

MICROBIOLOGÍA, PARASITOLOGÍA

RES0016 Elevada prevalencia de *Cryptosporidium*, *Giardia duodenalis* y *Blastocystis* en niños asintomáticos de Leganés (Madrid)

Lucia Reh¹, Aly Salimo Muadica¹, Pamela Carolina Köster¹, Sooria Balasegaram², Neville Verlander³, Esther Ruiz Chércoles⁴, David Carmena¹

- 1 Centro Nacional de Microbiología Laboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología
- 2 National Infection Service, Public Health England Field Epidemiology Services
- 3 National Infection Service, Public Health England Statistics, Modelling and Economics Department
- 4 Centro de Salud María Jesús Hereza Pediatría

Introducción

Los protozoos enteroparásitos *Cryptosporidium* spp. y *Giardia duodenalis* son importantes agentes causantes de enfermedad gastrointestinal (principalmente diarrea) en niños tanto en países desarrollados como en vías de desarrollo, mientras que el eucariota *Blastocystis* sp. ha sido globalmente asociado con trastornos intestinales (síndrome de colon irritable) y extra-intestinales (enfermedades cutáneas).

Objetivos

Este estudio epidemiológico transversal investiga la ocurrencia de *Cryptosporidium* spp., *G. duodenalis* y *Blastocystis* sp. en niños/as asintomáticos/as en edad escolar (4–14 años) procedentes de 12 colegios de educación primaria y secundaria del municipio de Leganés (Madrid), así como los factores asociados con un mayor riesgo de infección por estos patógenos.

Materiales y Métodos

De cada niño/a que voluntariamente participaba en el estudio se obtuvieron una muestra fecal y un cuestionario epidemiológico recabando información sobre variables sociodemográficas y factores de riesgo. La detección de los enteropatógenos se realizó mediante métodos de PCR y análisis de secuencias. Se calcularon prevalencias y tasas de probabilidad (OR) con regresión logística.

Resultados

Se obtuvieron muestras fecales y cuestionarios epidemiológicos completos de 1.359 niños/as. El 28% de los niños/as participantes eran portadores/as de alguno de los parásitos investigados (*G. duodenalis*: 18%; *Blastocystis*: 13%; *Cryptosporidium*: 1%).

Dos individuos estaban infectados por las tres especies analizadas, y 53 por dos de ellas.

El análisis multivariante de factores de riesgo basado en modelos de regresión logística indicó que una infección previa por cualquiera de los tres patógenos aumentaba la probabilidad de infección por las restantes especies parasitarias. Las probabilidades de ser portador/a de *Blastocystis* se incrementaban con la edad del niño/a, mientras que ser niña era un factor de riesgo de padecer criptosporidiosis. El lavado de hortalizas y verduras antes de las comidas fue identificado como un factor protector contra la infección por *Blastocystis*.

Conclusiones

Las tasas de ocurrencia de *Cryptosporidium*, *Giardia* y *Blastocystis* en la población pediátrica estudiada eran mucho más elevadas de las inicialmente esperadas. Los niños/as infectados/as sin sintomatología clínica pueden tener un papel clave en la transmisión inadvertida de estos patógenos.

Financiación

Este estudio ha sido financiado por el Instituto de Salud Carlos III, Ministerio de Economía y Competitividad, Gobierno de España (Proyecto PI16CIII/00024).

RES0017 Genotipado de *Cryptosporidium* spp. y *Giardia duodenalis* en niños asintomáticos de la Comunidad Autónoma de Madrid

Aly Salimo Muadica¹, Lucia Reh¹, Pamela Carolina Köster¹, Marta Hernández de Mingo¹, Begoña Bailo¹, Esther Ruiz Chércoles², Sooria Balasegaram³, Neville Verlander⁴, David Carmena¹

- 1 Centro Nacional de Microbiología Laboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología
- 2 Centro de Salud María Jesús Hereza Pediatría
- 3 National Infection Service, Public Health England Field Epidemiology Services
- 4 National Infection Service, Public Health England Statistics, Modelling and Economics Department

Introducción

Cryptosporidium spp. y *Giardia duodenalis* son protozoos entéricos de distribución global causante de enfermedad gastrointestinal, afectando principalmente a niños e individuos inmunocomprometidos.

Objetivos

Este estudio investiga la presencia, diversidad y frecuencia de especies/genotipos de ambos patógenos en una población pediátrica asintomática de la Comunidad Autónoma de Madrid.

Materiales y Métodos

Se realizó un estudio epidemiológico molecular transversal en niños/as en edad escolar (1-16 años) procedentes de colegios públicos ($n = 10$) y privados ($n = 3$) en los municipios de Leganés ($n = 12$) y Madrid ($n = 1$) durante noviembre 2017-junio 2018. De cada niño/a participante se recogieron una muestra de heces y datos sociodemográficos básicos. La detección y genotipado de *G. duodenalis* se realizó mediante qPCR y tipificación multilocus de secuencias usando los marcadores *gdh*, *bg*, y *tpi* del parásito. La detección y genotipado de *Cryptosporidium* fue realizada mediante PCR y secuenciación de los productos amplificados a partir de los marcadores *ssu* rDNA y *gp60* del parásito.

Resultados

Se analizaron un total de 1.608 individuos (relación niño/niña: 1.25; edad media: 6.9 años). La prevalencia de *G. duodenalis* y *Cryptosporidium* spp. fue del 17% (95% CI: 15–19%) y 1.1% (95% CI: 0.6–1.7%), respectivamente. Un total de 24 muestras positivas a *G. duodenalis* fueron subgenotipadas, revelando la presencia de los sub-asemblajes AII (17%, 4/24), BIV (80%, 19/24) y BIII/BIV (4%, 1/24). Las 17 muestras positivas a *Cryptosporidium* fueron confirmadas como *C. hominis* (77%, 13/17) y *C. parvum* (18%, 3/17). Una muestra adicional fue caracterizada como *Cryptosporidium* spp. Dos de las muestras identificadas como *C. hominis* y una como *C. parvum* fueron asignadas al subgenotipo IbA10G2 y la familia IId del parásito, respectivamente.

Conclusiones

La presencia de *G. duodenalis*, pero no de *Cryptosporidium hominis/parvum*, es un hallazgo frecuente en la población pediátrica investigada. Los portadores asintomáticos inadvertidos pueden jugar un papel determinante en la diseminación de patógenos causantes de diarrea a nivel comunitario, representando un riesgo para personas inmunocomprometidas.

Financiación

Este estudio ha sido financiado por el Instituto de Salud Carlos III, Ministerio de Economía y Competitividad, Gobierno de España (Proyecto PI16CIII/00024).

RES0022 Genotipado de *Cryptosporidium* spp. y *Giardia duodenalis* en pacientes sintomáticos en España. Estudio Multicéntrico

Pamela Carolina Köster¹, Ana Pérez Ayala², Ana Belén Jiménez³, Araceli Molina⁴, María Trelis⁴, Guillermo Ruiz⁵, Milagros García Hortelano⁶, María José Mellado⁷, Juan Cuadros⁸, Rocío Martínez Ruiz⁹, María Guerrero⁹, José Manuel Azcona Gutiérrez¹⁰, Francisco Jesús Merino¹¹,

Silvia Paulos¹², Marta Hernández de Mingo¹, Begoña Bailo¹, Aly Salimo Muadica¹, Isabel Fuentes¹, David Carmena¹

- 1 Centro Nacional de Microbiología Laboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología
- 2 Hospital Universitario 12 de Octubre Servicio de Microbiología
- 3 Fundación Jiménez Díaz Servicio de Pediatría
- 4 Hospital Politécnico Universitario La Fe Servicio de Microbiología
- 5 Hospital Universitario La Paz Servicio de Microbiología
- 6 Hospital Universitario La Paz Servicio de Pediatría y Enfermedades Infecciosas
- 7 Hospital Universitario La Paz Servicio de Pediatría y Enfermedades Infecciosas
- 8 Hospital Universitario Príncipe de Asturias Servicio de Microbiología Clínica y Parasitología
- 9 Hospital Universitario Puerta de Hierro Majadahonda Servicio de Microbiología Clínica y Parasitología
- 10 Hospital San Pedro Departamento de Diagnóstico Biomédico
- 11 Hospital Universitario Severo Ochoa Servicio de Microbiología
- 12 Hospital Universitario Quirón Madrid Grupo Synlab, Servicio de Microbiología

Introducción

Cryptosporidium spp. y *Giardia duodenalis* son reconocidos agentes causantes de diarrea de distribución global, afectando a poblaciones humanas no solo en países en vías de desarrollo, sino también en países industrializados.

Objetivos

Este estudio multicéntrico pretende determinar la diversidad y frecuencia genotípica de *Cryptosporidium* y *Giardia* presentes en individuos sintomáticos atendidos en hospitales públicos españoles.

