el focalizarse en 31 familias de productos (y no en 8910 ítems) se logra impactar positivamente y de todas las maneras posibles al 81% de la adquisición institucional. 3. el agrupamiento de productos establece una relación amigable entre el usuario, los DM y los procedimientos de quejas por temas de calidad o sospechas de incidentes adversos, debido a que la respuesta a las mismas a través de la evaluación real de los productos generará confianza en el sistema de tecnovigilancia institucional.

Palabras clave: dispositivos médicos, equipos y suministros, inventarios

PERFILES DE PROTEÍNAS DE CEPAS VERRUCÓGENAS Y NO VERRUCÓGENAS DE BARTONELLA BACILLIFORMIS

Giovanna Mendoza Mujica¹, Yanina Zárate Sulca¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: analizar las diferencias entre perfiles de proteínas de cepas de Bartonella bacilliformis verrucógenas y no

verrucógenas. Métodos: estudio descriptivo para la obtención de proteínas solubles totales de cepas de Bartonella bacilliformis procedentes de localidades de Ancash y Cusco, mediante sonicación en buffer de lisis con inhibidor de proteasas PMFS (fluoruro de phenil methyl sulfonilo), se realizó la cuantificación por el método de Bradford. Para la electroforesis, la concentración de cada antígeno fue 2µg por pocillo de 5mm. Las corridas electroforéticas se realizaron en geles de poliacrilamida dodecil sulfato de sodio (SDS page) al 8 y 12%, los geles resultantes fueron coloreados con nitrato de plata para la visualización de las bandas de proteínas. La determinación de los Rangos de Fraccionamiento y pesos moleculares se realizó en el equipo para análisis y documentación de geles ChemiDoc XRS+ software Image Lab para PC o Mac (Bio-Rad). Resultados: en los geles al 8%, se observaron bandas proteicas por encima de los 31KDa, mientras que en el de 12% por debajo de los 31KDa, hasta los 19KDa. Para las cepas de ambos departamentos, se analizaron perfiles de 57 bandas de proteínas; en cepas verrucógenas procedentes de localidades del departamento de Ancash se determinó la ausencia de 12 bandas, con respecto a las procedentes de localidades del Cusco correspondieron a: 113.4, 55.7, 45.04, 37.2, 33.2, 32.4, 30.8, 30.4, 28.9, 28.2, 24.3 y 23.9 KDa. Mientras que en cepas no verrucógenas del departamento del Cusco no se visualizaron 11 bandas que, si se encontraron en los perfiles de las cepas de Ancash, siendo las de los pesos moleculares de 223.4, 63.3, 61.7, 57.4, 55.9, 55.2, 42.4, 36.6, 35.7, 34.8 y 29.1 kDa; ambas cepas presentaron 33 bandas de proteínas en común. Conclusiones: Las cepas de B. bacilliformis procedentes de Ancash y Cusco presentan diferentes perfiles de proteínas, probablemente vinculados a factores de virulencia particulares del patógeno y manifestaciones clínicas del paciente afectado. El estudio permitirá identificar fracciones antigénicas específicas, que puedan utilizarse en la innovación del inmunodiagnóstico de la enfermedad de Carrión.

Palabras clave: Bartonella bacilliformis, Enfermedad de Carrión, aminoácidos, péptidos y proteínas

ESTANDARIZACIÓN DE UN PCR ANIDADO PARA LA IDENTIFICACIÓN DE ESPECIES DE BARTONELLA CIRCULANTES EN EL PERÚ

Giovanna Mendoza Mujica¹, Yanina Zárate Sulca¹, Karen Daphne Calvay Sánchez¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: estandarizar un PCR anidado para identificar Bartonella spp. utilizando cebadores específicos para una región única del genoma. Métodos: estudio descriptivo para la estandarización de un método molecular para identificar Bartonella spp. Se establecieron los parámetros para desarrollar las reacciones de un PCR-anidado; estableciendo los volúmenes finales de cada reacción y ajustando concentraciones de DNA, enzimas, cebadores, dNTPs y MgSO₄. Se determinaron los ciclos de denaturación, hibridación y extensión, así como sus respectivos rangos de temperatura; la enzima utilizada fue la Taq Platinum High

Fidelity, el marcador 16s-23s (ITS). Como controles positivos se utilizó DNA de cepas de *B. bacilliformis*, *B. henselae*, *B. rochalimae*. Para la visualización de los productos de PCR se evaluaron diferentes concentraciones del gel de agarosa utilizando un marcador de peso molecular de 100 a 3000pb. El análisis de los resultados se realizó por la determinación de los pesos moleculares de las cepas referenciales. Resultados: en la estandarización del PCR anidado para la identificación de *Bartonella* spp se establecieron dos reacciones de PCR a volúmenes finales, de 15 µL la primera y 25 µL la segunda, con 30 y 33 ciclos de reacción respectivamente. Las temperaturas de denaturación, hibridación y extensión en cada reacción se determinaron en el rango de 68 a 94°C. La mejor visualización de los productos de PCR se observó en una concentración del 2% del gel de agarosa. En el PCR anidado para *Bartonella* spp. estandarizado en el Laboratorio de Metaxénicas Bacterianas se determinaron bandas de diferentes pesos moleculares por especie: 109pb *B. bacilliformis*, 196pb *B. henselae* y 292pb *B. rochalimae*. Conclusiones: la prueba de PCR anidado estandarizada con base en la región espaciadora 16s-23s (ITS), permite la identificación de especies de *Bartonella* frecuentemente involucradas en infecciones humanas en el Perú, estableciendo las bases para la identificación de nuevas especies circulantes en el territorio nacional.

Palabras clave: Reacción en Cadena de la Polimerasa anidado, *Bartonella* spp, peso molecular

96

VALIDACIÓN DEL MÉTODO ELISA PARA LA DETECCIÓN DE IGG E IGM PARA EL DIAGNÓSTICO SEROLÓGICO DE LA ENFERMEDAD DE CARRIÓN

Giovanna Mendoza Mujica¹, Yanina Zárate Sulca¹, Karen Daphne Calvay Sánchez¹

¹Laboratorio de Metaxénicas Bacterianas, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: validar el método de ELISA IgG e IgM para el diagnóstico de la Enfermedad de Carrión. Métodos: estudio descriptivo para validar un método de diagnóstico serológico para la enfermedad de Carrión (EC); que comprendió el desarrollo de actividades para la obtención del antígeno de cepas de *Bartonella bacilliformis* mediante sonicación y cuantificación por el método de Bradford. La validación del método consideró la evaluación de los siguientes parámetros: sensibilidad, especificidad precisión, exactitud, entre otros. Se utilizaron 50 muestras de pacientes sanos con resultados negativos por diagnóstico directo y cultivo a la EC, 30 muestras de pacientes confirmados por diagnóstico directo y cultivo a la EC y 70 muestras positivas a otras etiologías: Enfermedad de arañazo de gato (15), Ehrlichiosis (5), Leptospirosis (10), Toxoplasmosis (10), Chagas(10) y Brucellosis (10). El análisis estadístico se realizó mediante SPSS 21. Resultados: en la validación del método de ELISA para la detección de anticuerpos IgM e IgG anti *Bartonella bacilliformis* para el diagnóstico de la

EC, se determinó para IgM, una sensibilidad diagnóstica de 93,3%, especificidad diagnóstica de 88% y una especificidad analítica de 75,7%, con un valor predictivo positivo (VPP) de 82,4% y valor predictivo negativo (VPN) de 95,7%; para los anticuerpos IgG la sensibilidad diagnóstica correspondió a 90%; especificidad diagnóstica del 84% y una especificidad analítica IgG de 85,7%, con un VPP de 77,1 % y VPN de 93,3 %; se obtuvo una precisión y exactitud de un CV menor al 20%. Conclusiones: el método de ELISA desarrollado para el diagnóstico de la enfermedad de Carrión, constituye una herramienta de diagnóstico serológico validada, para el tamizaje oportuno de casos afectados por esta etiología infecciosa y el desarrollo de estudios de seroprevalencia a nivel nacional y países andinos.

Palabras clave: Prueba ELISA, Enfermedad de Carrión, *Bartonella bacilliformis*, Inmunoglobulina M, Inmunoglobulina G

97

CARACTERIZACIÓN DEL TIPO CÁNCER SEGÚN SEXO Y EDAD EN EL CALLAO; 2006-2015

Carolina Tarqui-Mamani^{1,2}, Hernán Sanabria-Rojas¹, Walter Portugal-Benavides¹, Augusto Galarza-Anglas¹, Constantino Dominguez-Barrera¹ Gaby González-Espinoza²

¹Departamento de Medicina Preventiva y Salud Pública, Facultad de Medicina Humana, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú.

²Dirección Regional de Salud Callao, Perú.

Objetivos: caracterizar los diversos tipos de cancer (CA) según edad y sexo en el Callao; 2006-2015. Métodos: estudio de serie de casos que incluyó a 7884 casos de CA reportados por la Dirección Regional de Salud del Callao (DIRESA Callao). Se realizó una revisión documentaria de los casos de CA calculándose frecuencias y porcentajes. El estudio fue aprobado por el Comité de Ética en investigación de la DIRESA Callao. Resultados: El 50,6% (3993/7884) fueron de sexo masculino. Del total de casos, el CA de estómago fue el más frecuente, seguido de pulmón, próstata, hígado y vías biliares, cabeza y cuello y finalmente colorrectal. En los varones, los tipos de CA más frecuentes fueron próstata (17,1%), seguido de estómago (15,1%), pulmón (13,9%), cabeza y cuello (9,2%), hematopoyético y linfático (7,5%), hígado y vías biliares (7,5%) y colorrectal (6,9%). En mujeres predominaron el cérvicouterino (13,1%), mama (12,3%), estómago (11,3%), pulmón (9,5%), hígado y vías biliares (9,3%), colorrectal (8,2%) y finalmente cabeza y cuello (6,4%). En los varones, el 75,6% (3013/3988) se presentó en los adultos mayores, 20,3% (809/3988) adultos, mientras que, en mujeres, el 65,2% (2542/3896) se presentó en adultas mayores y 31,7% (1235/3896) en adultas. Conclusiones: los tipos de cáncer predominantes en varones fueron de próstata, estómago, pulmón y en mujeres el cáncer cérvico uterino, mama y estómago. El mayor porcentaje de cáncer en general se presentó en adultos mayores.

Palabras clave: Neoplasia, epidemiología, morbilidad, cáncer

EVALUACIÓN DE LA RACIONALIDAD DE COMBINACIONES A DOSIS FIJAS DE ANTIBIÓTICOS (CDF-A) EN PERÚ: UNA PERSPECTIVA REGULATORIA

Lisbeth Yesenia Rodríguez Tanta¹

¹DIGEMID, Perú.

Objetivos: evaluar la racionalidad de CDF de antibióticos usando un instrumento validado basado en las directrices de la Organización Mundial de Salud (OMS) y Agencia Europa de medicamentos (EMA) sobre los criterios de racionalidad de CDF y la evidencia científica publicada. Asimismo, determinar su permanencia en el mercado farmacéutico peruano. Métodos: estudio descriptivo, obtuvimos información de 50 CDF-A disponibles en el mercado peruano de la base de datos de estudios de farmacovigilancia activa (Ministerio de Salud del Perú) durante el período 2015-2016. Se desarrolló y validó un instrumento de 22 puntos para la evaluación de la racionalidad, considerando parámetros: 1) número de ingredientes farmacológicos activos (IFA) y cantidad de cada componente presente en cada combinación, 2) presencia de CDF-A en la Lista Esencial de Medicamentos de la OMS (2015) y en el Petitorio Nacional Único de Medicamentos Esenciales (Perú-2011), 3) retiro de IFA del mercado por cuestiones de seguridad, 4) evaluación de farmacocinética y farmacodinamia, 5) especificación de seguridad de IFA, 6) disponibilidad de evidencia científica publicada, 7) información post-comercialización (farmacovigilancia). Los puntajes obtenidos se dividieron en tres categorías: racionales (15-22), semi-racionales (7-14) e irracionales (0<7). Resultados: la mayoría de CDF-A estuvieron indicadas en el tratamiento de infecciones respiratorias (n=21, 42%), seguido de infecciones genitourinarias (21%). Con respecto a la edad, el 20% tuvo indicación pediátrica, principalmente para infecciones respiratorias. Se observó que más del 60% tuvieron dos IFAs, que el 10% presentaron más de cuatro IFAs y que la forma farmacéutica de mayor prevalencia fue la tableta (47%). Se evidenció que ocho CDF-A (16%) tuvieron al menos un IFA retirado del mercado por problemas de seguridad. Aproximadamente el 95% de CDF-A carece de evidencia científica sobre eficacia y seguridad y no tienen estudios post-autorización. La reducción del IFA en cada CDF-A fue observada solo en el 20% de todas las CDF-A. Finalmente, de las 50 CDF-A evaluadas la mayoría son semi-racionales (66%) y aproximadamente el 30% son irracionales. Conclusiones: de acuerdo a la evidencia encontrada, todas las CDF-A categorizadas como irracionales deben ser retiradas del mercado peruano y aquellas con características de semi-racionalidad deben implementar estudios de eficacia y seguridad para asegurar su permanencia y no representar un riesgo para la salud pública.

Palabras clave: fármacos antibióticos, automedicación, dosis única

EFFECTIVIDAD ATRIBUIBLE AL USO DE VITAMINAS C Y E COMO TRATAMIENTO COADYUVANTE A LA TERAPIA TRIPLE ESTÁNDAR PARA *HELICOBACTER PYLORI*

W. Samir Cubas¹, Rómulo Reyes Cahuila², Heriberto Arévalo Ramírez³, Antonio M Quispe⁴

¹ Facultad de Medicina Humana, Universidad Nacional de San Martín, Perú

² Servicio de Gastroenterología, Hospital EsSalud, Tarapoto, San Martín, Perú

³ Área de Microbiología y Parasitología, Universidad Nacional de San Martín, Perú

⁴ Grupo de Investigación Biomédica, Web Med Research, Perú.

Objetivo: determinar la efectividad atribuible al tratamiento coadyuvante con vitaminas C y E para *H. pylori* en una cohorte de pacientes de la amazonía peruana tratados con la terapia triple estándar (TTE). Métodos: estudio de cohortes que evaluó retrospectivamente una cohorte de 50 pacientes infectados con *H. pylori* tratado con TTE (Amoxicilina 1g BID, claritromicina 500 mg BID y omeprazol 20mg BID por 14 días) en el Hospital de Tarapoto en octubre-diciembre 2016. La mitad fueron expuestos al tratamiento coadyuvante con vitaminas C y E y la otra mitad fue tomada al azar (1:1) entre los no expuestos a la terapia adyuvante. Con los datos de sus historias clínicas y teniendo como variable desenlace la erradicación del *H. pylori* confirmada por histopatología, se estimó y comparó la efectividad de ambos tratamientos utilizando un modelo regresión general lineal con familia Poisson y link log. En todos los casos se controló la adherencia al tratamiento con el conteo de tabletas. Resultados: en el análisis de línea de base no se encontraron diferencias significativas entre los expuestos y no expuestos incluyendo variables como edad (38±11 vs. 36±10 años), sexo masculino (65% vs. 63%), síntomas principales (anorexia, 13% vs. 4%; dolor abdominal, 43% vs. 40%; náuseas, 4% vs. 9%; pirosis, 17% vs. 18%; regurgitación, 43% vs. 40%) y diagnóstico histopatológico basal (gastritis antral, 54% vs. 43%; dolor abdominal, 18% vs. 13%; pangastritis, 27% vs. 43%). Al término del tratamiento se encontró un incremento no significativo en las tasas de erradicación en los expuestos con respecto a los no expuestos de un 9,5% (91% vs. 82%; riesgo relativo [RR]=1,11; Intervalo de confianza al 95% [IC95%]: 0,92-1,36). Sin embargo, sí se encontró una asociación significativa entre las tasas de erradicación y el sexo de los pacientes (masculino vs. femenino, 100% vs. 79%; RR=0,79; IC95%: 0,66-9,95). Conclusiones: el tratamiento coadyuvante con vitaminas C y E podría ayudar a incrementar la efectividad atribuible a la TTE para *H. pylori* en los pacientes de la amazonía peruana; sin embargo, para demostrar ello se recomienda realizar un ensayo clínico considerando género como un potencial modificador de efecto.

Palabras clave: *Helicobacter pylori*, tratamiento, vitamina C, Vitamina E, terapia combinada

ANÁLISIS GEOESPACIAL DE LOS CASOS CONFIRMADOS DE ZIKA EN EL DEPARTAMENTO DE LIMA, 2017

Mónica Pun Chinarro¹, Pedro Riega López¹, María Paquita García Mendoza¹, Nancy Susy Merino¹, Adolfo Marcelo Ñique¹, Dana Figueroa Romero¹, Marco Coaguila Mamani¹, Gloria Yale Cajahuanca², Juan Lizama³, Wilder Eguiluz Wagner⁴, Jessica Guzmán Cuzcano⁵, Bianca Obregón Rivera¹, Cristian Obregón Cahuaya¹, Arnold Cabana Peceros¹, Sonia Gutiérrez Gonzales¹, César Cabezas Sánchez¹, Luis Suárez Ognio⁶

¹Instituto Nacional de Salud, Perú

²Laboratorio de la DISA LIMA SUR, Perú

³Laboratorio de la Red de Salud Comas, Perú

⁴Jefe de Epidemiología- EPINORTE de la DIRIS Lima, Perú

⁵Coordinadora de la Unidad de Metaxénicas y Zoonosis-CDC, Perú

⁶Universidad de Ciencias Aplicadas UPC, Perú

Objetivo: describir el patrón de distribución geográfica de los casos mediante la georreferenciación domiciliar. Métodos: se realizó un estudio descriptivo de la distribución espacial de los casos confirmados de Zika por georreferenciación utilizando el programa ArcMap 10.1; empleándose la metodología del análisis temporal de la distribución espacial de los casos. La confirmación de los casos se realizó por RT-PCR, Elisa IgM y Aislamiento viral por el Laboratorio de Referencia Nacional de Metaxénicas Virales del INS. Los datos fueron obtenidos de las fichas epidemiológicas ingresadas al sistema NETLAB del INS, el cual consigna la dirección de residencia actual del paciente. La información de calles, localización de asentamientos humanos y urbanizaciones del catastro de Lima Metropolitana fue obtenida de COFOPRI. Resultados: desde la semana epidemiológica N°1 hasta la N°41 se han confirmado un total de 97 casos positivos a virus de Zika en el departamento de Lima, 94 de los casos procedían del distrito de Comas y 3 del distrito de El Rímac. El 61% (59) fueron mujeres y 39% (38) son varones. Del número total de mujeres en edad fértil, 42 fueron positivas a Zika, el 92% (39) son mujeres no gestantes y el 7% (3) son mujeres gestantes. Se encontró una dispersión de los casos confirmados en las zonas correspondientes a los asentamientos humanos 9 de octubre, Cerro Peruano La Libertad, Cerro Sinai, Pasaje Nueva Esperanza y el pueblo joven Pampas de Comas, lo que permitió conocer la extensión geográfica del brote y orientar las medidas de control al área afectada. Conclusiones: la georreferenciación de los casos confirmados es una estrategia que permite identificar la extensión del área afectada por un brote y orienta a los servicios de salud pública sobre el área donde se debe intensificar las medidas de vigilancia y control.

Palabra clave: Zika, epidemias, análisis espacial

AISLAMIENTO DE *VIBRIO CHOLERAE* A PARTIR DE MUESTRAS DIARREICAS EN LABORATORIO REFERENCIAL, LAMBAYEQUE, ENERO- JUNIO 2017.

Liliana Alvarado¹, Pilar Pérez¹

¹Laboratorio Referencial Lambayeque, Área de Enteropatógenos e I/H, Perú

Objetivo: aislar *Vibrio cholerae* a partir de muestras diarreas de pacientes que procedían de los diferentes establecimientos de Salud de la Región Lambayeque. Métodos: estudio descriptivo en 145 muestras diarreas, colectadas desde enero hasta junio 2017 y procesadas en el Laboratorio Referencial Lambayeque –Área de Enteropatógenos. Para el aislamiento se emplearon los métodos convencionales, siembra en Agar TCBS y para su identificación pruebas bioquímicas, pruebas de oxidasa y desoxicolato de sodio 0,5%; la serotipificación se realizó empleando antisueros polivalentes para *Vibrio cholerae*, las pruebas moleculares se realizaron en el Instituto Nacional de Salud. Resultados: de las 145 muestras procesadas de los diferentes establecimientos de Salud de la Región Lambayeque, se obtuvieron 03 aislamientos de *Vibrio cholerae* No 01,01 aislamiento de *Vibrio cholerae* 0139 (negativos a toxina colérica), 01 aislamiento de *Vibrio parahaemolyticus*, toxigénico (trh+). Los aislamientos correspondieron a pacientes de diferentes edades que procedían del distrito de Mórrope y cuyo diagnóstico clínico correspondía a EDA acuosa aguda. Conclusiones: las pruebas moleculares realizadas por el Instituto Nacional de Salud determinaron que las cuatro cepas fueron negativas a toxina colérica. Las cepas de *Vibrio cholerae* aisladas correspondían a pacientes del distrito de Mórrope.

Palabras clave: *Vibrio cholerae*, diarrea, aislamiento

PERFIL DE PROTEÍNAS DE CORPÚSCULOS CALCÁREOS DE CISTICERCO DE *TAENIA SOLIUM* CON POTENCIAL USO EN DIAGNOSTICO IN VITRO PARA NEUROCISTICERCOSIS

Rivera A.¹, Paredes A.¹, Marzal M.¹, García HH^{1,2,3,4}, Grupo de Trabajo en Cisticercosis en Perú (CWGP)

¹ Laboratorio de Inmunopatología en Neurocisticercosis, Laboratorios de Investigación y Desarrollo, Facultad de Ciencias y Filosofía, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú.

² Centro de Salud Global, Tumbes, Perú.

³ Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú.

⁴ Unidad de Cisticercosis, Instituto Nacional de Ciencias Neurológicas, Perú

Objetivos: estudiar el componente orgánico de los corpúsculos calcáreos y analizarlos en la base de datos Uniprot para *Taenia*

solium. Métodos: se aislaron y procesaron los corpúsculos calcáreos de cisticerco de *Taenia solium* para la obtención del perfil proteico presente en estas estructuras a través de varios pasos de homogenización, centrifugación, disolución, medición de proteínas e identificación electroforética SDS-PAGE. Resultados: se presentan las proteínas encontradas y el análisis de ellas en base a la información descrita en la base de datos Uniprot. Se encontraron 23 moléculas de 6,5 a 98,1 kDa. Luego del análisis, más de un tercio estarían asociadas a funciones de óxido reducción, otro tanto corresponderían a moléculas antigénicas y lo restante a moléculas con propiedades inmunomoduladoras y enzimáticas. Conclusiones: el componente orgánico de los corpúsculos calcáreos presenta un perfil proteínico que no había sido estudiado antes. Es de interés estudiar los componentes asociados a corpúsculos calcáreos y por ende relacionados a la viabilidad del parásito. Las moléculas descritas pueden servir como candidatos antigénicos para el diagnóstico in vitro en pacientes con Neurocisticercosis.

Palabras clave: Taenia solium, neurocisticercosis, diagnóstico

103

ESTUDIO OBSERVACIONAL DE LAS INFECCIONES RESPIRATORIAS AGUDAS GRAVES (IRAG) DE ETIOLOGÍA VIRAL EN UNA UNIDAD DE CUIDADOS INTENSIVOS PEDIÁTRICOS (UCIP) LIMA-PERÚ

María Becerra¹, Víctor Fiestas², José Tantaleán¹, Gabriela Mallma¹, Margarita Alvarado¹, Victoria Gutiérrez³, Maribel Huaranga⁴, Nancy Rojas⁴

¹ Instituto Nacional de Salud del Niño, Perú

² Unidad de Intervenciones Estratégicas, Instituto Nacional de Salud, Perú

³ Red de Laboratorios, Instituto Nacional de Salud, Perú

⁴ Laboratorio de Virus Respiratorios, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: describe casos de IRAG de etiología viral en menores de 5 años hospitalizados en una UCIP del país. Métodos: estudio observacional realizado en la UCIP del Instituto Nacional de Salud del Niño en menores de 5 años que requirieron soporte ventilatorio por IRAG durante el periodo abril 2012 - abril 2014. Después del consentimiento informado de los padres, se registró la información clínica del paciente y se obtuvo muestra de aspirado traqueal o hisopado nasofaríngeo que fue enviada al INS en medio de transporte viral (temperatura: 2-8°C). Las muestras fueron procesadas por técnica de inmunofluorescencia directa (IFD) usando kit comercial para 8 virus respiratorios y RT-PCR en tiempo real (qPCR) para virus influenza, adenovirus y virus sincicial respiratorio subtipo A (VSR-A) o B (VSR-B). Mediante prueba X2 o prueba exacta de Fisher se determinó diferencia estadística entre las frecuencias de las variables analizadas ($p < 0.05$), usando paquete estadístico Stata 12.0. Resultados: durante el periodo de estudio se enrolaron 119 pacientes, el mayor porcentaje era menor de un año (81%), varones (60%) y con antecedente de comorbilidad (66%). Los diagnósticos clínicos fueron neumonía (56%), síndrome coqueluchoide

(22%) y síndrome obstructivo bronquial – SOB (21%). Se identificó etiología viral en 59 pacientes: VSR-A (35/59), influenza AH1N1pdm09 (10/59), adenovirus (7/59), parainfluenza (6/59), influenza AH3N2 (3/59), influenza B (1/59) y co-infección viral en tres pacientes. Mediante qPCR se diagnosticó un mayor número de casos de VSR-A (11), influenza A (5) y todos los casos de adenovirus (7). El VSR-A fue identificado en SOB (36%), neumonía (30%) y síndrome coqueluchoide (23%), ver figura. La mediana del tiempo de hospitalización en UCI fue 20 días y la mediana del tiempo en ventilación mecánica fue 256 horas. La letalidad tuvo asociación estadística con antecedente de enfermedad cardiovascular ($p < 0,01$), síndrome de Down ($p = 0,008$), neumonía ($p = 0,001$) e infección nosocomial ($p = 0,01$). Conclusiones: el VSR-A fue la etiología viral más frecuentemente identificada en menores de 5 años hospitalizados por neumonía, SOB y síndrome coqueluchoide en la UCIP. Los casos de IRAG con antecedente de enfermedad cardiovascular y síndrome de Down, diagnóstico de neumonía e infección nosocomial estuvieron asociados a una mayor letalidad.

Palabras clave: Virus Sincicial Respiratorio, Unidad de Cuidados Intensivos Pediátricos

104

IMPACTO DEL FENOMENO EL NIÑO COSTERO SOBRE EL INCREMENTO DEL DENGUE EN PIURA, 2017

Walter Portugal¹, Alejandra Vásquez²

¹ Departamento Medicina Preventiva y Salud Pública, Facultad de Medicina, UNMSM, Perú

² Universidad Científica del Sur, Perú

Objetivo: determinar el impacto en relación a la incidencia en las diferentes formas clínicas del Dengue durante las primeras 16 semanas epidemiológicas del 2017 comparado con el año 2016 en Piura. Métodos: estudio observacional de tipo descriptivo, exploratorio. Se ha comparado las tasas de incidencias acumuladas de las diferentes formas clínicas de Dengue a la SE 16 de los años 2016 y 2017 en la región de Piura, teniendo en cuenta que durante las primeras 16 semanas epidemiológicas se presentó en la costa norte del país el fenómeno climático denominado “El Niño Costero” y que se convirtió en un desastre natural. En tal sentido, para el análisis de los datos se ha usado una tabla electrónica en Excel, logrando determinar cuantitativamente la diferencia porcentual de las incidencias del dengue atribuidas por el fenómeno climático. Resultados: el Riesgo Atribuible Porcentual para el Dengue (en todas sus formas) fue de 65,4%. En la forma clínica Dengue sin signos de Alarma fue de 66,6%, Dengue con signos de Alarma fue de 61,1%, Dengue grave fue de 100%. En relación a las etapas de vida, el grupo más afectado fue el adulto joven con 62% en el 2016 y 62,5% en el 2017. Así mismo, durante el año 2017 la etapa de vida Adulto Mayor presentó proporcionalmente mayor incidencia en el año 2017 (45,6%) comparativamente con el año 2016 (40,8%). Conclusiones: El fenómeno climático El Niño Costero tuvo una relación de impacto en el incremento de la incidencia de casos de

Dengue en todas sus formas clínicas en Piura, durante las primeras 16 semanas epidemiológicas durante el año 2017 comparado con el año 2016 en el mismo período de tiempo.