Materiales y Métodos

Se obtuvieron muestras de heces de pacientes con trastornos gastrointestinales con un resultado positivo a *Cryptosporidium* y/o *G. duodenalis* mediante microscopía, inmunocromatografía y/o PCR en hospitales públicos de Madrid ($n=6$), La Rioja ($n=1$) y Valencia ($n=1$) entre enero 2017-diciembre 2018. La detección y genotipado de *G. duodenalis* se realizó mediante qPCR y tipificación multilocus de secuencias usando los marcadores *gdh* y *bg*. La detección y genotipado de *Cryptosporidium* fue realizada mediante PCR y secuenciación de los marcadores *ssu* rRNA y *gp60*.

Resultados

Se analizaron muestras positivas a *Giardia* ($n=642$) y *Cryptosporidium* ($n=266$) procedentes de los hospitales 12 de Octubre

(128+32), Fundación Jiménez Díaz (27+13), La Paz (66+10), Príncipe de Asturias (16+2), Puerta de Hierro (177+37), y Severo Ochoa (98+42) en Madrid, La Fe (92+18) en Valencia y San Pedro (38+112) en La Rioja, genotipándose el 41,7% (268/642) y 62,8% (167/266) de las mismas, respectivamente. Las infecciones por *Giardia* eran causadas por los ensamblajes B (71%), A (28%), y A+B (1%), siendo los sub-ensamblajes BIV (49%, 131/268) y AII (19%, 52/268) los más prevalentes, respectivamente. Se detectaron tres especies de *Cryptosporidium* incluyendo *C. hominis* (75%, 125/167), *C. parvum* (24%, 40/167), y *C. meleagridis* (1%, 2/167). Los análisis de secuencias en el marcador *gp60* revelaron la presencia de las familias Ia (1%), Ib (53%), Id (2%) y Ie (1%) en *C. hominis*, IIa (16%) y IIId (3%) en *C. parvum*, y IIIb (1%) en *C. meleagridis*. Los subgenotipos más frecuentemente identificados fueron IbA10G2 (47%, 78/167) y IIaA15G2R1 (11%, 18/167).

Conclusiones

G. duodenalis sub-ensamblaje BIV y *C. hominis* sub-genotipo IbA10G2 son las variantes genéticas de estos patógenos más frecuentes en población clínica en España.

Financiación

Estudio financiado por el Instituto de Salud Carlos III, Ministerio de Economía y Competitividad, Gobierno de España (Proyecto P116CIII/00024).

RES0023 Variabilidad genética de *Blastocystis* sp. en pacientes atendidos en hospitales públicos españoles

Pamela Köster¹, Ana Pérez Ayala², Araceli Molina³, María Trelis⁴, Guillermo Ruiz⁵, Milagros García Hortelano⁶, María Jesús Mellado⁷, José Manuel Azcona Gutiérrez⁸, Oihane Martín⁹, Silvia Paulos¹⁰, Marta Hernández de Mingo¹, Begoña Bailo¹, Aly Salimo Muadica¹, Isabel Fuentes¹, **David Carmena¹**

- 1 Centro Nacional de Microbiología Laboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología
- 2 Hospital Universitario 12 de Octubre Servicio de Microbiología
- 3 Hospital Politécnico Universitario La Fe Servicio de Microbiología
- 4 Hospital Politécnico Universitario La Fe Unidad Mixta de Investigación en Endocrinología, Nutrición y Dietética Clínica
- 5 Hospital Universitario La paz Servicio de Microbiología
- 6 Hospital Universitario La paz Servicio de Pediatría, Enfermedades Infecciosas y Tropicales
- 7 Hospital Universitario La paz Servicio de Pediatría y Enfermedades Infecciosas
- 8 Hospital San Pedro Departamento de Diagnóstico Biomédico

9 Hospital Universitario Ramón y Cajal Servicio de Microbiología

10 Hospital Universitario Quirón Madrid Grupo Synlab, Servicio de Microbiología

Introducción

Blastocystis sp. (Stramenopiles) es el microorganismo eucariota más comúnmente hallado en muestras fecales humanas globalmente. Su patogenidad es objeto de intenso debate, ya que este protista ha sido identificado tanto en individuos asintomáticos como en pacientes con trastornos intestinales (diarrea, síndrome de colon irritable) y extra-intestinales (urticaria).

Objetivos

Este estudio multicéntrico pretende i) determinar la diversidad y frecuencia genotípica de *Blastocystis* sp. en individuos atendidos en hospitales públicos españoles, y ii) investigar la posible asociación entre subtipos del parásito y la ocurrencia de sintomatología clínica.

Materiales y Métodos

Se obtuvieron muestras de heces de pacientes atendidos en cinco hospitales públicos de Madrid ($n=3$), La Rioja ($n=1$) y Valencia ($n=1$) con un resultado positivo a *Blastocystis* sp. mediante microscopía y/o PCR entre enero 2018-marzo 2019. La presencia de *Blastocystis* sp. fue confirmada mediante PCR usando el marcador *ssu* rRNA. La identificación de subtipos y alelos fue realizada a partir de las secuencias obtenidas usando la herramienta *Blastocystis* Subtype (18S) (<https://pubmlst.org/blastocystis/>).

Resultados

Se analizaron muestras positivas a *Blastocystis* sp. ($n=444$) procedentes de los hospitales 12 de Octubre ($n=110$), Ramón y Cajal ($n=9$) y La Paz ($n=6$) en Madrid, La Fe ($n=249$) en Valencia y San Pedro ($n=70$) en Logroño. El 68% (305/447) de estas muestras fueron satisfactoriamente amplificadas en *ssu*-PCR. Los análisis de secuencias revelaron la presencia de los subtipos ST1 (22%, 67/305), ST2 (16%, 50/305), ST3 (18%, 55/305), ST4 (15%, 46/305), ST6 (5%, 14/305) y ST7 (2%, 5/305). El 22% (68/305) de las muestras no pudieron ser subtipadas.

Conclusiones

La transmisión de la blastocistosis humana en España es principalmente antroponótica. *Blastocystis* ST4 puede estar asociado a una mayor probabilidad de aparición de síntomas gastrointestinales (diarrea y/o dolor abdominal). ST6 fue mayoritariamente encontrado en pacientes procedentes del levante español, sugiriendo la existencia de patrones geográficos de distribución del parásito.

Financiación

Estudio financiado por el Instituto de Salud Carlos III, Ministerio de Economía y Competitividad, Gobierno de España (Proyecto P116CIII/00024).

RES0025 Complicaciones espontáneas como manifestación inicial de la equinocosis quística: análisis de una cohorte de 20 años

Alfredo Javier Collado Aliaga¹, Ángela Romero-Alegría¹, Montserrat Alonso-Sardón², Antonio Muro³, Amparo López-Bernus¹, Virginia Velasco-Tirado⁴, Beatriz Rodríguez Alonso¹, Juan Luis Muñoz Bellido⁵, Javier Pardo-Lledias⁶, Moncef Belhassen-García¹

- 1 Complejo Asistencial Universitario de Salamanca (CAUSA). Medicina Interna
- 2 Universidad de Salamanca Área de Medicina Preventiva y Salud Pública
- 3 Facultad de Farmacia, Universidad de Salamanca Laboratorio de Inmunología Parasitaria y Molecular
- 4 Complejo Asistencial Universitario de Salamanca (CAUSA). Servicio de Dermatología
- 5 Complejo Asistencial Universitario de Salamanca (CAUSA). Servicio de Microbiología
- 6 Hospital General de Palencia "Río Carrión" Servicio de Medicina Interna

Introducción

La equinocosis quística (EQ) es una zoonosis, crónica, compleja causada por el cestodo *Echinococcus granulosus*. En los seres humanos, da lugar a un amplio espectro de manifestaciones clínicas, que oscilan desde una infección asintomática hasta una enfermedad mortal.

Objetivos

Las manifestaciones clínicas iniciales debidas a diversas complicaciones asociadas a la EQ así como sus factores de riesgo no están bien definidas.

Materiales y Métodos

Realizamos un estudio observacional retrospectivo de pacientes hospitalizados con diagnóstico de EQ desde enero de 1998 a diciembre de 2017 en el Complejo Asistencial Universitario de Salamanca, España.

Resultados

Se analizaron quinientos seis casos, más de la mitad de los pacientes (302 [59,7%]) estaban asintomáticos y se realizó el diagnóstico de forma incidental. Un total de 204 (40,3%) pacientes tuvieron complicaciones asociadas a la EQ; 97 (47,5%) debido a complicaciones mecánicas, 62 (30,4%) a manifestaciones infecciosas y 15 (7,3%) a complicaciones inmunoalérgicas, en 30 (14,7%) casos presentaban complicaciones combinadas.

Los pacientes mayores (≥ 60 años) tenían un mayor riesgo de complicaciones mecánicas e infecciosas que los pacientes más jóvenes. Las complicaciones alérgicas fueron más frecuentes en pacientes más jóvenes (< 60 años) que en pacientes mayores

(88,2% vs. 11,8%, respectivamente, OR = 10,8, IC 95%, 2,4-47,7, $p < 0,001$) y en pacientes de áreas rurales que en pacientes de áreas urbanas (43,9% vs. 32,3%, respectivamente, OR = 1,6, 95% CI, 1,1-2,4, $p = 0,014$). El hígado fue la ubicación más común en todos los tipos de complicaciones significativamente. La mortalidad fue mayor en pacientes con complicaciones mecánicas (9,4%) que en pacientes con complicaciones infecciosas (5,6%). La mortalidad en pacientes con complicaciones inmunoalérgicas fue del 0% (OR = 19,7, IC 95%, 4,3-89,1, $p < 0,001$).

Conclusiones

Problemas mecánicos e infecciosos son las complicaciones más frecuentes en la EQ. La EQ hepática presenta mayor número de complicaciones respecto a otras localizaciones. Las complicaciones mecánicas e infecciosas son más frecuentes en pacientes mayores mientras que en jóvenes son las alérgicas. Las cifras de complicaciones son independientes de otras variables, como el tamaño o el estadio del quiste. Finalmente, en pacientes procedentes de áreas endémicas con reacciones urticariales o anafilactoides sin un claro diagnóstico es obligatorio descartar una EQ.

Financiación

Ninguno.

RES0026 Eosinofilia y Equinocosis Quística: ¿cuál es su relación?

Alfredo Javier Collado Aliaga¹, Ángela Romero-Alegría¹, Montserrat Alonso-Sardón², Amparo López-Bernus¹, Juan Miguel Manrique Pérez¹, Inmaculada Galindo-Pérez³, Antonio Muro⁴, Virginia Velasco-Tirado⁵, Juan Luis Muñoz Bellido⁶, Javier Pardo-Lledias⁷, Moncef Belhassen-García¹

- 1 Complejo Asistencial Universitario de Salamanca (CAUSA). Medicina Interna
- 2 Universidad de Salamanca Área de Medicina Preventiva y Salud Pública
- 3 Centro de Atención Primaria, Puente San Miguel Medicina comunitaria y de familia
- 4 Facultad de Farmacia, Universidad de Salamanca Laboratorio de Inmunología Parasitaria y Molecular
- 5 Complejo Asistencial Universitario de Salamanca (CAUSA). Servicio de Dermatología
- 6 Complejo Asistencial Universitario de Salamanca (CAUSA). Servicio de Microbiología
- 7 Hospital Marqués de Valdecilla. Medicina Interna

Introducción

La equinocosis quística (EQ) es una enfermedad zoonótica, crónica, compleja y desatendida causada por el cestodo *Echinococcus granulosus*.

Objetivos

La eosinofilia es una alteración analítica clásica asociada a la EQ, aunque su presentación es muy variable y su importancia no está bien establecida.

Materiales y Métodos

Estudio observacional retrospectivo de pacientes con diagnóstico de EQ hospitalizados que presentaban eosinofilia desde enero de 1998 hasta diciembre de 2017 en el Complejo Asistencial Universitario de Salamanca (CAUSA), España.

Resultados

Se diagnosticaron 475 casos de EQ con hemograma durante el período de estudio, 118 (24.8%) pacientes tenían eosinofilia; 82 (69.5%) eran hombres; la edad media (\pm DE) fue de $52,1 \pm 20,8$ años, Los pacientes con eosinofilia eran más jóvenes ($p < 0,001$) y tenían menos comorbilidad (33,1% vs. 52,9%, $p < 0,001$). En 66 casos (55.9%) la eosinofilia era leve, en 41 (34.7%) moderada y en 11 (9.3%) grave. El grupo de pacientes con EQ con eosinofilia presentaban más complicaciones (60,2% vs. 39,8% asintomáticos, $p < 0,001$). En 71 casos (60.2%) presentaron manifestaciones clínicas, generalmente secundarias a diferentes complicaciones: 34 (47.9%) debidas a manifestaciones mecánicas, 29 (29.6%) a complicaciones infecciosas y 6 (8.5%) a reacciones inmunoalérgicas. Detectamos una mayor frecuencia de eosinofilia en quistes grandes (> 7 cm vs. < 7 cm) (OR = 1.5, IC 95%, 0.9-2.3, $p = 0.062$) y en estadios 2 vs. otros estadios (OR = 2.2, IC 95%, 1.4-3.6, $p = 0.001$). La eosinofilia se relacionó con la presencia de fistulas prequirúrgicas ($p = 0,005$). Destaca significativamente considerar a la eosinofilia como marcador del tipo de tratamiento ($p < 0,001$). En pacientes tratados quirúrgicamente, encontramos una disminución de la eosinofilia de 1575.63 ± 1780.14 células/mm³ vs. 266.19 ± 235 células/mm³ postratamiento ($p = 0.015$).

Conclusiones

Los pacientes con EQ y eosinofilia están asintomáticos en el 40% de los casos aunque en este subgrupo de pacientes la morbilidad es importante y se debe principalmente a fenómenos mecánicos, infecciosos y, en menor medida, alérgicos. Además el manejo en estos enfermos suele ser más agresivo con un tratamiento combinado. La eosinofilia puede ser un buen indicador para una búsqueda activa de casos y como marcador de respuesta postratamiento.

Financiación

Ninguna.

RES0027 Epidemiología de la tuberculosis en nuestro medio

Matilde María Palanca Giménez¹, María Isabel Cabeza Barrera¹, María Pilar Luzón García¹, Joaquín Salas Coronas², Cristobal Avivar Oyonarte³

1 Hospital de Poniente Microbiología

2 Hospital de Poniente Medicina Tropical

3 Hospital de Poniente Biotecnología

Introducción

La tuberculosis (TB) en inmigrantes de nuestra zona puede deberse a la reactivación de una infección latente, a una infección activa o una transmisión activa entre inmigrantes o con la población autóctona, favorecida por las condiciones de vida y trabajo deficientes.

Los países de origen de estas personas presentan normalmente mayor prevalencia de infección tuberculosa. Esto influye en el número de infecciones diagnosticadas, en la forma de presentación de la TB y en el número de casos de cepas resistentes, más frecuentes en población no autóctona.

Objetivos

Queremos estimar el peso de la población inmigrante en el diagnóstico de la TB en nuestro medio y ver las características epidemiológicas.

Materiales y Métodos

Estudio retrospectivo de casos de TB declarados en nuestro medio durante los años 2017/2018. Se analizaron las siguientes variables: baciloscopia, tasa de TB/100.000 habitantes, sexo, edad, forma clínica de presentación, zona de origen y zona de residencia.

Resultados

En 2017/2018 se diagnosticaron de TB un total 54/65 pacientes. En 39(72,2%)/37(56,9%) la baciloscopia se informó positiva.

La tasa de TB/100.000 habitantes fue 20,42/24,69. El 74%/85% de los pacientes fueron hombres y la edad más frecuente en el rango de 25-44/15-34 años. La forma clínica más frecuente fue la pulmonar.

Se han diagnosticado 41/48 casos de TB en no autóctonos (75,9%/73,8%). África del Norte (Marruecos principalmente) con 28/33 pacientes (51,9%/50,8%) y África subsahariana con 9/10 (16,7%/15,4%) han sido las zonas de origen más prevalentes. Estos pacientes se concentran preferentemente en zonas de El Ejido con 16/20 (29,6%/44, 44%) y Roquetas de Mar con 16/20 (29,6%/44,44%) como residentes habituales.

Conclusiones

- Dos tercios de las TB diagnosticadas en nuestro medio, se realizan en personas procedentes de Marruecos y Senegal con tasas en 2017 de 99 y 122/100.000 habitantes, esto contribuye a elevar nuestra tasa de TB por encima de la media nacional.
- Es necesario la ayuda de mediadores socio-culturales, para solventar la barrera idiomática y cultural y facilitar así, el acceso al SNS de estas personas.
- La implementación de programas de detección rápida de Tuberculosis en población recién llegada de países alta incidencia es fundamental, para cortar rápidamente la cadena de transmisión.

Financiación

Ninguna.

RES0030 Protistas enteroparásitos en primates no humanos y sus cuidadores en parques zoológicos en España

Pamela Carolina Köster¹, Alba Alameda², Alejandro Dashti¹, Aly Salimo Muadica¹, Marta Hernández de Mingo¹, Begoña Bailo¹, Rafael Calero Bernal³, David Carmena¹

- 1 Centro Nacional de Microbiología Laboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología
- 2 Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid Grupo de Trabajo Saluvet, Departamento de Salud Animal
- 3 Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid Grupo de Investigación SALUVET, Departamento de Salud Animal

Introducción

Cryptosporidium spp. y *Giardia duodenalis* (Protozoa), *Blastocystis* (Stramenopiles) y *Enterocytozoon bienewisi* (Microsporidia) son algunos agentes protistas que parasitan el tracto digestivo tanto de primates humanos (PH) como no humanos (PNH).

Objetivos

Este estudio pretende investigar la ocurrencia, frecuencia, diversidad molecular y posible transmisión (zoonótica o antroponótica) de las especies de protistas anteriormente mencionadas en PNH y PH (cuidadores) en cinco zoos españoles.