Palabras clave: El Niño Oscilación del Sur, dengue, Perú

105

PREDICTORES DE LA ANEMIA FERROPÉNICA EN NIÑOS MENORES DE 5 AÑOS EN UN DISTRITO DE ALTA PREVALENCIA DE HUÁNUCO

Mely Meleni Ruiz Aquino¹

¹ *Colegio de Enfermeros de Huánuco, Perú*

Objetivo: identificar los determinantes de la anemia ferropénica en niños menores de 5 años en un Distrito de alta prevalencia de Huánuco. Métodos: estudio transversal en una muestra de 82 niños seleccionados probabilísticamente. Se aplicaron una guía de entrevista y una ficha de evaluación. Dichos instrumentos fueron validados por un juicio de expertos. El análisis bivariado fue contrastado mediante la prueba Chi Cuadrada, Fisher y se determinó el OR, con $p=0,05$, apoyados en el SPSS 15.0®. Se tuvo en cuenta la aceptación del consentimiento informado por los padres de los niños en estudio. Resultados: hubo asociación entre la poca frecuencia del consumo de carne roja [OR: 0,19 (IC95% 0,06-0,56)], frecuencia del consumo de carne de pescado [OR: 0,28 (IC95% 0,10-0,77)] y la presencia de parasitosis [OR: 0,06 (IC95% 0,01-0,49)] con la anemia en niños menores de 5 años. No se halló relación entre la poca frecuencia del consumo de carne de pollo [OR:0,89 (IC95% 0,32-2,48)], no consumo del suplemento de sulfato ferroso [OR: 0,45 (IC95% 0,16-1,28)], incumplimiento de la lactancia materna exclusiva [OR:3,63 (IC95% 0,62-21,2)] y frecuentes diarreas [OR: 0,91 (IC95% 0,41-5,75)]. Conclusiones: La poca frecuencia del consumo de carnes rojas, de pesado y la presencia de parasitosis fueron los determinantes de la anemia ferropénica de los niños menores de 5 años, en una zona de alta prevalencia de Huánuco.

Palabras clave: anemia ferropénica, preescolar, factores de riesgo

106

VALOR DIAGNÓSTICO DE LA PRUEBA PCR-ADN PARA VIH-1 EN MUESTRAS DE SANGRE TOTAL IMPREGNADAS EN PAPEL DE FILTRO. LIMA, 20130

Carmen Cuse¹, Soledad Romero², Fany Cárdenas², Susan Espetia²

¹ *Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga, Perú*

² *Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú*

Objetivo: determinar el valor diagnóstico de la técnica PCR-ADN con muestras de sangre total impregnadas en papel filtro para la detección de la infección por VIH-1. Métodos: investigación descriptiva donde se utilizaron 219 muestras de sangre total (100 muestras positivas y 119 muestras negativas a VIH, confirmadas por serología), estas se

impregnaron en papel de filtro FTA con 125 uL de sangre total, después se cortaron 4 discos de 3 mm de diámetro. Se realizó la extracción del ADN de los discos de papel filtro, como control interno de este proceso se amplificó el gen de la Beta globina Humana. Posteriormente, se amplificó la región RT codificada por el gen Pol del VIH-1 mediante la técnica de PCR-anidado, como control positivo se consideró cultivos celulares infectados con VIH-1. Resultados: en la evaluación del valor diagnóstico de la prueba PCR-ADN proviral para la detección del VIH-1 en muestras de sangre impregnadas en papel de filtro FTA se determinó que el 95% de las muestras positivas amplificaron para la región RT codificada por el gen Pol del VIH-1. Así mismo, se determinó una sensibilidad de 95% y una especificidad del 100%. Conclusiones: el PCR-ADN anidado proviral evaluado es un método sensible y específico para el diagnóstico temprano del VIH-1. La utilización de papel filtro como matriz para la recolección de sangre facilita el transporte y almacenamiento de la misma además simplifica el proceso de extracción de ADN.

Palabras clave: Reacción en Cadena de la Polimerasa, Virus 1 de la Inmunodeficiencia Humana

107

PERFIL DE RESISTENCIA DE BACTERIAS PATÓGENAS AISLADAS DE MUCOSAS DE VÍAS RESPIRATORIAS ALTAS EN PERSONAL DE SALUD

Elizabeth Irene Pareja Cuadros¹, Giuliana Mercedes Romero Barrenechea¹, Esther Valencia Bazalar¹, Miguel Ciro Condezo Rojas², Luis Marocho Chahuayo¹

¹ *Instituto de Medicina Tropical Danicel Alcides Carrión, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú*

² *Facultad de Medicina, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú*

Objetivo: describir el perfil de resistencia de bacterias patógenas aisladas de mucosas de vías respiratorias altas en personal de salud. Métodos: estudio descriptivo, en el cual participaron 83 trabajadores de salud, previo consentimiento informado, y mediante llenado de la ficha epidemiológica. Las muestras fueron obtenidas a través de hisopados faríngeos y nasales y sembradas siguiendo los protocolos establecidos para aislamiento e identificación de patógenos bacterianos de vías respiratorias. Los resultados fueron registrados en las fichas microbiológicas. Se utilizó el paquete estadístico SPSS para análisis de datos (frecuencias y porcentajes). Resultados: 55 % de los participantes tienen un patógeno bacteriano localizado en las mucosas de vías respiratorias. El patógeno más frecuente fue *Klebsiella pneumoniae* 24%, seguido de *Staphylococcus aureus* con 21,6% y *Streptococcus pneumoniae* con 9,6%. Con respecto al perfil de resistencia bacteriana el 30% de *Klebsiella pneumoniae* presentó resistencia a ciproflaxicina y 40% a cotrimoxazol, con respecto a *Staphylococcus aureus* el 10% presentó resistencia a clotrimoxazol, 5% a gentamicina, con respecto a *Streptococcus pneumoniae* el 37,5% presentó resistencia a clotrimoxazol. Conclusiones: el patógeno respiratorio más frecuente fue *K.pneumoniae*. Las bacterias que presentaron

resistencia a clotrimoxazol fueron *K. pneumoniae* con 40%, 37,5% *Streptococcus pneumoniae* y 10% *S. aureus*.

Palabras clave: Resistencia antimicrobiana, *Staphylococcus*, *Streptococcus*, *Klebsiella pneumoniae*

108

ESTUDIO COMPARATIVO PARA LA CUANTIFICACIÓN DE CARGA VIRAL DE VIH-1 POR REAL TIME-PCR DE COBAS6800® HIV-1 Y M2000® HIV-1 ABBOTT

Fany Cárdenas-Bustamante¹, Maribel Acuña-Barios¹, Liza Linares-Rosales¹, Soledad Romero-Ruiz¹, Emilio Tasayco-Magallanes¹, Eduardo Miranda-Ulloa¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: evaluar la precisión diagnóstica de la cuantificación de carga viral de VIH-1 por Real Time-PCR de Cobas 6800® HIV-1 y m2000® HIV-1 ABBOTT. Métodos: estudio observacional descriptivo (setiembre-2016). Se seleccionaron al azar y por conveniencia 89 muestras séricas de pacientes en terapia antiretroviral de gran actividad (TARGA). Las muestras fueron procesadas paralelamente por Real Time-PCR cuantitativo en la plataforma Cobas 6800® HIV-1 y en el m2000® HIV-1 ABBOTT. Los conteos de las lecturas fueron analizados mediante Epidat versión 4.2. Se calcularon: la regresión lineal, el coeficiente de correlación de Spearman y la concordancia por el método de Bland-Altman. Resultados: Los valores promedios de la carga viral fue 2,46 (rango 0,1-6,45 copias/mL de ARN de VIH-1) para el COBAS 6800® HIV-1 y 2,02 (rango 0,3 – 6,45 copias/mL de ARN de HIV-1) para el m2000® HIV-1 de ABBOTT. Asimismo, se obtuvieron los siguientes resultados para los 89 pares de datos: Coeficiente de Correlación de Spearman = 0,90. El análisis de regresión mostró una pendiente de 0,83 y una intersección de 0,21. El análisis de Blant Altman de las medias de las diferencias de los valores de las muestras mostró una buena concordancia (0,14) y las diferencias halladas fueron de -1,13 y 1,904 copias/mL. Conclusiones: se observó una alta correlación y concordancia de la cuantificación de la carga viral de VIH-1 por Real Time-PCR entre Cobas6800® HIV-1 y m2000® HIV-1 de ABBOT. Se concluye, que los dos métodos evaluados pueden ser usados indistintamente dando buenos resultados.

Palabras clave: Fármacos Anti-HIV, Reacción en Cadena de la Polimerasa, carga viral

109

EVALUACIÓN DE MÉTODOS DE CONCENTRACIÓN Y PURIFICACIÓN DE QUISTES DE GIARDIA SPP A PARTIR DE MUESTRA COPROLÓGICA

Kathia Mariela Tarqui Terrones¹, Giovanna Thalíz Ramirez Carranza¹, María Salomé Beltrán Fabián¹, Ronnie Gustavo Gavilán Chávez¹, Luis Fernando Donaires Toscano¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: evaluar métodos de concentración y purificación de quistes de *Giardia* spp. a partir de muestras coprológicas para su posterior cultivo. Métodos: estudio descriptivo se procesaron 100 muestras coprológicas, procedentes de los hospitales de referencia Nacional Arzobispo Loayza, Cayetano Heredia y Sergio Bernales, aplicando los métodos de concentración por sedimentación espontánea en tubo (TSET), Faust y sucrosa. Adicionalmente se procesaron 29 muestras coprológicas por el método de gradiente de sucrosa, para evaluar el método más eficaz que cumpla con los criterios: mayor recuperación de quistes por mililitro, menor cantidad de detrito y que no presente alteración en la morfología de la pared quística. La estimación de carga parasitaria se realizó a través del conteo de quistes por mililitro de muestra en cámara de Neubauer y la evaluación de morfología por observación microscópica de la pared de los quistes de *Giardia* spp. Resultados: de los métodos utilizados, el método de Faust fue el que tuvo mayor eficacia concentrando en promedio 35,35 quistes/ml con un mínimo de detrito; sin embargo, el sulfato de zinc alteró la morfología de la pared quística de *Giardia* spp haciéndolos inviables para cultivo. El método de concentración por sedimentación espontánea en tubo (TSET) concentró en promedio 20,15 quistes/ml pero tuvo la limitación de presentar demasiado detrito. El método de sucrosa, solución con densidad 1,27 g/mL, en promedio concentró menor cantidad de quistes (18,7 quistes/ml); sin embargo, al aplicar el método de gradiente de sucrosa (0,4M y 0,85M) se lograron resultados satisfactorios en concentración y pureza (121,9 quistes/ml). Conclusiones: El método más eficaz para la concentración y purificación de quistes de *Giardia* spp a partir de muestra coprológica es el método de gradiente de sucrosa (0,4M y 0,85M).

Palabras clave: *Giardiasis*, heces, quistes, diagnóstico

110

ESTRUCTURA GENÉTICA DE MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS DROGORRESISTENTE USANDO EL ENSAYO DE SONDA LINEAL GENOTYPE MTBDRPLUS EN EL PERÚ

Elias Santos¹, Zuluy Puyén¹, Ronnie Gavilán¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: el Ensayo de Sonda Lineal, GenoType MTBDRplus (ESL-GT) es ampliamente utilizado para la identificación del complejo *Mycobacterium tuberculosis* además de las mutaciones asociadas con resistencia frente a los fármacos rifampicina e isoniacida. Sin embargo, la información obtenida a partir de los patrones de mutaciones puede ser útil para establecer los principales genotipos (Haplotipos) resistentes y evaluar su estructura genética a lo largo del territorio peruano. Métodos: colección de muestras pertenecientes a cepas de *M. tuberculosis* drogorresistentes obtenidas del Laboratorio de Referencia Nacional de Micobacterias del Instituto Nacional de Salud del Perú durante el periodo 2011-2015. Se identificaron patrones mutacionales a partir del análisis de las sondas de hibridación del ESL-GT asociadas con los genes *rpoB*, *katG* e *inhA*. Los patrones obtenidos fueron concatenados y analizados para la identificación de

haplotipos drogorresistentes mediante el uso del programa GenAIEx v.6.503. Asimismo, se determinaron la distribución y frecuencia de haplotipos a lo largo del territorio peruano. Finalmente, se evaluó el grado de estructuración genética entre las muestras agrupadas según las regiones naturales: Costa, Sierra y Selva. Resultados: se lograron utilizar 6589 muestras de *M. tuberculosis*. A partir de estas se identificó un total de 34 haplotipos, de los cuales 6 fueron considerados de alta prevalencia. Cada uno de estos comprende más de 400 muestras y en conjunto representan el 73,1% del total de muestras analizadas. Los 6 haplotipos fueron conformados por 3 haplotipos multidrogorresistentes y 3 haplotipos monoresistentes a isoniacida. Finalmente, se obtuvieron valores bajos de estructuración genética ($F_{ST} = 0,02404$) entre las poblaciones de regiones naturales. Sin embargo, se identificaron haplotipos restringidos a determinadas áreas geográficas en los cinco años. Conclusiones: El Perú alberga una alta prevalencia de cepas de *Mycobacterium tuberculosis* multidrogorresistentes y monoresistentes a isoniacida. Finalmente, el Ensayo de Sonda Lineal, GenoType MTBDRplus puede servir como una herramienta temprana en la epidemiología molecular de *Mycobacterium tuberculosis* a través del monitoreo espacio-temporal de los haplotipos circulantes en el Perú.

Palabras clave: Mycobacterium tuberculosis, diagnóstico, resistencia a medicamentos

111

CASOS DE SÍFILIS CONGÉNITA EN MUESTRAS RECEPCIONADAS EN EL INSTITUTO NACIONAL DE SALUD-PERÚ, 2017

Ana Jorge Berrocal¹, Harold Calixto Benito¹, Yuli Janeth Barrios Cárdenas¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: determinar la frecuencia de casos de Sífilis Congénita en muestras recepcionadas en el Instituto Nacional de Salud, entre enero y octubre 2017. Métodos: procesamos 192 muestras de recién nacidos en el Laboratorio de Referencia Nacional de Bacterias de Transmisión Sexual del INS procedentes de la red nacional de laboratorios del Perú a los que se realizaron pruebas No treponémicas como Reagina Plasmática Rápida (RPR) y prueba Treponémica confirmatoria Inmunofluorescencia Indirecta para el diagnóstico de sífilis FTA-ABS para la detección de anticuerpos de tipo IgM, para el desarrollo de ambas pruebas se utilizó kits comerciales. Resultados: de un total de 192 muestras procedentes de 20 regiones del Perú durante el periodo de enero a octubre del 2017, se determinó una frecuencia de casos de 5,2% de sífilis congénita, cuyos casos se confirmaron con la prueba de Inmunofluorescencia Indirecta FTA-ABS IgM, así mismo se evidencio resultados "Reactivos" a la prueba de RPR con títulos de 64, 128, 256 y 512 diluciones. Las muestras "Reactivas" procedieron de 6 regiones del país evidenciando porcentajes elevados de sífilis congénita en las regiones de Lima y La Libertad con un 30% de casos por cada región, seguido de Piura, Huánuco, Arequipa y Puno con 10% respectivamente. Conclusiones:

probablemente las madres reactivas de estos recién nacidos confirmados a sífilis congénita no tuvieron una detección temprana de la enfermedad durante los controles prenatales y/o tratamiento eficaz, conllevando a la transmisión vertical.