Materiales y Métodos

Este estudio epidemiológico molecular fue realizado en colaboración con el Zoo Aquarium de Madrid y Faunia (Madrid), Zoo de Barcelona, Zoo de Córdoba, y Zoo de Santillana del Mar (Cantabria) entre octubre 2018-marzo 2019. Se recogieron muestras fecales de PH ($n=46$) y 25 géneros diferentes de PNH ($n=193$). La detección de protistas patógenos fue llevada a cabo mediante *ssu*-PCR (*Cryptosporidium*, *G. duodenalis*, *Blastocystis*) e ITS-PCR (*E. bienewisi*). El subgenotipado de las muestras positivas se realizó mediante amplificación y secuenciación de marcadores específicos.

Resultados

Giardia duodenalis fue detectado en el 2,2% de PH y el 22,8% de PNH, *Cryptosporidium* en el 4,3% de PH y el 2,1% de PNH, y *Blastocystis* sp. en el 34,8% de PH y el 54,4% de PNH. *Enterocytozoon bienewisi* fue únicamente detectado en un gorila (*Gorilla* sp.) del Zoo de Barcelona. *Giardia duodenalis* AI fue identificado en el género *Cebus* ($n=1$), AI en *Cercocebus* ($n=1$) y *Pan* ($n=2$), y BIV en *Callimico* ($n=1$), *Callithrix* ($n=1$) y *Lemur* ($n=7$). *Cryptosporidium hominis* fue hallado en un chimpancé (*Pan* sp.) y dos cuidadores del Zoo Aquarium de Madrid, y en el género *Callithrix* ($n=1$). *Cryptosporidium parvum* fue encontrado en el género *Macaca* ($n=1$) y *Saguinus* ($n=1$). Los subtipos de *Blastocystis* ST1 (29,1%), ST2 (12,7%), ST3 (23,6%), ST4 (7,3%), ST5 (18,2%) y ST8 (9,1%) fueron identificados en 15 géneros de PNH. Los subtipos ST1, ST2 y ST4 fueron simultáneamente hallados en PNH y sus cuidadores en el Zoo Aquarium de Madrid y Faunia.

Conclusiones

Aunque preliminares, estos resultados indican/sugieren la existencia de eventos de transmisión zoonótica/antroponótica entre PNH y sus cuidadores en parques zoológicos de España.

Financiación

Estudio financiado por el Instituto de Salud Carlos III, Ministerio de Economía y Competitividad, Gobierno de España (Proyecto PI16CIII/00024).

RES0031 Evidencia de transmisión antroponótica de *Blastocystis* en Curitiba (Paraná, Brasil)

Carla Muñoz Antoli-Candela¹, Raimundo Seguí¹, Pamela Köster², David Carmena², Debora Klisiowicz³, Rafael Toledo¹, Jose Guillermo Esteban¹

- 1 Universidad Valencia, Facultad Farmacia Área Parasitología, Dpto. de Farmacia y Tecnología Farmacéutica y Parasitología
- 2 ISCIII Laboratorio de Referencia en Parasitología, Centro Nacional de Microbiología
- 3 Universidad Federal de Paraná, Brasil Departamento de Patología Básica, Área de Ciencias Biológicas

Introducción

Se realizó un estudio epidemiológico transversal para diagnosticar enteroparásitos en escolares procedentes de los alrededores urbanos y periurbanos (zonas empobrecidas) de Curitiba (Paraná, Brasil). Además, se determinó genéticamente a *Blastocystis*, como parásito detectado más prevalente.

Objetivos

Materiales y Métodos

Se consiguió la participación de un total de 549 escolares, pudiendo analizar una muestra fecal de cada uno de ellos. Una alícuota de la muestra fue fijada en formalina al 10% para el estudio coproparasitológico mediante la técnica de concentración de Ritchie e identificación de los enteroparásitos microscópicamente. Una segunda alícuota del material fecal se fijó en etanol 70% para la posterior caracterización molecular amplificando un fragmento (600 bp) del gen 18S de la *SSU* rRNA. La secuencia consenso obtenida se contrastó con la base de datos 18S de *Blastocystis* para la confirmación de los subtipos.

Resultados

La prevalencia de infección por enteroparásitos fue del 24,8%, con al menos 22,9% de protozoos y 3,5% de helmintos. *Blastocystis* (38,9%) resultó el parásito más frecuente entre la población escolar estudiada. Un total de 41 muestras positivas

de *Blastocystis* spp. pudieron ser tipadas genéticamente y correctamente asignadas como ST1 (36.4%), ST2 (21.2%), ST3 (39.4%), y como infección mixta ST1+ST3 (3.0%).

Conclusiones

Estos resultados indican que la transmisión de *Blastocystis* incluye un origen antroponótico en Curitiba. Estos datos destacan la importancia de mejorar la eliminación sanitaria de excretas humanas en lugares de escasos recursos.

Financiación

Erasmus Mobilitat Internacional de Doctorat 2014–2015 co-financiado por la Universidad de Valencia y el programa ERASMUS+ de la UE; ISCIII Proyecto CP12/03081; PROMETEO2014-083 Fase II de la Conselleria d'Educació, Generalitat Valenciana (Valencia, España); No. RD16/0027/0023, Red de Investigación Cooperativa en Enfermedades Tropicales-RICET, IV Programa Nacional de I+D+I 2017-2021, ISCIII-Subdirección General de Redes y Centros de Investigación Cooperativa del Ministerio de Sanidad y Consumo (Madrid, España).

RES0032 Protistas enteroparásitos en chimpancés procedentes de áreas protegidas en Costa de Marfil y Sierra Leona

Pamela Carolina Köster¹, Alejandro Dashti¹, Aly Salimo Muadica¹, Marta Hernández de Mingo¹, Begoña Bailo¹, Rafael Calero Bernal², Juan Lapuente³, David Carmena¹

- 1 Centro Nacional de Microbiología Laboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología
- 2 Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid Grupo de Investigación SALUVET, Departamento de Sanidad Animal
- 3 Universität Würzburg Tierökologie und Tropenbiologie (Zoologie III) Animal Ecology and Tropical Biology, Biozentrum,

Introducción

La epidemiología de protistas parásitos incluyendo *Cryptosporidium* spp. y *Giardia duodenalis* (Protozoa), *Blastocystis* (Stramenopiles) y *Enterocytozoon bieneusi* (Microsporidia) en primates no humanos (PNH) es en gran medida desconocida. La creciente actividad humana en áreas naturales protegidas supone un riesgo de introducción de patógenos antroponóticos que puede poner en riesgo especies de PNH amenazadas o en peligro de extinción.

Objetivos

Determinar la ocurrencia, frecuencia, diversidad molecular e identificar la posible transmisión antroponótica de las especies de protistas anteriormente mencionadas en chimpancés (*Pan troglodytes*) de vida libre y en cautividad.

Materiales y Métodos

Entre octubre 2018-febrero 2019 se obtuvieron 175 muestras de heces de chimpancés procedentes del Parque Nacional de Comoé, Costa de Marfil ($n=108$) y del Santuario de Tacugama, Sierra Leona ($n=67$). La detección de protistas patógenos fue llevada a cabo mediante *ssu*-PCR (*Cryptosporidium* spp., *G. duodenalis*, *Blastocystis* sp.) e ITS-PCR (*E. bieneusi*). El subgenotipado de las muestras positivas se realizó mediante amplificación y secuenciación de marcadores específicos.

Resultados

En el Parque Nacional de Comoé, *G. duodenalis* fue detectado en el 4,6% de las muestras analizadas, *Cryptosporidium* spp. en el 0,9% y *Blastocystis* sp. en el 6,5%. En el Santuario de Tacugama, *G. duodenalis* fue hallado en el 32,8% de las muestras obtenidas, y *Blastocystis* sp. en el 64,2%. No se detectó la presencia de *Cryptosporidium* spp. En ningún caso se detectó la presencia de *Enterocytozoon bieneusi*. Los análisis moleculares revelaron la presencia de *G. duodenalis* BIV en una muestra de Tacugama, y de *C. hominis* en una muestra de Comoé. Se identificaron tres subtipos de *Blastocystis* incluyendo ST1 ($n=15$), ST2 ($n=1$) y ST3 ($n=2$) en muestras de ambos enclaves.

Conclusiones

Las poblaciones de chimpancés con un mayor contacto con poblaciones humanas presentaban mayores tasas de parasitación por protistas enteropatógenos. Las especies y genotipos de estos patógenos coincidían con los predominantemente hallados en humanos, sugiriendo eventos de transmisión antroponótica. La cercanía de poblaciones humanas supone un riesgo para la conservación de primates amenazados en enclaves naturales.

Financiación

Estudio financiado por el Instituto de Salud Carlos III, Ministerio de Economía y Competitividad, Gobierno de España (Proyecto PI16CIII/00024).

RES0033 Evaluación de una qPCR multiplex para la detección de *Giardia duodenalis*, *Cryptosporidium* spp. y *Dientamoeba fragilis*

Isbene Sánchez¹, Janire Allende¹, Silvia Paulos², Aly Salimo Muadica³, Marta Hernández de Mingo³, Begoña Bailo³, Pamela Carolina Köster³, Rune Stensvold⁴, David Carmena³

- 1 VACUNEK S.L. Investigación y Desarrollo
- 2 Hospital Universitario Quirón Servicio de Microbiología
- 3 Centro Nacional de Microbiología Laboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología
- 4 Statens Serum Institut Laboratory for Parasitology, Department of Bacteria, Parasites and Fungi

Introducción

Los protozoos causantes de diarrea *Giardia duodenalis*, *Cryptosporidium* spp y *Dientamoeba fragilis*, junto con *Entamoeba histolytica*, representan hasta el 70% de los diagnósticos de parásitos gastrointestinales realizados en los laboratorios de microbiología clínica de hospitales europeos anualmente.

Objetivos

Desarrollar, optimizar y evaluar una PCR en tiempo real (qPCR) para la detección simultánea de *Giardia duodenalis*, *Cryptosporidium* spp. y *Dientamoeba fragilis*.

Materiales y Métodos

Se usaron sondas TaqMan marcadas con los fluoróforos y desactivadores de fluorescencia FAM/BHQ1 (*G. duodenalis*), ROX/BHQ1 (*Cryptosporidium* spp.), HEX/BHQ1 (*D. fragilis*) y Cy5/BHQ2 (control interno). La sensibilidad diagnóstica del método fue evaluada con un panel de ADNs obtenidos a partir de heces de pacientes infectados con *G. duodenalis* ($n=132$), *Cryptosporidium* spp. ($n=126$) y *D. fragilis* ($n=49$). La especificidad diagnóstica del método fue evaluada con un panel de ADNs obtenido a partir de muestras biológicas (heces, sangre, parásitos adultos) de origen humano o animal y cultivos *in vitro* e incluyeron individuos aparentemente sanos ($n=12$) e individuos infectados con especies parasitarias pertenecientes a Amebozoos ($n=38$), Microsporidios ($n=3$), Apicomplexos ($n=41$), Kinetoplásticos ($n=13$) y Helmintos ($n=11$).

Resultados

El límite de detección de la qPCR multiplex desarrollada variaba entre 0.5–1 (oo) quiste para los tres patógenos investigados. La sensibilidad y especificidad diagnóstica del ensayo fue de 97,8% y 100% (*G. duodenalis*), de 95,0% y 96,1% (*Cryptosporidium* spp.) y de 89,8% y 100% (*D. fragilis*). El método permite la detección de los ensamblajes A-E de *G. duodenalis*, y de las cuatro especies de *Cryptosporidium* más prevalentes en humanos incluyendo *C. hominis*, *C. parvum*, *C. meleagridis* y *C. ubiquitum*. No se observaron reacciones cruzadas con ninguna de las muestras de ADN de otros géneros parasitarios incluyendo *Entamoeba*, *Enterocytozoon*, *Sarcocystis*, *Toxoplasma*, *Neospora*, *Besnoitia*, *Plasmodium*, *Babesia*, *Leishmania*, *Trypanosoma*, *Necator*, *Trichuris*, *Ancylostoma*, *Ascaris*, *Strongyloides* y *Taenia*.

Conclusiones

La qPCR multiplex desarrollada permite la detección de *G. duodenalis*, *Cryptosporidium* spp. y *D. fragilis* en muestras biológicas de origen humano y animal con precisión y robustez, representando una herramienta diagnóstica de gran potencial en laboratorios clínicos y de investigación.

Financiación

Estudio financiado por el Instituto de Salud Carlos III, Ministerio de Economía y Competitividad, Gobierno de España (Proyecto PI16CIII/00024).

RES0043 *Neospora caninum* (apicomplexa) en el diagnóstico diferencial de casos clínicos compatibles con toxoplasmosis

Rafael Calero-Bernal¹, Pilar Horcajo¹, Marta Hernández², Luis Miguel Ortega-Mora¹, Isabel Fuentes²

- 1 Universidad Complutense de Madrid, Facultad de Veterinaria SALUVET, Departamento de Sanidad Animal
- 2 Instituto de Salud Carlos III, Centro Nacional de Microbiología Laboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología

Introducción

Neospora caninum (Apicomplexa: Sarcocystidae) es uno de los agentes abortivos de mayor importancia en rumiantes. Este protozoo está filogenéticamente muy próximo a *Toxoplasma gondii*, parásito de alta prevalencia en humanos y animales. Generalmente, *N. caninum* causa enfermedad neuromuscular en perros y desórdenes reproductivos (abortos, malformaciones, etc.) en rumiantes, similares a la presentación de la toxoplasmosis clínica. Se han detectado anticuerpos anti-*Neospora* en suero de pacientes humanos en estudios esporádicos de casos neurológicos, poblacionales y VIH seropositivos, si bien no se ha identificado el parásito en el hombre. Hasta el momento, no se han realizado estudios en los que se haya implementado la búsqueda del parásito en muestras clínicas de pacientes sospechosos de toxoplasmosis como diagnóstico diferencial.

Objetivos

Estudio de detección de *Neospora caninum* en muestras de pacientes con síntomas compatibles con posible toxoplasmosis/neosporosis, negativas a *Toxoplasma gondii*.

Materiales y Métodos

Se analizaron 600 muestras de ADN procedentes de casos clínicos con sospecha de toxoplasmosis congénita o neurológica, pero que fueron negativas en dos PCR específicas (gen B1 y rep529) de *T. gondii*. Se realizó una *nested*-PCR para la detección de *N. caninum* (ITS-1), validada y de alta sensibilidad (sensibilidad analítica < de 1 taquizoito) y especificidad, procesando por duplicado las muestras seleccionadas.

Resultados

No se detectó ADN de *N. caninum* en ninguna de las muestras analizadas correspondientes a pacientes inmunocompetentes (76,3%), inmunodeprimidos (13,8%, de ellos 19 eran VIH+) o de estatus inmunitario desconocido (9,8%), así como en ninguna de las procedente de pacientes con síntomas neurológicos (18,0%), asociados a la reproducción (75,7%) u otros como neumonía o linfadenopatía (6,3%).

Conclusiones

Con la información disponible y la obtenida en el presente trabajo, *N. caninum* no puede identificarse como un agente zoonótico. La aplicación de métodos de detección directos, como

el utilizado en este estudio, en un mayor número de muestras de pacientes inmunocomprometidos (VIH+ y otros procesos) podrían esclarecer la situación con respecto a la infección por *N. caninum* en el grupo de riesgo de inmunodeprimidos.

Financiación

Proyectos ISCIII-FIS P13/01106, AGL2016-75935-C2-1-R y RED RICET RD16CIII/0003/0004. Contratos postdoctorales UCM CT65/16

RES0047 Biomarcadores pronósticos en malaria grave: resultados de un estudio caso-control

Rosauro Varo¹, Valerie Crowley², Himanshu Gupta¹, Antonio Siteo³, Lola Madrid⁴, Alfredo Mayor¹, Kevin Kain⁵, Quique Bassat¹

- 1 Instituto de Salud Global de Barcelona Salud Global
- 2 S. A. Rotman Laboratories, Sandra Rotman Centre for Global Health, University Health Network-Toronto General Hospital, Toronto, Canada. Global Health
- 3 Centro de Investigação em Saúde de Manhiça Departamento clínico
- 4 London School of Hygiene & Tropical Medicine, London, UK Department of Infectious Disease Epidemiology
- 5 Toronto General Research Institute (TGRI), University Health Network, Toronto, Canada Global Health

Introducción

El reconocimiento de ciertas características de los patógenos que causan infecciones, o de la respuesta metabólica e inmunológica del huésped a éstas, se ha utilizado tradicionalmente con fines diagnósticos e incluso pronósticos. Para una infección como la malaria, que causa cerca de medio millón de muertes anuales, determinar qué biomarcadores se asocian a un mayor riesgo de gravedad, permitiría un diagnóstico precoz y un mejor manejo de esta infección con alta letalidad asociada.

Objetivos

El objetivo primario del estudio es identificar biomarcadores del huésped o características del parásito asociados a un mayor riesgo de progresión a gravedad en casos de malaria grave en comparación con casos de malaria no complicada.

Materiales y Métodos

Estudio de casos y controles (2013-2015) en un hospital rural reclutando como casos niños con malaria grave (definida según criterios de la OMS) y como controles niños con malaria no complicada machedos por edad, sexo, y niveles de parasitemia. Comparamos los niveles de biomarcadores asociados a la masa parasitaria total (niveles plasmáticos de proteína rica en histidina del parásito (HRP2)) y de la respuesta del huésped a la infección, focalizándonos en marcadores de activación endotelial (Angiopoietina 1 y 2 (Ang-1, Ang-2); Tie2; TREM1, BDNF; TNFR1).