Palabras clave: Sífilis congénita, diagnóstico, Perú

112

INFECCIÓN RESPIRATORIA AGUDA (IRA) VIRAL EN NIÑOS DE 0 A 12 AÑOS ATENDIDOS EN EL HOSPITAL REGIONAL LAMBAYEQUE

Maribel Huaríngá Nuñez¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: determinar la etiología y características clínicas de la IRA viral en niños que asistieron al Hospital Regional Lambayeque. Métodos: estudio descriptivo en niños de 0 a 12 años atendidos en el Hospital Regional Lambayeque durante los meses de abril 2016– abril del 2017. Los casos sospechosos fueron captados y seleccionados tras evaluación con el médico pediatra. Se obtuvieron muestras de hisopado nasal y faríngeo. El procesamiento e identificación de las mismas se realizó por inmunofluorescencia directa con el kit comercial "D3-ultra 8 DFA respiratory virus screening & identificación kit-Diagnostic Hybrids" para la detección de 8 virus respiratorios (Influenza A y B, Parainfluenza 1,2 y 3, virus sincitial respiratorio, adenovirus y metapneumovirus). Las muestras positivas para influenza A y B se analizaron por el método RT-PCR en tiempo real para virus influenza A, subtipos (H3N2, H1N1pdm09) y virus influenza B linajes (Yamaga, Victoria). Resultados: Se seleccionaron 79 participantes como sospechosos de IRA por virus, de los cuales el 16,5% (n=13) tuvo agente etiológico identificable. El virus hallado con mayor frecuencia fue Influenza A con el 46,2% (n=6), lográndose también identificar Adenovirus con el 23% (n=3) e influenza B y metapneumovirus con el 15,3%(n=2) para ambos. Para el caso del virus la influenza A y B, se realizó la subtipificación detectándose que todos los virus influenza A pertenecieron al subtipo H3N2 mientras que los virus influenza B pertenecen al linaje Yamagata. La característica clínica hallada con mayor frecuencia en la población estudiada fue fiebre con temperatura máxima de 38,9 °C (81%, n=64), seguida por la presencia de tos (77,2%, n=61), rinorrea (60,7%, n=48) y malestar general (54,4%, n=43). Conclusiones: Aunque solo se identificó agente etiológico en un número reducido de participantes con alta sospecha de IRA viral no debería justificarse terapia antimicrobiana en los mismos. Por otro lado, se debe considerar futuras investigaciones priorizando la búsqueda de otros virus como rinovirus coronavirus bocavirus humano metapneumovirus humano virus sincitial.

Palabras clave: Infecciones del Sistema Respiratorio, niño

SÍNTESIS BIOGÉNICA DE NANOPARTÍCULAS DE PLATA MEDIADA POR ACTINOMICETOS MARINOS Y SU ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA

Nadia Regina Galindo Cabello¹, Junior Caro Castro¹, Jorge León Quispe¹

¹ *Laboratorio de Ecología Microbiana - Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú*

Objetivo: evaluar la síntesis biológica de nanopartículas de plata (AgNP) mediada por actinomicetos marinos y su actividad antimicrobiana frente a bacterias patógenas de origen clínico. Métodos: se evaluaron 27 cepas de actinomicetos marinos procedentes de la colección del Laboratorio de Ecología Microbiana, a los cuales se les realizó la prueba de reducción de nitrato de potasio usando el reactivo de Griess; seguidamente se realizó la producción de biomasa bacteriana en caldo marino (CM) y caldo almidón caseína (CAC); luego se separó el caldo de la biomasa y se reservaron en frascos estériles. Para la síntesis de nanopartículas se evaluaron la biomasa y el caldo; mezclándolas con solución de AgNO₃ (1mM) a 120 rpm en oscuridad, realizándose el monitoreo a las 0, 24, 48, 72 y 240 horas, midiendo la absorbancia en el rango de 300 a 600 nm, usando un espectrofotómetro UV-Visible. La actividad antimicrobiana fue evaluada por el método de difusión en pocillos en agar. Resultados: De las 27 cepas evaluadas, 8 mostraron reacción positiva para la actividad reductora de nitratos, siendo las cepas EIIB, I434C y Arg1-II las más positivas. Las biomásas y caldos de estas cepas variaron su forma y tamaño según el medio de cultivo; siendo I434C la que obtuvo mayor biomasa 2,18 g (CM) y 2,11 g (CAC). La mayor síntesis de AgNP fue a partir de la cepa EIIB en CM presentando variación de color a pardo a partir de las 24 horas de incubación con la solución de, luego esta coloración se fue intensificando a las 48, 72 y 240 horas; así mismo en las lecturas al espectrofotómetro se formaron picos característicos en el rango de 425 a 435 nm. La actividad antimicrobiana registró un incremento de los halos de inhibición en las alícuotas al tiempo de 72 horas. Conclusiones: en la presente evaluación se ha logrado demostrar la biosíntesis de nanopartículas de plata mediada por el actinomiceto marino cepa EIIB (*Streptomyces* sp.) los cuales mostraron actividad antimicrobiana; sin embargo, se requiere evaluar otras cepas y patógenos, así como caracterizar el tipo de nanopartículas sintetizadas.

Palabras clave: Biosíntesis, plata, Streptomyces, antimicrobianos

SECUENCIAMIENTO DE GENOMA COMPLETO EN EL ESTUDIO DE CEPAS DE MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS EXTENSAMENTE DROGORRESISTENTES (TB-XDR) EN EL PERÚ

Elias Santos¹, Zully Puyén¹

¹ *Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú*

Objetivo: *Mycobacterium tuberculosis* es la bacteria causante de la tuberculosis, una de las enfermedades más importantes de salud pública en el Perú. Por su parte, la drogorresistencia

que presentan los aislamientos de TB ha ido en aumento y es así que el secuenciamiento de genomas completos de los perfiles extensamente drogorresistentes (TB-XDR) son de gran importancia para el entendimiento de las bases genéticas y evolutivas de este tipo de aislamientos. Métodos: el DNA genómico fue obtenido a partir de 15 cepas TB-XDR, aisladas durante los años 2013 al 2015, del Laboratorio de Referencia Nacional de Micobacterias del Instituto Nacional de Salud. Los genomas completos fueron secuenciados utilizando la plataforma Illumina-MiSeq. Para el análisis de las secuencias se adicionaron 15 genomas de Linajes conocidos, incluyendo la cepa TB-XDR secuenciada en la región de KwaZulu-Natal (KZN-506) de Sudáfrica. Las relaciones filogenéticas fueron realizadas mediante el algoritmo "Maximum-Likelihood" con un soporte estadístico de 1000 "bootstrap" a través del programa RaxML v8.2, y utilizó todos los SNPs detectados a lo largo del genoma, con excepción de aquellos contenidos en la familia genética PE/PPE. Resultados: de los aislamientos nacionales (15), las mutaciones de resistencia más frecuentes detectadas para la rifampicina fueron rpoB S450L y rpoB S435V; para la isoniacida fueron katG S315T, inhA C-15T, inhA G-17T; para la kanamicina/capreomicina fueron rrs A1401G y para la levofloxacina fueron gyrA G88A, gyrA A90V, gyrA S91P, gyrA A94G, gyrA D94G y gyrA D94A. Se obtuvieron un total de 3028 SNPs entre todos los genomas, resaltándose la presencia de tres regiones genómicas con la mayor cantidad de los mismos; y se detectaron 283 SNPs compartidos entre las 15 cepas. Catorce aislamientos (93,3%) se agruparon dentro del Linaje Euro-americano, de los cuales cinco mostraron una alta proximidad filogenética con la cepa sudafricana KZN-506. Por otro lado, solo un aislamiento se agrupó en el Linaje este-asiático. Finalmente, el análisis de presión evolutiva demostró que los genomas TB-XDR nacionales se encuentran bajo el efecto de una selección conservadora. Conclusiones: el estudio resalta la importancia del uso del secuenciamiento de Genoma Completo como una herramienta de análisis de alto poder resolutivo de las cepas de *Mycobacterium tuberculosis* extensamente drogorresistentes en estudios epidemiológicos, evolutivos y de diagnóstico en nuestro país.

Palabras clave: Mycobacterium tuberculosis, genoma bacteriano, farmacoresistencia microbiana

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR POR WGS-MLST PARA DETERMINAR LA DIVERSIDAD DE ESPECIES DE LEPTOSPIRA EN PERÚ

Manuel Ramírez¹, Sandra Villar, Patricia García, Lourdes Balda, Angélica Delgado, Ever Córdova, Luis Bárcena, John Calderón, Abigail Gutiérrez, Rosa Zúñiga, Jorge Zevallos, Kevin Delgado, Dana González, Manuel Céspedes¹, Milagros Zavaleta, Jorge Alarcón²

¹ *Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú*

² *Centro de Investigaciones Tecnológicas, Biomédicas y Medioambientales, Perú*

Objetivo: caracterizar molecularmente las *Leptospiras* circulantes, en aislamientos obtenidos de muestras

animales y humanas, mediante el análisis de WGS-MLST de genomas de *Leptospiras* en el Perú. **Métodos:** ciento once muestras fueron incluidas en el estudio extraídas y secuenciadas por el laboratorio de Zoonosis Bacteriana del Instituto Nacional de Salud (INS). Las librerías se construyeron a partir del ADN genómico. Se ensamblaron las lecturas (reads) con el programa a5_pipeline el reordenamiento de las lecturas ensambladas (contigs) con el programa CONTIGuator para su posterior anotación con el programa PROKKA. La identificación de loci (glmU pntA sucA tpiA pfbK mreA y caiB) para MLST se realizó con el programa mlst_check (lenguaje Perl). La identificación del tipo de secuencia (ST) con el uso del sitio web del pubMLST (<http://leptospira.mlst.net/>). La extracción y concatenación de loci se realizaron manualmente. El alineamiento múltiple identificación de sitios polimórficos y la construcción de árboles filogenéticos por maximum likelihood se realizaron con los programas Seaview PhyML. Resultados: se obtuvieron en promedio 346 contigs 4,29 Mpb en tamaño cobertura de 51,67X y contenido de GC de 37,1% de las muestras secuenciadas. Adicionalmente en promedio se obtuvieron 3687 proteínas. El análisis de los loci mostró valores entre 97% a 100% de identidad con las secuencias del pubMLST. Obteniéndose noventa muestras caracterizadas como patogénicas. Los valores ST dieron como resultado seis especies: *L. borgpetersenii* *L. interrogans* *L. kirschneri* *L. noguchi* *L. weilii* y *L. santarosai*. Adicionalmente se obtuvieron la predicción serológica para las muestras patogénicas: *Alice Argentinensis* *Atchafalaya Australis* *Babudieri* *Ballum Bataviae* *Beye Borincana* *Butembo Canalzonae* *Canicola Copenhagen/Icterohaemorrhagiae* *Djasiman Fortbrag* *Grippotyphosa Huallaga Jalna Javanica* *Nicaragua Pomona Pyrogenes Saxkoebing Tarassovi Tropica* *Vughia* y *Wolffi*. Las secuencias para MLST que contengan los loci completos y concatenados fueron incluidas en el desarrollo del árbol filogenético. *L. interrogans* (54,4%), *L. noguchi* (24,4%), *L. santarosai* (24,4%) fueron las especies con mayor frecuencia. Conclusiones: con el uso de WGS-MLST fue posible realizar un ensayo analítico y sensible para la identificación de MLST. Adicionalmente, la identificación de las especies patogénicas se pudo realizar directamente de muestras de animales y humanos. En resumen, WGS-MLST representa una rápida herramienta para la caracterización de *Leptospira*.

Palabras clave: Estructura molecular, leptospira, filogenia

116

SEROPREVALENCIA DE ANTICUERPOS IGM E IGG A LA ENFERMEDAD DE ARAÑAZO DE GATO Y FACTORES ASOCIADOS A LA INFECCIÓN

Giovanna Mendoza Mujica¹, Yanina Zárate Sulca¹, Karen Daphne Calvay Sánchez¹, Ysabel Fernandez Silva¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: determinar la seroprevalencia de anticuerpos IgM e IgG a la enfermedad de Arañazo de gato y factores

de riesgo asociados a la infección. Métodos: estudio descriptivo transversal, mediante el análisis de los resultados del diagnóstico serológico de la enfermedad de arañazo de gato, ingresados en el sistema informático NETLAB. El serodiagnóstico se realizó mediante el método de Inmunofluorescencia Indirecta in house diseñado y desarrollado por el Laboratorio de Metaxénicas Bacterianas para la detección de anticuerpos IgM e IgG contra *Bartonella henselae*. Paralelamente se revisaron las fichas clínicoepidemiológicas de los pacientes con signos y síntomas compatibles a la enfermedad que solicitaron el diagnóstico durante el año 2017. El análisis de los datos se realizó utilizando el software estadístico SPSS 23. Resultados: se estudió 205 muestras de suero sanguíneo de pacientes que presentaron síntomas clínicos compatibles a la enfermedad, encontrándose una seroprevalencia de anticuerpos IgM e IgG de 53,7% y 67,8 %, respectivamente (p <0,05). La población más vulnerable incluye a menores de edad entre 6 a 15 años que presentaron títulos de anticuerpos IgM (64,5%) e IgG (64,7%) (p<0,05). El 76,4% de los individuos con títulos positivos para IgM y el 78,8 % de individuos con títulos positivos a IgG tuvo como principal factor de riesgo asociado el contacto cercano con gatos (p<0,05). Del total de pacientes que presentaron títulos de anticuerpos de fase aguda (IgM), 59,1% y 76,4% presentaron como síntomas clínicos adenopatía y fiebre (p<0,05). Conclusiones: se encontró una relación estadísticamente significativa de la Enfermedad de Arañazo de Gato asociada a la edad del paciente, sintomatología clínica y factor de riesgo asociado al contacto cercano con gatos.

Palabras clave: *Bartonella henselae*, Enfermedad por Rasguño de Gato, prevalencia

117

CARACTERÍSTICAS DE ATENCIÓN EN TRIAJE DEL SERVICIO DE EMERGENCIA-ADULTOS DE UN HOSPITAL TERCIARIO

Giovanna Infante Reyes Lucia¹, María Yolanda Carhuancho Vásquez¹

¹Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú

Objetivo: describir las características y los principales motivos de consultas según prioridades (I II III y IV) de las atenciones en el Triage de Emergencia – Adultos en el Hospital Cayetano Heredia (HCH), estimar el porcentaje de consultas consideradas emergencias, el porcentaje de pacientes con indicación de hospitalización en Tópico y Trauma Shock y el tiempo en que fue derivado el paciente al servicio. Métodos: Estudio descriptivo y retrospectivo que se llevó a cabo en pacientes mayores de 14 años que cumplían con los criterios de inclusión y exclusión, que ingresan al Servicio de Emergencia– Adultos a través del área de Triage del HCH en el transcurso de octubre y noviembre 2014, la información fue tomada de la base de datos de Triage a través de una ficha de recolección. Resultados: se incluyeron 360 pacientes, con predominio del sexo femenino (56,1%), la mayoría procedían del distrito de San Martín de Porres

(36,9%), cuya edad promedio fue de 40,3 años, el tiempo promedio de atención en Triage de 2,1 min, la mayoría derivados al Tópico de Medicina (38,1 %), y en quienes el diagnóstico más frecuente fue dolor abdominal (13,9%). La prioridad de atención más frecuente fue la prioridad II (65,6%). Conclusiones: Los tiempos de atención se encuentran dentro de los estándares según prioridad, con una mayor cantidad de pacientes que ingresan a Tópico de Medicina por dolor abdominal, por lo que se debería prever los recursos necesarios para el área, y así mejorar la atención del servicio.

Palabras clave: Triage, Emergencias, Clasificación

118

FACTORES AMBIENTALES COMO DETERMINANTES EN EL AUMENTO DE CASOS DE DENGUE EN PIURA, CONTEXTO EL NIÑO COSTERO 2017

Bianca Layali Obregón Rivera¹, Ana Paula López Minchán¹, María Paquita García Mendoza¹, Manuel Céspedes Zambrano¹, Luisa Sterponi², Julio Villafuerte Osambela³, Pedro Riega López¹, Nancy Susy Merino¹, Adolfo Marcelo Ñique¹, Dana Figueroa Romero¹, Marco Coaguila Mamani¹, Carlos Holguín Mauricci⁴, Brenda Milagros Morales Tapia⁴, Edward Pozo⁵, César Cabezas Sánchez¹

¹ Instituto Nacional de Salud, Perú

² Pontificia Universidad Católica del Perú, Perú

³ Sistema de Vigilancia Amazónico y Nacional, Perú

⁴ Laboratorio de Referencia de la Región Piura

⁵ Dirección de Epidemiología – Región Piura, Perú

Objetivo: identificar factores ambientales y sus patrones espacio-temporales asociados al incremento de casos de dengue en Piura en 2016–2017. Métodos: estudio descriptivo comparativo enmarcado en el método epidemiológico que busca la causalidad entre factores ambientales (temperatura máxima, precipitaciones e inundaciones) y el número de casos de dengue mediante la asociación estadística, en el periodo enero a setiembre del 2016 y 2017. El análisis espacial se llevó a cabo utilizando el Índice de Moran y el análisis temporal mediante el coeficiente de correlación de Spearman, ambos desarrollados en los softwares ArcGIS 10.4 y SPSS, respectivamente. Se utilizaron los datos registrados en el sistema informático NETLAB, cuyo diagnóstico fue realizado por el laboratorio de Metaxénicas Virales del INS; información de los registros históricos de estaciones meteorológicas del SENAMHI ubicadas en Piura, e imágenes satelitales de zonas de inundación del satélite Copernicus de la de la Unión Europea. Resultados: se identificó un incremento al 81% de casos con diagnóstico positivo a Dengue en el periodo enero-setiembre del 2017, la precipitación acumulada aumentó en un 370% y las temperaturas variaron mínimamente respecto al 2016. Las áreas de inundación en marzo-abril del 2017 se encuentran cerca de distritos de mayor reporte. Existe correlación alta directamente proporcional entre los casos positivos ocurridos 4 semanas posteriores a las precipitaciones y la precipitación acumulada pues los resultados del coeficiente de Spearman

para el 2016($r^2=0,453$) y 2017 ($r^2=0,839$) son mayores a 0 con más del 95% de confianza. La variable temperatura máxima mostró una correlación alta en el 2017($r^2=0,789$) mas no en 2016 ($r^2=0,298$). Existe auto correlación espacial estadísticamente significativa en la distribución de casos de Dengue en 2016 (Índice de Moran: $z=3,61$ y $p<0,01$), caso contrario en el 2017 hay una distribución aleatoria ($z=-0,16$ y $p=0,86$) que evidencia la mayor propagación de Dengue. Conclusiones: el fenómeno del Niño Costero implicó un aumento de precipitación acumulada al 370% y un aumento de casos positivos al 81% en el periodo enero-setiembre del 2017. La precipitación presenta una asociación mayor a la de la temperatura, siendo la primera un determinante en la ocurrencia del incremento de casos.

Palabras clave: Dengue, El Niño Oscilación del Sur, Intensidad de Precipitación, temperatura ambiental

119

NIVEL DE CONOCIMIENTO SOBRE PRIMEROS AUXILIOS EN MADRES DE NIÑOS DEL NIVEL INICIAL EN UN DISTRITO DE LIMA, PERÚ

Díaz- Sánchez J.¹, Díaz- Aguirre D.¹, Castillo- Portilla M.¹, Salinas- Vitonera C.¹

¹ Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú

Objetivo: describir el nivel de conocimiento sobre primeros auxilios en madres de niños del Nivel Inicial del Distrito de San Martín de Porres en Lima. Método: estudio observacional descriptivo. La población fue conformada por 350 madres. Se utilizó un cuestionario elaborado por las investigadoras y validado por un juicio de expertos; compuesto por información demográfica y preguntas de primeros auxilios. El nivel de conocimiento se categorizó según la cantidad de preguntas respondidas adecuadamente: “aceptable” a mayor de 13 aciertos, “regular” de 11 a 13 y “malo” a menor de 11. En las variables categóricas se utilizó frecuencias y porcentajes las variables numéricas se resumieron con una medida de tendencia central y dispersión. Resultados: El 71,1% obtuvo un nivel de conocimiento menor a lo aceptable. La mediana de la edad fue de 28 años y el 68,1% de las madres realizó estudios posteriores al nivel secundario. El 59,7% representó a las madres que se capacitaron y el motivo fue porque era obligatorio en el colegio / universidad/trabajo y corresponde al 68,1%. El 40% de las participantes no llevó un curso de primeros auxilios, el principal motivo fue porque no se lo habían planteado. Respecto a la frecuencia de respuestas respondidas adecuadamente según el tema; reanimación cardiopulmonar fue el tema en el que el 70% de las madres respondieron una o menos de las preguntas asignadas, en comparación al tema de intoxicaciones (78,5% respondió dos o más preguntas). Conclusiones: las madres tienen un nivel de conocimiento menor a aceptable. Se recomienda capacitar a las madres en primeros auxilios para disminuir las secuelas y dar tiempo a personas expertas para la atención prehospitalaria ante una urgencia o emergencia.

Palabras clave: Primeros auxilios, madres, conocimientos, actitudes y práctica en Salud.

ASLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE NEISSERIA GONORRHOEAE MULTIDROGO RESISTENTES EN EL PERÚ

Ana Jorge Berrocal¹, Abraham Espinoza Culupú¹, Maritza Mayta Barrios¹, Fabiola Salazar Quispe¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: evaluar el perfil genotípico de resistencia en aislados clínicos de *Neisseria gonorrhoeae*, frente a quinolonas, betalactámicos y macrólidos. Método: se seleccionaron 10 aislados de cepas de *Neisseria gonorrhoeae* (2013-2016), fenotípicamente resistentes a los antibióticos señalados y se procedió a extraer el DNA genómico usando el Kit PureLink® Genomic DNA (invitrogen TM), se amplificaron las regiones determinantes de resistencia empleando oligonucleótidos para los genes relacionados a la resistencia de quinolonas: (*gyrA*, *gyrB*, *parC* y *parE*), a Betalactámicos (*penA*, *ponA*, y *pilQ*), y macrólidos (*RplD*). Los productos de PCR fueron visualizados en un gel de agarosa al 1,5%, luego se purificaron y cuantificaron para hacer la reacción de secuenciamiento bidireccional con Big Dye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit de Applied Biosystem para el analizador 3500 xL. Los cromatogramas se analizaron empleando programas bioinformáticos: BioEdit 7.0 y MEGA 5.2 y CLUSTALW 2.1 para determinar las posibles mutaciones en las secuencias. Resultados: frente a la resistencia a quinolonas se ha identificado un clon con mutaciones en los 3 genes blancos de las quinolonas *gyrA*, *parC* y *parE*. En el caso de *GyrA*, se identificaron las siguientes mutaciones Ser 91 Phe, Asp 95 Gly; para el gen *parC* se observaron las mutaciones Glu 91 Gly, Ser 87 Arg y mutaciones para el gen *parE* Arg 427 His antes no reportadas; frente a penicilina se observaron mutaciones en Asp 345 Ala, Phe 504 Leu, Ala 510 Val, Ala 516 Gly y His 541 Asn. Mediante el análisis de las secuencias aminoacídicas para el gen *penA* nos permitió clasificar a los aislados dentro de diferentes mosaicos ya estandarizados (XXII, V, II, XIV, XIX), también hemos encontrado una mutación en tres aislados Ala 501 Thr correspondiente a cepas resistentes a cefalosporinas de amplio espectro. Conclusiones: se observaron dos cepas multidrogo resistentes nunca antes reportadas para los tres antibióticos estudiados. Para las quinolonas se presentaron las mutaciones antes mencionadas para los genes *gyrA*, *parC* y *parE*. Estas mutaciones le confieren resistencia a un grupo amplio incluso hasta las de cuarta generación quedando sin efecto el tratamiento

Palabra clave: *Neisseria gonorrhoeae*, aislamiento, farmacoresistencia microbiana

PRESENCIA DE GENES TEM-135 Y TEM-220 EN CEPAS DE NEISSERIA GONORRHOEAE PORTADORAS DE PLÁSMIDO DE RESISTENCIA A BETALACTAMICOS

Ana Jorge Berrocal¹, Maritza Mayta Barrios¹, Abraham Espinoza Culupú¹, Fabiola Salazar Quispe¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: determinar la presencia de genes TEM-135 Y TEM-220 en cepas de *Neisseria gonorrhoeae* portadoras del plásmido de resistencia a Betalactámicos. Métodos: se reactivaron cepas de *Neisseria gonorrhoeae* aisladas de pacientes referidos al Laboratorio de BTS del INS durante los años 2011 - 2016; confirmadas por cultivo microbiológico y API-NH. Se realizó la concentración inhibitoria mínima (MIC) para determinar fenotípicamente la resistencia a Penicilina, según el "Clinical & Laboratory Standards Institute" (CLSI) 2017, y a aquellas cepas con mayor resistencia, se les realizó una extracción de ADN plasmídico mediante el método de Lisis Alcalina - Duodecil Sulfato Sódico (SDS). Se procedió a realizar una PCR convencional para determinar la presencia de los genes de resistencia TEM-135 y TEM-220, los cuales fueron visualizados mediante una electroforesis en gel de Agarosa al 2% usando un fotodocumentador y el programa E-Capt. Resultados: de las cepas reactivadas, 36 presentaron valores de resistencia a penicilina mayores a 2 ug/mL, según puntos de cohorte del CLSI 2017; de los cuales 12 cepas (33,3%) presentaron el gen TEM-135 y 3 cepas (8,3%) el gen TEM-220, confirmadas por la amplificación de un fragmento de 232 bp para TEM-135 y 204 bp para TEM-220, respectivamente. Este estudio muestra la primera evidencia de genes TEM-135 y TEM-220 en aislados de *Neisseria gonorrhoeae* en el Perú. Conclusiones: la presencia de genes TEM-135 y TEM-220 en plásmidos circulantes en nuestro país y la asociación de TEM-135, como posible precursor directo de una BLEE conllevan a una necesidad de realizar estudios de vigilancia y de epidemiología molecular para evaluar la distribución de los aislados en la población.

Palabras clave: *Neisseria gonorrhoeae*, plásmidos, beta-Lactamasas

PROPAGACIÓN DE LOS SEROTIPOS DE DENGUE EN EL PERÚ, 2010 – 2017

Cristian Edison Obregón Cahuaya¹, Pedro Riega López¹, Dana Figueroa¹, Paquita García¹, Sonia Gutierrez¹

¹Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

Objetivo: identificar corredores y presencia de estacionalidad en la circulación de los serotipos de dengue se realizó mapas de calor de los serotipos de dengue según departamento,

año y mes. Métodos: se realizó un estudio descriptivo de la distribución geográfica y temporal de las muestras confirmadas de dengue por los métodos de RT-PCR y Aislamiento y Tipificación Viral registradas en el NETLAB entre los años 2010 y 2017 (hasta el primero de octubre) por el Laboratorio Nacional de Referencia del INS. Las bases de datos exportadas del sistema en formato Excel fueron consolidadas en el formato rda del software estadístico R versión 3.3.0, donde se realizó la limpieza y estructuración de la base de datos para efectos del estudio. Resultados: entre los años 2010 y 2017 se presenta un cambio en la distribución geográfica y temporal de los serotipos de dengue. Del 2010 al 2013 los serotipos 1 y 4 circulaban en la mayoría departamentos, a partir del año 2014 la propagación del serotipo 1 se acentuó en los departamentos del norte y en Madre de Dios solo el serotipo 4. Desde el 2011, el serotipo 2 se propagó en diferentes departamentos, desplazando al serotipo 1 hasta la actualidad. El patrón de propagación en los serotipos 2 y 3 es el mismo en los departamentos de la costa norte a partir del año 2014. Conclusiones: la distribución geográfica y temporal es una estrategia que identifica y dimensiona la circulación de los serotipos de dengue en los departamentos, y orienta la estrategia de control en zonas con la presencia de más de un serotipo circulante.