Resultados

Un total de 152 pacientes (76 casos, 76 controles; edad mediana 47.6 meses) fueron evaluados. Los niveles plasmáticos medianos de HRP2 fueron de 375,2 ng/ml, y de 99,89 ng/ml en los casos y controles, respectivamente (Test de Mann Whitney: $p=0.0138$). Todos los biomarcadores de activación endotelial [mediana (ng/ml)] explorados fueron significativamente diferentes entre casos y controles (Figura 1): Ang-2 (38554 vs 27726; $p<0.0001$); Ang-1 (8248 vs 17474; $p=0.0196$); ratio Ang2/Ang-1 (4.404 vs 1.989; $p=0.0006$); Tie2 (40.53 vs 29.33; $p<0.0001$), TREM1 (4045 vs 3263; $p=0.0042$), BDNF (280.3 vs 586.7, $p=0.0354$) y TNFR1 (15910 vs 11540 ; $p=0.0002$).

Conclusiones

Tanto los biomarcadores asociados a masa parasitaria total (HRP2), como los de respuesta del huésped relacionados con activación endotelial son capaces de identificar aquellos pacientes con mayor gravedad. Su futuro uso como prueba diagnóstica rápida, utilizable a nivel del paciente, y de bajo coste, podría revolucionar el cribaje y manejo de esta enfermedad de impacto tan devastador en países pobres.

Financiación

Sin financiación específica.

RES0048 MicroRNAs en malaria grave: de la identificación a la práctica clínica

Himanshu Gupta¹, Mercedes Rubio¹, Antonio Siteo², Rosauro Varo Cobos¹, Lola Madrid³, Inocencia Cuamba⁴, Pau Cisteró¹, Alfons Jiménez¹, Lorena Pantano¹, Mariona Bustamante¹, Quique Bassat¹, Alfredo Mayor¹

- 1 Instituto de Salud Global de Barcelona Salud Global
- 2 Centro de Investigação em Saúde de Manhiça Departamento clínico
- 3 London School of Hygiene & Tropical Medicine, London, UK Department of Infectious Disease Epidemiology
- 4 Centro de Investigação em Saúde de Manhiça Inmunología

Introducción

Los microRNAs (miRNAs) son una clase de pequeños RNAs no codificantes que actúan como reguladores de la expresión génica, rápidamente liberados a la circulación sanguínea desde tejidos dañados. Se postulan como biomarcadores de daño orgánico en malaria grave, resultado de fenómenos fisiopatológicos característicos como el secuestro de eritrocitos infectados por *Plasmodium falciparum*.

Objetivos

El objetivo de este estudio es el de evaluar el potencial de los miRNAs como posibles biomarcadores de daño tisular en malaria grave.

Materiales y Métodos

En primer lugar, se realizó la técnica de next-generation sequencing (NGS) en modelo *in vitro*, donde las células endoteliales cerebrales fueron estimuladas con eritrocitos infectados con capacidad de adherencia al receptor endotelial de la proteína C (ePCR-iE). A continuación, se comparó los resultados con células estimuladas por eritrocitos no infectados (non-iE) y eritrocitos infectados no adherentes al ePCR (3D7-iE).

En segundo lugar, NGS se realizó en plasma de niños menores de cinco años con diferentes síndromes de malaria grave (n=83). Por último, se realizó un estudio caso-control para estudiar la expresión diferencial de los miRNAs identificados en niños con malaria grave (n=40) y malaria no complicada (n=30).

Resultados

89 miRNAs fueron específicamente expresados *in vitro* en ePCR-iE en comparación con non-iE y 3D7-iE (p<0.05). Entre los niños analizados, 15 miRNAs fueron identificados y asociados a síntomas de malaria grave y a una mayor citoadhesión (p value <0.05). El hsa-miR-4497 fue correlacionado positivamente con la biomasa parasitaria medida en niveles plasmáticos de la proteína rica en histidina del parásito ((HRP-2); p<0.001).

Cinco miRNAs que fueron expresados diferencialmente tanto en los análisis *in vitro* como *ex vivo* fueron estudiados después utilizando la técnica TaqMan-qPCRs en un grupo de niños con malaria grave y malaria no complicada. La expresión de hsa-miR-3158-3p y hsa-miR-4497 fue mayor en niños con malaria grave en comparación con niños con malaria no complicada (p value<0.05) y también se correlacionó positivamente con niveles de HRP-2 (p value<0.05)

Conclusiones

Los miRNAs relacionados con malaria grave, sus síntomas y su expresión fisiopatológica pueden tener un gran potencial translocacional como marcadores de daño tisular y orgánico en niños con malaria grave.

Financiación

Estudio sin financiación específica

RES0051 Brote de psitacosis por *agapornis* en la Región de Murcia

Pablo Fernández García, M. Asunción Iborra Bendicho, Luis Javier Gil-Gallardo Parras, Marina Simón Páez, Manuel Segovia Hernández

Hospital Clínico Universitario Virgen de la Arrixaca
Microbiología y Parasitología

Introducción

La psitacosis u ornitosis es una zoonosis de distribución mundial causada por *Chlamydophila psittaci* (*C. psittaci*). Los casos de psitacosis humana en España son escasos y frecuentemen-

te asociados a personas relacionadas con aves. Habitualmente produce infección respiratoria, la cual se presenta generalmente como una neumonía atípica con fiebre alta y cefalea.

Objetivos

El objetivo de este estudio es describir un brote de psitacosis transmitida por *agapornis* en la Región de Murcia en el año 2019.

Materiales y Métodos

Durante marzo y abril, cuatro miembros de la misma familia acudieron a urgencias con cuadro febril, malestar general y un proceso de infección respiratoria. Tras descartar los patógenos más comunes se realizaron serologías para *C. psittaci*. Todos tuvieron contacto directo con *agapornis*, los cuales fueron comprados en un centro de venta de aves exóticas ilegal y habían muerto los días previos. Tras declararse el brote, un quinto paciente en contacto con *agapornis* acudió a urgencias con un cuadro similar.

El estudio serológico de *C. psittaci* se realizó mediante micro-inmunofluorescencia indirecta con el kit *Chlamydophila pneumoniae* IFA slide (Vircell). Se recogieron muestras de suero en fase aguda y fase de convalecencia. Se consideró serología positiva una elevación de cuatro veces el título de IgG en sueros seriados o uno superior a 1/32 de IgG con una historia clínica y epidemiológica compatible.

Resultados

Los casos fueron tres hombres y dos mujeres, con edades comprendidas entre 24 y 79 años. La sintomatología fue fiebre alta (100%), cefalea (100%), tos (80%), artromialgias o malestar general (100%), e imagen radiológica compatible con neumonía atípica. Cuatro tuvieron una serología inicial negativa siendo en tres de ellos positiva a las tres semanas, títulos 1/128, 1/512, 1/512, mientras que otro permaneció negativo. El quinto paciente tuvo una primera serología positiva con un título 1/1024. Como tratamiento se administró levofloxacino y doxiciclina en cuatro pacientes y ceftriaxona y azitromicina en uno de ellos, siendo necesario ingreso hospitalario en dos de los casos.

Conclusiones

La psitacosis no es una enfermedad de declaración obligatoria, sin embargo, los brotes deben ser notificados a los sistemas de vigilancia epidemiológica para realizar una búsqueda activa de enfermos e implantar medidas preventivas.

Financiación

Ninguna.

RES0055 Sepsis mortal asociada a un síndrome de hiperinfección por *Strongyloides stercoralis*

Lucrecia Acosta Soto¹, Ranjit Sah², Samikshya Neupane², Shusila Khadka², Ranjana Sah², Sanjit Sah³, Suzanne Donovan⁴, Rafael Toledo⁵

- 1 Universidad Miguel Hernández de Elche Área de Parasitología
- 2 Tribhuvan University, Kathmandu, Nepal
- 3 North East Medical College and Hospital, Sylhet, Bangladesh
- 4 Olive View-UCLA Medical Center, California, USA. Department of Medicine (Division of Infectious Diseases)
- 5 Universidad de Valencia Departamento de Farmacia, Tecnología Farmacéutica y Parasitología

Introducción

La estrongiloidiasis, una infección intestinal causada por *Strongyloides stercoralis*. Esta infección constituye una de parasitosis más importantes en los seres humanos, causando infecciones crónicas debido al ciclo autoinfectioso que desarrolla el parásito. Asimismo, en condiciones de inmunosupresión, puede dar lugar al llamado síndrome de hiperinfección involucrando otros órganos. La tasa de mortalidad en casos de hiperinfección alcanza casi el 100%.

Objetivos

Presentación de un caso de fallecimiento a causa de una sepsis por *E. coli* debida a la propagación de bacterias como consecuencia del síndrome de hiperinfección por *S. stercoralis*.

Materiales y Métodos

Las técnicas utilizadas para el diagnóstico fueron: Tinción de Gram y cultivo de esputo, cultivo de sangre entera y antibiograma, así como concentración de heces.