Palabras clave: Dengue, Perú

123

VIGILANCIA DE LA RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE NEISSERIA GONORRHOEA, EN 7 REGIONES DEL PERÚ

Ana Jorge Berrocal¹, Maritza Mayta Barrios¹, Mery Vargas Lira¹, Fabiola Salazar Quispe¹, Marleny Tello Minaya², Manuel Melo Espinoza², Ysabel Tarazona Reyes³, Elsa Palomino Balbín⁴, Esther Quispe Germán⁵, Enriqueta Dongo Rojas⁶, Virginia Bedón Yzaquirre⁷

¹ Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Perú

² C. S Tahuantinsuyo Bajo, Perú

³ C. S Raul Patruco Puig, Perú

⁴ Hospital Nacional Dos de Mayo, Perú

⁵ C. S Surquillo, Perú

⁶ C. S Gustavo Lanatta Luján, Perú

⁷ C. S Alberto Barton, Perú

Objetivo: describir el estado actual de resistencia antimicrobiana y características fenotípicas de Neisseria gonorrhoeae en 7 regiones del Perú. Métodos: se procesaron 54 cepas que corresponden a la vigilancia centinela basada en la recolección de muestra e información en establecimientos centinelas como CERITS y/o UAMPs, Hospitales representativos de las regiones Ancash, Ayacucho, Madre de Dios, Lima, Callao, Loreto, Ucayali, procedentes de población hombres y mujeres de alto riesgo y/o general mayores o iguales a 18 años. Se recibieron cepas de los 12 centros centinela de las diferentes regiones, a cuyos aislamientos se le realizó la identificación del agente por el método convencional identificación bioquímica por carbohidratos (CTA) y/o la prueba comercial API NH;

la determinación de la susceptibilidad antimicrobiana se realizó por el método de Concentración Inhibitoria Mínima por dilución en agar (CIM) utilizando antibióticos en polvo como Penicilina, Tetraciclina, Ciprofloxacino, Azitromicina, Cefixima, Ceftriaxona, Espectinomicina. Resultados: de un total de 54 cepas identificadas y procesadas por el método de CIM por dilución en agar se puede observar resistencias elevadas hasta de 90,7%(49) a ciprofloxacino, 88,9%(48) para penicilina y tetraciclina, azitromicina en un 25,9%(14), 3,7%(2) a ceftriaxona y cefixima, así mismo se observa 100% de sensibilidad para espectinomicina. A partir de los resultados obtenidos del CIM se determinó los siguientes fenotipos: PPTRNG/QRNG/AZRNG 7,4% (4), PPNG/CMTR/QRNG 1,9% (1), CMRNG/QRNG 35,1% (19), PPTRNG/QRNG 18,5% (10), PPNG/QRNG 18,5% (10), PPNG/QRNG 1,9%(1), TRNG/QRNG 1,9% (1) CMRNG/AZRNG 1,9%(1), QRNG5,6% (3), CMRNG 5,6% (3). Conclusiones: no se recomienda el uso de quinolonas (ciprofloxacina) para tratamiento de Neisseria gonorrhoeae debido a la alta resistencia, se evidencia resistencia a azitromicina en la cuarta parte de cepas procesadas, así mismo resistencias mínimas a cefixima y ceftriaxona. Los fenotipos de resistencia son plasmídica y cromosómica.

Palabras clave: Farmacorresistencia Microbiana, Neisseria gonorrhoeae, fenotipos.

124

IMPACTO DE LAS INUNDACIONES EN LA SALUD: UNA REVISIÓN SISTEMÁTICA Y METAANÁLISIS

L. Max Labán-Seminario¹, JM Fernández-Chinguel², Hugo C. Bustamante³, Natali Loayza-Salvatierra⁴, Alexander Gutierrez-Alva⁵, Antonio M. Quispe⁶

¹ Universidad Nacional de Piura, Facultad de Ciencias de la Salud, Perú

² Universidad San Martín de Porres, Filial Norte, Perú

³ Universidad Nacional de Cajamarca, Facultad de Medicina Humana, Perú

⁴ Universidad Nacional de Trujillo, Facultad de Medicina Humana, Perú

⁵ Universidad Nacional del Santa, Facultad de Medicina Humana, Perú

⁶ Grupo de Investigación Biomédica, Web Med Research, Perú.

Objetivo: determinar el impacto de las inundaciones causadas por lluvias en la salud, y un metaanálisis para examinar la asociación entre la inundación y el trastorno de estrés posttraumático (TEPT). Métodos: se realizaron dos búsquedas bibliográficas independientes en las bases de Cochrane, Embase, Medline, Scopus y WOS hasta mayo del 2017. Cada búsqueda abarcó artículos sobre el impacto de la inundación en la salud y la asociación entre inundación y TEPT, respectivamente. Los artículos recopilados fueron distribuidos entre cinco revisores, quienes evaluaron la elegibilidad de los artículos, de acuerdo, a los criterios de inclusión (artículos originales que utilizaron indicadores de salud: mortalidad, morbilidad, lesiones, epidemias, ansiedad y TEPT). Se evaluó la calidad de los estudios a través de un sistema de puntaje metodológico [0:8]. Se estandarizó el tamaño de

efecto de cada estudio. Se procedió a realizar el metaanálisis para calcular el tamaño de efecto total de la asociación entre la inundación y TEPT. Se exploró la heterogeneidad entre los estudios. Resultados: Se encontraron 1,489 artículos de los cuales se revisaron 634 resúmenes entre estos 27 artículos cumplieron con los criterios de inclusión de estos 18 tenían datos para el metaanálisis. La mayoría de los estudios se realizaron en EE.UU., India y África. La valoración de calidad de los estudios tuvo un promedio de 6 puntos [5:8]. Un total de 79,556 individuos entre militares, mujeres, adolescentes, adultos mayores, niños y personas convalécientes, fueron incluidos en los 27 estudios transversales. Estos reportaron inundaciones severas e intensas. El impacto de la inundación en la salud incluyó enfermedades infecciosas, principalmente Leptospirosis y problemas de salud mental, entre estos signos depresivos, signos de ansiedad, signos de TEPT e ideación suicida. Un total de 5,900 personas fueron diagnosticadas con TEPT después de la inundación. El tamaño de efecto agrupado fue 0,08 (Intervalo de Confianza al 95%:0,08-0,0) con heterogeneidad marcada ($I^2=0,0\%$). Conclusiones: El impacto en la salud de las inundaciones es muy heterogéneo teniendo como su efecto más importante el incremento de los TEPT y las enfermedades infecciosas y dermatológicas. Consecuentemente, es importante que se realicen más estudios dirigidos a medir estos efectos, pero sobre todo cómo prevenirlos y mitigarlos.

Palabras clave: Inundaciones, salud pública, mortalidad, morbilidad, epidemias, evaluación del impacto en la salud, salud mental.

125

NEUTRALIZACIÓN DE LETALIDAD EN RATONES (MUS MUSCULUS) DEL VENENO DE SERPIENTE (BOTHROPS ATROX) POR SUERO HIPERINMUNE DE LLAMA (LAMA GLAMA)

Colque E¹, Bailon H¹, Yaniro V¹, Tintaya B², Lévano J¹, Montejo H¹, Leiva J¹, Cáceres O¹, Padilla C¹, García D¹, Celis M¹, Galarza M¹, Bonilla C², Seraylan S², Inga R², Ventura G¹

¹Centro Nacional de Salud Pública. Instituto Nacional de Salud (INS). Lima. Perú.

²Centro Nacional de Producción de Biológicos. (INS). Lima. Perú.

Objetivo: analizar la capacidad de un suero hiperinmune de llama (Lama glama) para neutralizar la letalidad del veneno de B. atrox en ratones. Métodos: se inmunizó una llama (Lama glama) con el veneno de B. atrox (0,5-4 mg.) junto al adyuvante Gerbu (50%), y se colectó el suero a partir de la sangre total. Se analizó el título de anticuerpos en el suero en cada dosis de inmunización. Se determinó la dosis letal media (LD50) del veneno de B. atrox en ratones BALBc, y se evaluó la capacidad del suero hiperinmune de llama para neutralizar la letalidad de 3 veces la DL50 en ratones. Esta investigación se realiza en el Instituto Nacional de Salud, con el financiamiento de CIENCIACTIVA. Resultados: La dosis letal media (DL50) del veneno de B. atrox fue 3,96 ug/g ratón (IC 95%, 3,57 – 4,38), correlación probits R2

0,99. El título de anticuerpos se incrementó rápidamente desde la segunda dosis de inmunización, y este título no se incrementó luego de varias dosis siguientes. La potencia de neutralización del suero hiperinmune fue baja luego de las 6 primeras dosis, pero se incrementó luego de 4 dosis de refuerzo de inmunización. La dosis efectiva media (DE) del suero inmune fue 3,30 uL/g ratón (IC 95%, 2,90 – 3,86) y la potencia de neutralización 3,6 mg/ml. Conclusiones: El suero hiperinmune de llama es capaz de neutralizar la letalidad del veneno de B. atrox en ratones BALBc. 1 ml de este suero hiperinmune es capaz de neutralizar 3,6 mg. de veneno. Para conseguir una mayor potencia del suero inmune es necesario un refuerzo de la inmunización.

Palabras clave: neutralización, Lama glama, letalidad, suero, veneno

126

DESARROLLO DEL QUERY PARA EL REPORTE AUTOMÁTICO DE CASOS CONFIRMADOS DE DENGUE, ZIKA Y CHIKUNGUNYA A PARTIR DEL NETLAB V1

Juan Muga Rivera¹, Sonia Gutierrez Gonzales¹, Cristian Obregón Cahuaya¹, Brenda Cáceres Mejía², Julia Espinoza Soto¹, Pedro Riega López¹

¹Instituto Nacional de Salud, Perú

²Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas, Perú

Objetivo: la Cadena de Consulta o “QUERY”; es una herramienta para la gestión de información que permite hacer análisis según configuración. El SIL NETLAB, registra datos por muestra, generando múltiples registros por paciente, dificultando el análisis de información desde el enfoque sanitario y epidemiológico. El objetivo de este desarrollo es automatizar la limpieza de datos del reporte del resultado confirmatorio, para reducir tiempo del análisis de información para toma de decisiones. Métodos: se elaboró, el flujo de procesos; configuración y descripción de un algoritmo en una lógica de negocio, para la emisión del resultado confirmatorio por paciente unificado, para las enfermedades de dengue, zika y chikungunya. Se utilizó para su desarrollo los “scripts” utilizando SQL Server 2008 R2, que mediante la codificación en lenguaje de programación son configurados para ejecutar automáticamente una interpretación previamente definida con los especialistas clínicos. Las condicionantes utilizadas para la limpieza y unificación de pacientes duplicados fueron el documento de identidad, apellido paterno, materno y nombre(s). Además, para la búsqueda y obtención de resultados por paciente fueron, el examen de cada muestra, mes y año, considerando las últimas 06 muestras y los resultados por paciente dentro del periodo de los últimos 90 días de haberse obtenido las muestras. Resultados: Se ha estandarizado y configurado algoritmos mediante el lenguaje de programación, para las enfermedades de dengue, zika y chikungunya, permitiendo reducir el tiempo de limpieza manual de los datos. Con respecto a la base de datos de dengue se acortó el tiempo de 8 horas a 25 minutos para una cantidad almacenada de datos entre 30,000 - 45,000

registros; para el caso de zika de 6 horas a 2 segundos para una cantidad almacenada de datos correspondiente a 9800 registros y para el caso de chikungunya de 6 horas a 3 segundos para una cantidad almacenada de datos correspondiente a 11,500 registros. La relación es que cuanto menor sean los datos analizados, menor será el tiempo empleado. Los scripts desarrollados fueron verificados con los análisis de datos de entrada y salida realizados de manera manual, obteniéndose los mismos resultados en menor tiempo. Conclusiones: El desarrollo del QUERY para la automatización del reporte de resultados de algunas arbovirosis antes mencionadas, ha demostrado ser una herramienta útil en la disminución del tiempo de horas/hombre, evitar errores en la limpieza de datos, y contar con datos confiables para elaborar indicadores de oportunidad de resultados.

Palabras clave: dengue, zika, chikungunya, registros electrónicos de salud

127

CO-CIRCULACIÓN DE DOS SEROTIPOS DE VIRUS DENGUE Y CO-INFECCIÓN POR VIRUS CHIKUNGUNYA REGIÓN DE PIURA, PERÚ, 2017

García M¹, Donaires L¹, Figueroa D¹, Ñique A¹, Merino N¹, Holguín C², Morales B², Pozo E³, Coaguila M¹, Cabezas C¹

¹ Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Lima, Perú

² Laboratorio de referencia regional, Piura

³ Dirección Regional de Epidemiología, Pira

Objetivo: desde 1990, el DENV se ha expandido en el Perú, siendo Piura una de las áreas de mayor transmisión en los últimos años. Desde el 2015 se ha reportado transmisión autóctona del CHIKV en Tumbes y Piura, al norte del Perú. Considerando que ambas enfermedades son transmitidas por el *Aedes aegypti* y comparten algunas manifestaciones clínicas en su fase aguda, como la fiebre, cefalea, erupciones cutáneas, aunque el chikungunya ha asociado a mayor compromiso articular, es importante el diagnóstico diferencial. Métodos: en el marco de la vigilancia de síndrome febril en las localidades afectadas por las lluvias e inundaciones producidas por el Fenómeno "El Niño Costero" en el norte del país se recibieron 92 muestras, las cuales como parte del protocolo fueron incluidas para su aislamiento viral utilizando cultivo celular VERO (células epiteliales de riñón de *Cercopithecus aethiops*), pruebas moleculares como qRT-PCR y pruebas serológicas para el diagnóstico de DENV y CHIKV por la circulación de ambas etiologías en esta región. Resultados: se confirmó la presencia de DENV-2 en 12 muestras (21%), DENV-3 en 7 (12%), CHIKV en 15 (26%) y co-infección DENV-2 y CHIKV en 1 (2%) y co-infección DENV-3 y CHIKV en 4 (8%) muestras. Así mismo se detectó inmunoglobulina M para dengue y chikungunya en 18 (31%) pacientes. El caso de la co-infección DENV-2/CHIKV corresponde a una paciente de sexo femenino de 58 años de edad que cursó con fiebre,

artralgias, mialgias, cefalea, dolor ocular, dolor lumbar y náuseas. Mientras que el caso de la co-infección DENV-3/CHIKV corresponde a un paciente de sexo masculino de 77 años de edad y 3 mujeres con edades de 23, 34 y 52, los síntomas comunes que presentaron fueron fiebre, artralgias, mialgias, cefalea, dolor ocular y dolor lumbar. Conclusiones: se confirma mediante qRT-PCR la co-infección DENV/CHIKV en dos casos de síndrome febril agudo procedentes de áreas con circulación activa de DENV-2, DENV-3 y CHIKV en la Región Piura, siendo importante el enfoque sindrómico tanto clínico como de diagnóstico de laboratorio, recomendando utilizar pruebas de RT-PCR multiplex en la vigilancia epidemiológica, así mismo evidenciar con aislamiento viral y serología la presencia de ambas etiologías.