Resultados

En este estudio se presenta el caso de presentamos un granjero de Nepal de 65 años de edad, hipertenso y con diarrea y dificultades respiratorias. A su llegada al centro sanitario fue tratado con ciclofosfamida e hidrocortisona por un síndrome nefrótico recientemente diagnosticado. La tinción de Gram de la muestra de esputo mostró larvas muertas de un nematodo. Las larvas se identificaron como larvas filariformes de *S. stercoralis* y el análisis de la muestra de heces reveló larvas de rabadiformes móviles y hembras adultas de *S. stercoralis*. Además, el cultivo de esputo, sangre y heces fue positivo para *Escherichia coli* con un perfil de antibiograma idéntico para los tres aislamientos. El paciente falleció a causa de una sepsis por *E. coli* debida a la propagación de bacterias desde el intestino al torrente sanguíneo como consecuencia del síndrome de hiperinfección por *S. stercoralis* desarrollado tras la terapia inmunosupresora.

Conclusiones

El presente caso indica que la detección de la infección por *S. stercoralis* se requiere antes de implementar un tratamiento inmunosupresor en áreas endémicas. Además, los factores epidemiológicos y las características personales del paciente también deben tenerse en cuenta debido a la dificultad de diagnóstico de la estrongiloidiasis.

Financiación

Ninguna.

RES0056 Utilidad de la PCR en el diagnóstico de leishmaniasis visceral

Luis Javier Gil-Gallardo Parras, Marina Simón Páez, Pablo Fernández García, María Asunción Iborra Bendicho, Manuel Segovia Hernández

Hospital Clínico Universitario Virgen de la Arrixaca
Microbiología y Parasitología

Introducción

La leishmaniasis es una parasitosis causada por el protozoo *Leishmania* sp. transmitido por vectores invertebrados de la subfamilia de los *Phlebotominae*. Se estima que cada año se producen en el mundo entre 50 000 y 90 000 nuevos casos de leishmaniasis visceral (OMS, 2017).

Objetivos

El objetivo de este estudio es evaluar la utilidad de la PCR en el diagnóstico de leishmaniasis visceral.

Materiales y Métodos

Estudio retrospectivo en 82 pacientes que ingresaron con sospecha de leishmaniasis visceral en un hospital de la Región de Murcia entre 2014 y 2018. Se seleccionaron 56 pacientes a los que se les realizó una nested-PCR "in house" (gen SSURRNA) en médula ósea o sangre periférica y un ELISA en suero para la detección de anticuerpos IgG e IgM (LEISHMANIA ELISA IgG+IgM®, Vircell Microbiologist, Spain). En 24 de ellos se realizó también la detección de antígeno en orina (KAtex®, Kalon Biological, United Kingdom). Dado que no disponíamos de gold-standard (visualización de formas amastigote de *Leishmania* sp. en médula ósea), se consideró caso de leishmaniasis visceral aquellos pacientes con 2 pruebas distintas positivas o una prueba positiva y leucopenia con hepatomegalia.

Resultados

Según el criterio anterior, se consideraron 12 pacientes positivos (21,4%) y 44 negativos (78,6%).

La PCR fue positiva en los 12 casos, el ELISA en 9 de 12 y negativo en 40 de 44. El KAtex fue positivo en 7 de los 9 infectados en los que se realizó y negativo en 16 de los 44 pacientes no infectados. La sensibilidad y especificidad de la PCR fue del 100% y del ELISA de 77,8% y 96,3% respectivamente.

Los 4 resultados positivos en no infectados obtenidos por ELISA se consideraron falsos positivos siguiendo el criterio descrito y además en el momento del diagnóstico cursaban con una de las siguientes infecciones: Enfermedad de Chagas, infección por *Mycoplasma pneumoniae*, *Leishmaniasis cutánea* y diarrea bacteriana.

Conclusiones

La PCR es una herramienta muy útil con una gran sensibilidad en el diagnóstico de leishmaniasis visceral.

En los casos en los que no se disponga de PCR, consideramos que el ELISA y el KAtex junto con la sintomatología del paciente son una buena alternativa

Financiación

Ninguna.

RES0059 Incidencia de leishmaniasis en la provincia de Granada 2003-2016 y correlación con otros parámetros epidemiológicos

Joaquina Martín Sánchez¹, Javier Rodríguez-Granger², Francisco Morillas-Márquez¹, Gema Merino-Espinosa¹, Antonio Sampedro², Luis Aliaga³, Victoriano Corpas-López¹, Jesús Tercedor-Sánchez⁴, José Aneiros-Fernández⁵, Carmen Acedo-Sánchez⁶, Laura Porcel-Rodríguez⁷, Victoriano Díaz-Sáez¹

- 1 Universidad De Granada/ Facultad De Farmacia Parasitología
- 2 Hospital Universitario Virgen De Las Nieves Microbiología Y Parasitología
- 3 Hospital Universitario Virgen De Las Nieves Medicina
- 4 Hospital Universitario Virgen De Las Nieves Dermatología
- 5 Hospital Campues De La Salud Anatomía Patológica
- 6 Anlave SI
- 7 Universidad De Granada Instituto De Desarrollo Regional

Introducción

Al igual que otros países mediterráneos europeos, España es un país con baja incidencia de leishmaniasis aunque se han evidenciado tanto subdeclaración como deficiencias en el diagnóstico.

Objetivos

Estimar la incidencia de la leishmaniasis humana en la provincia de Granada en un contexto espaciotemporal y correlacionarla con la presencia del vector, prevalencia de leishmaniasis canina y prevalencia de leishmaniasis humana críptica.

Materiales y Métodos

Estudio mixto, retrospectivo y prospectivo para determinar la incidencia de leishmaniasis mediante: 1. Recopilación de los casos declarados al Sistema de Vigilancia Epidemiológica. 2. Análisis retrospectivo 2003/13 con bases de datos hospitalarias. 3. Estudio prospectivo y vigilancia activa 2014/16. Los datos de población se obtuvieron del INE. La visualización de la he-

terogeneidad espacio temporal de la incidencia se ha realizado utilizando ArcGIS. El serodiagnóstico de la LCan se ha realizado utilizando sangre de 4925 perros proporcionada por veterinarios. La infección asintomática en 1200 donantes de sangre se determinó mediante serología y PCR. Las localidades con casos de leishmaniasis se georreferenciaron en un mapa de riesgo de presencia de *Phlebotomus perniciosus*.

Resultados

Durante los 14 años de estudio se identificaron 158 casos de leishmaniasis (156 autóctonos y dos importados) en 56 localidades. El 49.4% no se declararon y la falta de declaración se produjo en todas las formas clínicas, incluidos HIV+. La incidencia anual de leishmaniasis autóctona varió de 0,12 por 100.000 personas-año en 2003 a un máximo de 3,93 en 2016 y mostró una tendencia lineal creciente. Se observó variación entre las comarcas naturales y se detectó un *hotspot*. La incidencia anual media en el periodo 2014/16 durante el que se realizó vigilancia activa fue 3,5 veces mayor que en 2003/13. La prevalencia de LCan en toda la provincia fue 23,7% mientras que la prevalencia de leishmaniasis críptica fue 10,75%, sin aparente relación con las variaciones de incidencia comarcales.

Conclusiones

Se mejora el conocimiento de la incidencia real de la enfermedad, su evolución temporal-espacial y relación con parámetros epidemiológicos susceptibles de estar involucrados en la transmisión

Financiación

Instituto de Salud Carlos III y Fondos Feder: PI14-01024

RES0060 Expansión altitudinal de los flebotomos como modelo de cambio climático

Victoriano Díaz-Sáez, Francisco Morillas-Márquez, Victoriano Corpas-López, Gemma Merino-Espinosa, María Jesús Morillas-Mancilla, Naima Abattouy, Joaquina Martín-Sánchez

Universidad de Granada. Facultad de Farmacia Dpto. de Parasitología

Introducción

Existe un elevado consenso científico de que los cambios previstos, entre 1-5 °C, como consecuencia del calentamiento global van a provocar un incremento de la densidad y expansión longitudinal, latitudinal y altitudinal de vectores de enfermedades, como los flebotomos. Según la UNESCO y Life Watch ERIC de la CE, Sierra Nevada constituye un escenario único, por su posición geográfica, para el seguimiento del cambio climático.

Objetivos

Evaluar la distribución altitudinal de los flebotomos en Sierra Nevada como enclave idóneo marcado por sus diferenciales climáticos, determinados por su variación altitudinal, latitud y por

la compleja topografía que define a esta cordillera para que sirva de referencia en estudios del efecto del calentamiento global sobre la expansión de los flebotomos.

Materiales y Métodos

El estudio se ha realizado en Sierra Nevada. Se seleccionaron cinco estaciones de muestreo a altitudes entre 1.350 y 2.130 msnm (pisos climáticos supramediterráneo y oromediterráneo, respectivamente). Las capturas se realizaron con trampas de luz CDC, colocadas una noche, durante los meses de junio, julio, agosto, septiembre y octubre, desde 2008 a 2013. Los flebotomos capturados se procesaron para su clasificación morfológica.