Palabras clave: Dengue, chikungunya, coinfección, Perú

128

DISPERSIÓN Y ANALISIS FILOGENETICO DEL VIRUS MAYARO EN EL PERÚ

Marco Coaguila¹, Garcia Maria Paquita¹, Aldo Rojas¹, Dana Figueroa¹, Adolfo Marcelo¹, Susy Merino¹, Connie Fernández², Edwin Tineo³, Heriberto Arevalo⁴, Luis Donayres¹, César Cabezas¹

¹ Instituto Nacional de Salud, Lima, Perú.

² Laboratorio Intermedio de Yurimaguas-Región Loreto, Perú

³ Laboratorio de Referencia de la Región Madre de Dios, Perú.

⁴ Laboratorio de Referencia de la Región San Martín, Perú.

Objetivo: analizar la filogenia de la secuencia parcial de la glicoproteína de la envoltura E2 del virus Mayaro de aislamientos virales de 7 muestras serológicas de pacientes de regiones: Madre de Dios, San Martín y Loreto; detectados por el Laboratorio de Referencia Nacional de Metaxenicas Virales. Métodos: se realizó un estudio descriptivo, analizando la secuencia parcial de la glicoproteína de la proteína E2 de envoltura, para lo cual se aisló el virus en células vero CCL-81, obteniéndose la cepa viral de 7 muestras de suero de pacientes provenientes de las regiones Madre de Dios, San Martín, y Loreto, para luego proceder a extraer el ARN por medio del Kit QIAamp Viral RNA Mini Kit (QIAGEN), siguiendo las indicaciones del fabricante. Para la identificación de los genotipos virales, se utilizó RT-PCR convencional para la amplificación de la región E2/E3 del genoma del MAYV mediante el uso de los primers MayF1 (5' CTTCCCATGTTTCCAACCGAG 3') y MayB2 (5' GCCAGGATAAAGTGTCCATTGTG 3'), estos amplificados posteriormente fueron secuenciados. El análisis de las secuencias de nucleótidos obtenidas, se realizó utilizando el programa Chromas Lite version 2.1 (2012, Technelysium Pty Ltd, South Brisbane, Queensland, Australia). Y para el ensamblaje se utilizó el programa MEGA 6.06, hasta llegar a una secuencia consenso. Resultados: las 7 secuencias del MAYV procedentes de Madre de Dios, San Martín y Loreto durante el año 2017 se agrupan dentro del genotipo D. Seis secuencias de este estudio mostraron estrecha relación con secuencias de MAYV encontrado en Bolivia del año 2006 y Loreto-Yurimaguas 2011. Una secuencia de Madre de Dios a diferencia de las otras secuencias en estudio mostro mayor afinidad con secuencias de MAYV de Bolivia del año

2002 y Venezuela 2010. Conclusiones: en todos los casos se conserva estrecha relación con secuencias de MAYV encontrado en Bolivia. Lo cual sugiere la continua dispersión de MAYV entre Bolivia y el Perú. Nuestros resultados evidencian la necesidad de establecer un sistema de vigilancia genética. Se requiere más estudios de epidemiología molecular para comprender mejor la dispersión de esta infección.

Palabras clave: filogenia, virus Mayaro, Perú

129

PRIMEROS BROTES DE DENGUE (DEN2 ASIÁTICO/AMERICANO) EN DEPARTAMENTO DE ICA Y SU RÁPIDA DISEMINACIÓN ENTRE EL 2016 Y 2017

Miguel Luna Pineda¹, Katherine Arce Elías², Tania Alarcón Falcón¹, Brenda Cáceres Mejía⁷, María Paquita García⁴, Manuel Maurial Arana¹, Yadira Valderrama⁵, Gladys Ramírez Prada^{6,7}, Juliet Suárez Caro⁷ & Luis Suárez Ognio⁷

¹ Oficina de Epidemiología, Dirección Regional de Salud de Ica, Ministerio de Salud. Ica, Perú.

² Hospital de Apoyo Palpa, Dirección Regional de Salud de Ica, Ministerio de Salud. Ica, Perú.

³ Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas (UPC). Lima, Perú.

⁴ Instituto Nacional de Salud (INS). Lima, Perú.

⁵ Centro de Epidemiología, Prevención y Control de Enfermedades (CDC) – Ministerio de Salud

⁶ Oficina de Epidemiología DIRIS Lima Sur. Lima, Perú.

⁷ Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas (UPC). Lima, Perú.

Objetivo: el 2016 se confirmaron casos de dengue en Ica presentándose brotes en las provincias de Ica, en Chincha, Pisco y Palpa donde se presentó un brote explosivo en el contexto del fenómeno climático denominado “Niño Costero” La confirmación fue realizada por el Laboratorio Regional de Referencia y la genotipificación por el Instituto Nacional de Salud (INS). Métodos: la Dirección Regional de Salud (DIRESA) de Ica cuenta con un sistema de vigilancia epidemiológica el cual permitió detectar pacientes con síndrome febril exantemático. Se presenta el análisis descriptivo de los casos sospechosos de dengue (CSD) notificados a la Oficina de Epidemiología de la DIRESA Ica. Los pacientes fueron clasificados según las definiciones de caso oficiales para el Perú. Las muestras de los casos se procesaron en el Laboratorio Regional de Referencia para IgG, IgM, y NS1 para dengue. La genotipificación fue realizada en el INS. Resultados: en el 2016 notificaron 385 CSD, de los cuales se confirmaron 148; el 2017 4855 CSD de los cuales se confirmaron 1638 casos. Todos los casos confirmados correspondieron a DEN2 Asiático/Americano. La incidencia acumulada fue de 5,15 por 100,000 habitantes para el departamento de Ica, siendo para la provincia de Palpa de 92,3 por 100,000 habitantes. El 2016 se clasificaron como dengue con signos de alarma 3 casos (0.78%) no hubo casos graves ni fallecidos. El 2017 se identificó 123 casos de dengue con signos de alarma (2.53%), 7 casos de dengue grave (0.14%) y 3 casos fallecidos (0.06%). El 2016 se presentó el primer brote en el distrito de Pachacútec en la

provincia de Ica y el 2017 un brote “explosivo” en la provincia de Palpa donde se registró la mayor tasa de incidencia. Este brote se presentó en el contexto del fenómeno climático denominado “Niño Costero”. En los siguientes meses se identificaron casos en nuevos distritos, llegando a reportarse casos en 37 de los 42 distritos del departamento. Conclusiones: El dengue es un nuevo problema de salud pública que afecta al departamento de Ica, lo que nos obliga a fortalecer capacidades como la vigilancia epidemiológica y entomológica, así como el control vectorial y la detección y manejo adecuado de casos. Siendo una región donde llueve poco, el principal determinante para la infestación por *Aedes aegypti* es la falta de suministro continuo de agua.

Palabras clave: dengue, epidemiología

130

EVALUACIÓN NEUROLÓGICA DE 14 NIÑOS HIJOS DE MADRES CON ZIKA Y DE 4 NIÑOS CON MICROCEFALIA EN JAÉN, CAJAMARCA, 2016

Ines Caro Kahn^{1,2}, Zoika Villegas Briones³, Gladys Ramirez Prada⁴, Juliet Suárez Caro², Luis Suárez Ognio³

¹ Servicio de neuropediatría, Instituto Nacional de Salud del Niño

² Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas, Lima, Perú

³ Oficina de Epidemiología Sub Región Salud Jaén, Dirección Regional Cajamarca.

⁴ Oficina de Epidemiología DIRIS Lima, Perú

Objetivo: presentar la evaluación neurológica de los primeros 14 niños hijos de gestantes confirmados como Zika y de los casos de microcefalia identificados. Métodos: en mayo 2016 se confirmaron los primeros casos de Zika en la provincia de Jaén. Se realizó un tamizaje en gestantes residentes en la zona donde se identificó casos confirmados, identificándose 36 gestantes a Zika y 4 casos de microcefalia nacidos en la misma zona. Ante la preocupación de la ocurrencia del Síndrome de Zika congénito (SZC), a solicitud de la Dirección Regional de Salud de Jaén, se realizó la evaluación neurológica (EN) de 14 niños hijos de madres positivas a Zika por RT-PCR realizado en el Instituto Nacional de Salud y de 4 niños con microcefalia nacidos en Jaén. Se utilizó el Test de Milani como estándar de la (EN). La evaluación fue realizada por un neurólogo pediatra del INSN. Al momento de la evaluación no se contaba con resultados de laboratorio de los niños. Resultados: de las 36 gestantes, 3 (21%) reportaron fiebre durante la gestación, ninguna presentó exantema. El 79% de los niños nació en un establecimiento MINSA, 71% del I Nivel de atención, 72% tuvo un peso al nacer entre 2500 y 3000 g. 7% tuvo un peso menor a 2500 g., uno (7%) tuvo un perímetro cefálico menor o igual a 32.5 cm.; un niño (7%) presentó EN anormal y otros 3 (21%) presentaron leve disfunción neurológica. De los 4 niños con microcefalia 1 tuvo EN Normal, 1 leve disfunción neurológica y 2 EN anormal, uno de ellos presenta parálisis cerebral. Se identificó por tomografía calcificaciones en un caso y licencefalia en otro. El desarrollo psicomotor es anormal en 2 de los 4 casos. En el laboratorio uno fue positivo IgG

a citomegalovirus, uno positivo a IgG para toxoplasma, los que también son negativos a Zika; los otros 2 no tenían resultados concluyentes. Conclusiones: se evidencia la necesidad de prevención, detección y rehabilitación de SZC y otras infecciones congénitas. Los resultados negativos no descartan SZC, el cual tiene un espectro clínico amplio que obliga a fortalecer la evaluación neurológica de RN en el primer nivel de atención.

Palabras clave: neurología, Infección por el Virus Zika, microcefalia

131

CARACTERIZACIÓN DEL RECIÉN NACIDO DE MADRES ADOLESCENTES Y MADRES ADULTAS EN UN HOSPITAL PÚBLICO DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

Viter Carlos¹

¹*Centro de Salud Llata, MINSA, Perú.*

Objetivos: describir las características y eventos adversos de los recién nacidos de dos grupos de mujeres: adolescentes y adultas en la Unidad de Neonatología del Hospital Municipal de Tigre. Construir dos modelos logísticos de ajuste de la probabilidad de desarrollar complicaciones y la probabilidad de ingreso a UCIN teniendo en cuenta los factores de riesgo materno en ambos grupos. Evaluar asociación entre las variables de interés y la presencia de complicaciones. Métodos: se llevó a cabo un estudio descriptivo, analítico de corte transversal, analizando la relación entre dos variables, en este caso la asociación entre gestación en la adolescencia

y la presencia de eventos adversos en el recién nacido frente a un grupo de madres adultas. Los datos fueron obtenidos de las historias clínicas del Hospital Municipal de Tigre – Buenos Aires, entre enero a diciembre del 2013, previa aprobación del comité de Investigación y Docencia Institucional y del comité de Ética e Investigación del Hospital Magdalena V. de Martínez - Pacheco (Hospital de Referencia en el municipio). Se realizó el análisis descriptivo y analítico de las características de los recién nacidos considerando la edad materna. El procesamiento de datos se realizó con Stata v12 para Windows. Resultados: la proporción de eventos adversos fueron mayores en el grupo de recién nacidos de madres adolescentes comparados (vs) los recién nacidos de madres adultas: recién nacidos prematuros 9,9% vs 2,7%, bajo peso 8,6% vs 2,7%, internados en UCIN 38,8% vs 14,4%, padecimiento de otras enfermedades con un 26,6% vs. 12,3% y los que requirieron luminoterapia 13,1% vs 5,14% respectivamente. La media de los días de internación en UCIN y los días de estancia hospitalaria fueron 6,6 vs 3,1 días y 3,9 vs 2,7, en ambos casos fueron más días en el grupo de recién nacidos de madres adolescentes. Para todos estos casos se obtuvo una $p < 0,05$. Se pudo comprobar que, independiente de los demás factores de riesgo estudiados el hecho de que el neonato sea de una madre adolescente incrementa la probabilidad de ingresar a UCIN y desarrollar complicaciones 2,4 y 2,3 veces más comparado con el grupo de madres adultas. Conclusiones: se pudo comprobar que existe una asociación entre el hecho ser madre adolescente y mayores resultados adversos en el recién nacido. Y que independientemente de los factores de riesgo estudiados va a existir una mayor probabilidad de Ingreso a UCIN y desarrollo de complicaciones en los neonatos de madres adolescentes.

Palabras clave: recién nacido, adulto, adolescente

ÍNDICE DE AUTORES

Apellido	Nombre	Artículos									
Abarca-Zuñiga	Sandra	28									
Acosta Barriga	Joshi	18									
Acuña-Barios	Maribel	51	108								
Aguilar	Jose L.	68									
Aguilera	Carmela	31									
Aguirre Quispe	Wilfor	57	58								
Alarcón	Jorge	115									
Alarcón Falcón	Tania	129									
Alarcón Loayza	Karim	40									
Alarcon-Ruiz	Christoper A.	20									
Alcalde Rabanal	Jaqueline	78	92								
Alcantara Tito	Sullybeth Rayza	66									
Aldo Morales	Ricardo	78	92								
Aliaga Gamarra	J	85									
Alva-Díaz	Carlos	56	57	58							
Alvarado	Liliana	101									
Alvarado	Margarita	103									
Alvarado Menacho	Sergio Francisco	17									
Alvarez B	Rina	65									
Alvarez-Dongo	Doris	12	22	44							
Amorín-Uscata	Bernardina	25									
Ancca Juárez	Jenny	67									
Andamayo Villalba	Luis Armando	58									
Antitupa Janampa	Isidro	24	90								
Aramburu La Torre	Adolfo	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Arce Elías	Katherine	129									
Arévalo Ramírez	Heriberto	99	128								
Arica	Johans A.	49									
Arriaga	Emma	87									
Arróspide Medina	Alfredo	18									
Arroyo Huanaco	Olga Marisol	66									
Asmat-Marrufo	Percy	25									
Atamari-Anahui	Noé	16									
Ayala	Rodrigo	11									
Azañedo Martínez	Pilar	67									
Babilonia	Inés	32									
Bailon Calderon	Henri	76	83	84	125						
Balda	Lourdes	115									
Barboza	Karen	11									
Barboza Del Carpio	Juan Carlos	6	7	8	9	10					
Bárcena	Luis	115									

Barco	Evelyn	86				
Barreda Ponce	N	85				
Barrios Cárdenas	Yuli Janeth	111				
Bartra-More	Carlos	64	75	81		
Becerra	María	103				
Bedón Yzaquirre	Virginia	123				
Beltrán Fabián	María Salomé	109				
Bonilla	C	84	125			
Borda Olivas	Alfredo	79				
Borda	Victor	61				
Briceño-Espinoza	Ronal	25				
Briceño-Lazo	Héctor M.	36				
Bustamante	Hugo C.	124				
Cabana Peceros	Arnold	100				
Cabello	Marco	68				
Cabello M	Emilio	65				
Cabezas Sánchez	César	100	118	127	128	
Cabrera	Efraín E	1				
Cabrera Campos	Bryan	67				
Cabrera Meléndez	Jorge Luis	72				
Cáceres	O	84	125			
Cáceres Mejía	Brenda	126	129			
Cáceres Rey	Omar	34	70	89		
Calderon	R	85				
Calderón	John	115				
Calero	A	84				
Calixto Benito	Harold	111				
Calvay Sánchez	Karen Daphne	95	96	116		
Cama	Mónica	11				
Canepa Y	Juan	65				
Carbajal	Abraham	11				
Cárdenas-Bustamente	Fany	25	28	51	106	108
Carey Ángeles	Christiam	48				
Carhuancho Vásquez	María Yolanda	117				
Caro Castro	Junior	113				
Caro Kahn	Ines	130				
Caro Mercado	Erika	43				
Carrascal Huyhua	Melissa Yvon	69				
Casanova Rojas	Wilma	48				
Casquero	José	38				
Castañeda Hernández	Diana Milena	77				
Castillo	Edith	47				
Castillo-Portilla	Manuel	74	80	119		
Castro Perez	Sara Ruth	37				

Celis	M	84	125								
Cerón	Willy	68									
Céspedes Zambrano	Manuel	115	118								
Chacón Uscamaita	Pamela Roxana	17									
Chahua	M	58									
Chamorro Galindo	Judith	45									
Chan Cacciri	Luz Edith	59									
Chávez Ochoa	Héctor	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Chavez-Gamarra	Malú	73									
Chirinos-Palomino	Franklin	64	75	81							
Chunga	Julio	50									
Cirilo Jacobo	Jean Paul	17									
Coaguila Mamani	Marco	100	118	127	128						
Coit	J	85									
Coleman	DJ	85									
Colque	E	84	125								
Condezo Rojas	Miguel Ciro	107									
Córdova	Ever	115									
Cornelio Parra	Dayanne Viviana	34									
Correa Ñaña	Raúl	80									
Cruz-Retamozo	Ximena	71									
Cuse	Carmen	106									
Custodio	Nilton	57									
Davila Carbajal	Christian	91									
De la Cruz Egoavil	Lucy	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Del Pielago Meoño	Aldo F	54									
Delgado	Angélica	115									
Delgado	Kevin	115									
Delgado Guevara	Merly	39									
Díaz- Aguirre	D	119									
Díaz Olivera	Albina	46	52								
Díaz Paico	Lynda	29									
Díaz- Sánchez	J	119									
Díaz Soria	Fabiola	48									
Dominguez-Barrera	Constantino	26	97								
Donaires Toscano	Luis Fernando	14	109	127	128						
Dongo Rojas	Enriqueta	123									
Dorote Curichua	Nataly	60									
Durand	David	27									
Eguiluz Wagner	Wilder	100									
Enciso Aybar	Carlos	80									
Escalante Maldonado	Oscar Roberto	50	69								
Espetia-Anco	Susan	51	106								
Espinoza Culupú	Abraham	53	120	121							

Espinoza Soto	Julia	126									
Espinoza-Oriundo	Paula	12	22	44							
Failoc-Rojas	Virgilio E	54	82	87							
Farfán-López	Mariella	53									
Fasanando-Vela	Rudy	62									
Fernández	Connie	128									
Fernandez Silva	Ysabel	116									
Fernández Tinco	Inés	6	7								
Fernández-Chinguel	JM	124									
Fiestas Solórzano	Victor	21	103								
Figueroa Romero	Dana	100	118	122	127	128					
Galarza	Marco	13	15	47	61	84	125				
Galarza-Anglas	Augusto	97									
Galindo Cabello	Nadia Regina	64	75	81	113						
Galesi	Ítalo	50									
García	HH	102									
García	D	84	125								
García	Patricia	115									
García de la Guarda	Ruth	53									
García Mendoza	María Paquita	100	118	122	127	128	129				
García Solórzano	Franko Omar	77									
Gavilán	Ronnie	1	31	50	69	109	110				
Gazzo	Cecilia	38									
Gebol-Cahuaza	Melitón	64	75	81							
Godoy Mendoza	Nelly	78	92								
Gomes	Cláudia	27									
Gomez	Henry	13									
Gómez Guizado	Guillermo Luis	2	3	4	5	6	7	8	9	10	35
Gómez-Briceño	Angie Roxana	20									
González	Dana	115									
González-Espinoza	Gaby	97									
Guio	Heinner	13	15	47	61						
Gutiérrez	Victoria	103									
Gutiérrez	Abigail	115									
Gutiérrez Gonzales	Sonia	100	122	126							
Gutierrez-Alva	Alexander	124									
Guzmán Cuzcano	Jessica	100									
Heredia Torres	Paula Lucero	20	77								
Holguín Mauricci	Carlos	118	127								
Huamán-Ángeles	Estela	25	51								
Huamaní Arteaga	Rocío Alexandra	88									
Huapaya Pizarro	Cleopatra	18									
Huaringa	Maribel	103	112								
Huerta-Rosario	Andrely	57	58								

Hurtado	Verónica	1								
Hurtado La Rosa	Raquel	29								
Inêz Palmero	Edenir	26								
Infante Reyes	Giovanna	117								
Inga	R	84	125							
Inga Angulo	Lisbet	83								
Jara	Sandra	68								
Jaramillo	Luis	13	61							
Jordán Lechuga	Teresa	5	6	7						
Jorge Berrocal	Ana	111	120	121	123					
Juscamayta	Eduardo	1	31	69						
Labán-Seminario	L. Max	124								
Leiva	W	84								
Leiva	J	125								
León Quispe	Jorge	113								
Levano	Kelly	61								
Lévano	J	84	125							
Linares-Rosales	Liza	108								
Liria-Domínguez	Reyna	36								
Lizama	Juan	100								
Llamocca Rodriguez	Armando	37								
Loayza-Salvatierra	Natali	124								
Lope Pari	Priscila	76	83							
Lopez Ingunza	Ricardo Luis	41	46	52						
López Minchán	Ana Paula	118								
Lopez Tamara	K	85								
Lozada-Requena	Ivan	68								
Luna Pineda	Miguel	129								
Malaga	Debra	68								
Maldonado Carrasco	Rolando	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Mallma	Gabriela	103								
Mamani-Huaman	Edgardo	28								
Mantari Torpoco	Carina	41								
Maracaja	Vinicius	13								
Marcelo Ñique	Adolfo	76	83	100	118	127	128			
Marocho Chahuayo	Luis	107								
Martínez-Puchol	Sandra	27								
Marzal	M	102								
Maurial Arana	Manuel	129								
Mauro Rossi	Benedito	26								
Mayta Barrios	Maritza	120	121	123						
Mejia	Christian R.	16								
Melo Espinoza	Manuel	123								
Mendoza	Carla	38								

Mendoza Mujica	Giovanna	94	95	96	116			
Mendoza-Bautista	Roberto	64	75	81				
Meneses Toro	Ronald	30						
Merino	Nancy Susy	100	118	127	128			
Millán Hurtado	Juan Fernando	30						
Miranda-Ulloa	Eduardo	23	25	28	51	108		
Mitnick	CD	85						
Molina-Niño de Guzmán	Roberto	57	58					
Montejo	H	84	125					
Morales	B	127						
Morales Barrenechea	Javier	78	92					
Morales de Santa Gadea	Sara	21						
Morales Tapia	Brenda Milagros	118						
Morales Tarazona	Jackeline	76	83					
Morán-Mariños	Cristian	56						
Mosquera Visaloth	Patricia	89						
Moyano Vidal	Luz Maria	86	91					
Muga Rivera	Juan	126						
Munares García	Oscar	35	39	40	42	43	45	60
Muñoz Zambrano	Maria Elena	42						
Muyldermans	S	84						
Napurí-Vidaurre		74						
Navarro-Flores	Alba	57	58					
Nonajulca Cordova	Dania	67						
Obregón Cahuaya	Cristian	100	122	126				
Obregón Rivera	Bianca	100	118					
Ocampo	Karen	27						
Ocampo	Pablo	38						
Ocampo Zegarra	Juan Carlos	58						
Ochoa	Theresa J.	27						
Ochoa Yucra	Gaby Raquel	55						
Oliva Berrú	Hudson	86	91					
Olivera	Mivael	13						
Orellana-Díaz	Omar	25						
Osorio Mogollón	Cleidy Mirela	76	83					
Pachas Chavez	Paul Esteben	14						
Padilla Rojas	Carlos Patricio	76	83	84	125			
Palacios Salvatierra	Rosa	89						
Palma	Noemí	27						
Palomino Balbín	Elsa	123						
Paredes	A	102						
Pareja Cuadros	Elizabeth Irene	107						
Pellon	Oscar	13	15					
Pereyra-Elías	Reneé	36	71					

Pérez	Pilar	101								
Perretti	Charlene	60								
Piazza Ferrand	Marina	78	92							
Pinto	Milagros	68								
Pompa	Iris	31								
Pons	Maria J	19	27							
Portugal	Wilson	88								
Portugal-Benavides	Walter	97	104							
Pozo	Edward	118	127							
Prado-Ghezzi	Daniela	71								
Pun Chinarro	Mónica	100								
Puyén	Zully	110	114							
Quino	Willi	1	31							
Quispe	Gabriela	11								
Quispe	Antonio M.	18	20	99	124					
Quispe Colquepisco	Sarita	56								
Quispe Germán	Esther	123								
Quispe Paredes	William	34	63	90						
Ramírez	Manuel	115								
Ramírez Carranza	Giovanna Thaliz	109								
Ramírez Prada	Gladys	129	130							
Ramos Correa	Luis	86								
Ramos Ramirez	Keyla Estefani	77								
Regalado	Alejandrina	68								
Reque	Ada	47								
Reyes	Gianfranco	11								
Reyes Cahuila	Rómulo	99								
Reyes Puma	Nora	78	92							
Reyes-Mandujano	Ivonne F.	29								
Riega López	Pedro	100	118	122	126					
Rivas	Nathaly	11								
Rivero	Armando J	93	102							
Riveros	Maribel	27								
Rodríguez	Marco	38								
Rodríguez	Rafael	32								
Rodríguez	Mitzi	47								
Rodríguez Morales	Alfonso Javier	77								
Rodríguez Tanta	Lisbeth Yesenia	98								
Rojas	Nancy	33	103							
Rojas	Aldo	128								
Rojas Macedo	José	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Rojas Mendoza	Miguel	86	91							
Romao	E	84								
Romero	Roberto	57								

Romero	Soledad	106								
Romero Barrenechea	Giuliana Mercedes	107								
Romero-Ruiz	Soledad	25	28	51	108					
Roque-Roque	Joel Sack	20								
Rosales Pimentel	Silvia	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Rosas Zarate	Oscar Emilio	37								
Ruiz	Joaquim	19	27							
Ruiz Aquino	Mely Meleni	105								
Ruiz-Roldán	Lidia	27								
Sakuray M	Silvia	65								
Salazar	Omar	47								
Salazar Quispe	Fabiola	120	121	123						
Salcedo Barrientos	Dora Mariela	60								
Salinas- Vitonera	C	119								
Salvatierra	Javier	32								
Samir Cubas	W.	99								
Sanabria-Rojas	Hernán	97								
Sánchez Jacinto	Billy Joel	66								
Sánchez Romani	Elizabeth	34	90							
Sandoval	Gustavo A.	73								
Santos	Elias	110	114							
Santos Solís	Lorena	83								
Santos-Anaya	Daniel	28								
Seraylan	S	84	125							
Silva Alarcón	Jesus	29	72							
Silva Diaz	Heber	87								
Sinche Espinal	Hernan Alexander	58								
Sinti Hesse	Carmen	48								
Smiejkowska	N	84								
Soria T	James	65								
Sterponi	Luisa	118								
Suárez Caro	Juliet	129	130							
Suárez Moreno	Víctor	93								
Suárez Ognio	Luis	100	129	130						
Suker Ccorahua-Rios	Maycol	16								
Tantaleán	José	103								
Tarazona	David	61								
Tarazona Reyes	Ysabel	123								
Tarqui Terrones	Kathia Mariela	109								
Tarqui-Mamani	Carolina	12	22	44	97					
Tasayco-Magallanes	Emilio	108								
Taype-Rondan	Alvaro	16								
Tejada V	Edgar	65								

Tello Espinoza	Rodil	48								
Tello Minaya	Marleny	123								
Tineo	Edwin	128								
Tintaya	B	84	125							
Toro-Perez	Juan Enrique	57								
Urcia Ausejo	Flor Cecilia	14								
Valderrama	Yadira	129								
Valencia	Stefany	60								
Valencia Bazalar	Esther	107								
Valencia Masias	Gustavo	91								
Valenzuela Vargas	Rocío	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Valladares Fernández	Mirtha	18								
Vargas Lira	Mery	123								
Vargas Mayur	Nury	34								
Vasquez Dominguez	Andres Martin	70	89							
Vásquez Herrera	Alejandra Sasha	88	104							
Vásquez Vásquez	Alva Luz	48								
Vega Chirinos	Silvia	67								
Ventura Egusquiza	Gladys	76	83	84	125					
Vígil	Carlos E.	13								
Villafuerte Osambela	Julio	118								
Villanueva Gómez	Julio	80								
Villanueva R	Javier	65								
Villar	Sandra	115								
Villegas Abrill	Claudia Beatriz	55								
Villegas Briones	Zoika	130								
Viter	Carlos	131								
Vivas-Llanos		74								
Yabar	Carlos A	32								
Yace Martinez	Jessica	43								
Yale Cajahuanca	Gloria	100								
Yaniro	V	84	125							
Yareta	José	15								
Zamudio	María L	1	31							
Zapata-Cordova	Armando	28								
Zárate Sulca	Yanina	94	95	96	116					
Zavaleta	Milagros	115								
Zelaya Medina	Salvador	86	91							
Zevallos	Jorge	115								
Zevallos Villegas	Karine	48								
Zúñiga	Rosa	115								
Zurita Macalupu	Susana Rosa	14								



www.ins.gob.pe/rpmesp

Instituto Nacional de Salud

Calle Cápac Yupanqui 1400, Lima 11, Perú

Tel.: (511) 748 1111 anexo 2122

Correo electrónico: rpmesp@gmail.com / rpmesp@ins.gob.pe



Instituto Nacional
del Salud - INS



@INS_Peru



INS PERÚ