Resultados

Se capturaron 2.973 flebotomos en 242 trampas, resultando una densidad de 12,29 flebotomos/trampa/noche. *P. perniciosus* fue la especie más frecuente (100%), abundante (80,09%) y de mayor densidad (9,84), seguida de *P. ariasi* (40%, 10,63%, 1,31). El mayor porcentaje de *P. perniciosus* (99,72%) y densidad (230,5 flebotomos/trampa), se obtuvo a 1.350 m; también se capturó *P. perniciosus* a 2.130 msnm., siendo ésta la mayor cota denunciada en España. Se detectó el parásito en el vector y el reservorio.

Conclusiones

En ecosistemas conservados de Sierra Nevada se mantienen poblaciones de flebotomos, a altitudes superiores a las conocidas, favorecidas por el incremento de temperatura como consecuencia del calentamiento global. Estos escenarios altitudinales refuerzan el establecimiento de una interrelación positiva "hospedador-vector-patógeno con el consecuente incremento del área de riesgo de la leishmaniosis por migración de los flebotomos.

Financiación

Proyecto CGL2007-66943-C02-02/BOS

RES0061 Parasitosis delirante. Estudio multicéntrico en Unidades de Enfermedades Infecciosas en España

Beatriz Rodríguez Alonso¹, Elisa Álvarez Artero², Raquel Martínez Goñi³, Hugo Almeida⁴, Nerea María Casado Espada⁵, Nieves Jaén Sánchez⁶, **Moncef Belhassen García⁷**, José Luis Pérez Arellano⁸

- 1 *Complejo Asistencial Universitario de Salamanca Medicina Interna*
- 2 *Hospital General de Palencia, Río Carrión Medicina Interna*
- 3 *Hospital Universitario del Vinalopó Unidad de Enfermedades Infecciosas*
- 4 *Hospital Sousa Martins, ULS Guarda. Medicina Interna*
- 5 *Complejo Asistencial Universitario de Salamanca Servicio de Psiquiatría*

- 6 *Complejo Hospitalario Materno Insular Las Palmas de Gran Canaria. epartamento de Ciencias Médicas y Quirúrgicas e Instituto de Biomedicina. Universidad de Las Palmas de Gran Canaria. Unidad de Enfermedades Infecciosas y Medicina Tropical*
- 7 *Complejo Asistencial Universitario de Salamanca Servicio de Medicina Interna. Unidad de Enfermedades Infecciosas. IBSAL. CIETUS.*
- 8 *Complejo Hospitalario Materno Insular Las Palmas de Gran Canaria. Departamento de Ciencias Médicas y Quirúrgicas e Instituto de Biomedicina. Universidad de Las Palmas de Gran Canaria. Unidad de Enfermedades Infecciosas y Medicina Tropical.*

Introducción

El delirio por infestación o síndrome de Ekbohm es un síndrome descrito principalmente en el campo de la Psiquiatría y la Dermatología, con un abordaje diagnóstico y terapéutico complejo. Sin embargo, no es infrecuente valorar pacientes con esta enfermedad en Unidades de Enfermedades Infecciosas.

Objetivos

El objetivo de este trabajo es describir la experiencia tres Unidades de Enfermedades Infecciosas con respecto a esta entidad.

Materiales y Métodos

Estudio descriptivo retrospectivo de 20 pacientes diagnosticados de delirio parasitario en tres Unidades de Enfermedades Infecciosas del Complejo Asistencial Universitario de Salamanca, Hospital Insular de Gran Canaria y Hospital Universitario del Vinalopó de Elche entre los años 2003-2017.

Resultados

La edad mediana de los pacientes fue de 54 años siendo la relación mujeres/hombres de 1,5:1. En 9 pacientes se describió un delirio endoparasitario (principalmente digestivo), en 5 una forma ectoparasitaria y en los 6 restantes una forma mixta. En 11 pacientes se recogió de forma explícita la presencia de prurito. Dentro de los antecedentes patológicos relevantes, 6 presentaron hipotiroidismo y 5 una parasitosis previa. 14 presentaron algún tipo de alteración psiquiátrica, siendo la más frecuente el síndrome ansioso-depresivo. En lo que respecta a los hábitos tóxicos, únicamente 4 pacientes presentaban trastorno por abuso de alcohol o drogas. Además de la consulta a Servicios de Urgencias y Atención primaria, todos habían realizado consultas a otras especialidades con una mediana de tres por paciente (rango 1-7). 10 pacientes recibieron en algún momento de su evolución tratamiento antiparasitario "empírico" y 8 algún tipo de psicofármaco. La evolución fue muy variable: en 3 pacientes se resolvió el DI, en 9 pacientes persistieron las manifestaciones clínicas y el resto los pacientes no acudieron al seguimiento.

Conclusiones

El síndrome de Ekbohm es un proceso no infrecuente en los Servicios de Enfermedades Infecciosas, presentando algunas diferencias con otras series evaluadas por dermatólogos y psiquiatras.

El manejo es complejo y supone en muchas ocasiones un gran consumo de recursos. Por ello, para el manejo de esta enfermedad se debería promover un abordaje multidisciplinar para posibilitar un abordaje conjunto, optimizando así el manejo del paciente y la adherencia terapéutica.

Financiación

No

RES0066 Primera evidencia de la delección en los genes *pfhdrp2* y *pfhrp3* de *Plasmodium falciparum* en Guinea Ecuatorial

Vicenta González Mora¹, Laura Taravillo¹, Alfredo Mayor², María Romay-Barja¹, Luz García¹, Policarpo Ncogo³, Matilde Riloha⁴, Agustín Benito Llanes¹, Pedro Berzosa Díaz¹

- 1 Centro Nacional de Medicina Tropical, Instituto de Salud Carlos III Medicina Tropical
- 2 ISGlobal
- 3 PSGlobal, Guinea Ecuatorial
- 4 Ministerio de Sanidad y Bienestar Social de Guinea Ecuatorial

Introducción

Desde 2010, la OMS recomienda dar tratamiento cuando hay confirmación parasitológica de malaria, por microscopía o Test de Diagnóstico Rápido (TDR). La mayoría de los TDRs detectan la proteína PfHRP2 expresada por *P. falciparum*, pero los TDRs tienen falsos positivos, debido a que la proteína persiste en sangre varios días tras la desaparición de la infección y falsos negativos debido a la delección en el gen *pfhrp2*. El aumento de los falsos negativos en África, ha hecho que la OMS considere necesario monitorear dicha delección.

Objetivos

Determinar si los casos de falsos negativos por TDR detectados en Guinea Ecuatorial son debidos a delección en los genes *pfhrp2* y *pfhrp3*.

Materiales y Métodos

Se recogieron un total de 1741 muestras en el distrito de Bata (Región Continental). Se realizó el diagnóstico microscópico y TDR, y se tomó muestra en papel whatman para estudios moleculares. La SnM-PCR de malaria se aplicó como control de calidad del diagnóstico, detectándose 128 muestras positivas a malaria que fueron negativas mediante TDR. Se realizó la PCR para el exon2 de los genes *pfhrp2* y *pfhrp3* y así determinar si había delección. Para comprobar que sí había delección y que no era un problema de la viabilidad del ADN, se procedió además a amplificar 4 genes de *P. falciparum*: *pfdhfr*, *pfdhps*, *pfmdr1* y *pfprt*.

Resultados

En 86 muestras (5%, 95%CI: 4.1-6.1) se detectó delección en ambos genes, 15 muestras (0.87%, 95%CI: 0.5-1.4) no tuvieron delección en ningún gen. Por otro lado 11 muestras (0.6%, 95%CI: 0.4-1.1) solo mostraron delección en *pfhrp2* y 16 (0.9%, 95%CI: 0.6-1.5) solo delección en *pfhrp3*.

Conclusiones

Se ha detectado por primera vez en Guinea Ecuatorial delecciones en ambos genes. Esto tiene un importante impacto en la Salud Pública del país, ya que en muchos lugares remotos se utiliza de forma rutinaria únicamente el TDR, lo que supone que haya pacientes con malaria que no están siendo diagnosticados. Por tanto, para poder controlar los diagnósticos que se están realizando y mejorar así el cuidado del paciente, es necesario aumentar la vigilancia y mapear dicha delección en todo el país

Financiación

TRPY 111/18 y TRPY 1335/16 (RICET)

RES0067 Evolución de *P. falciparum* en genes asociados a resistencia a antimaláricos de Guinea Ecuatorial (15 años)

Irene Molina de la Fuente¹, Luz García García², Vicenta González Mora², María Luisa Navarro Rico², Rosario Galán², Laura Taravillo², Consuelo Oki³, Matilde Riloha Rivas³, Agustín Benito Llanes², Pedro Berzosa Díaz²

- 1 Centro Nacional de Medicina Tropical, Instituto de Salud Carlos III
- 2 Centro Nacional de Medicina Tropical, Instituto de Salud Carlos III Medicina Tropical
- 3 Ministerio de Sanidad y Bienestar Social de Guinea Ecuatorial

Introducción

Plasmodium falciparum ha desarrollado resistencias frente a todos los antimaláricos disponibles. La mayoría de las resistencias son consecuencia de mutaciones *de novo* en el genoma de *P. falciparum*, que son seleccionados por la presión farmacológica. El estudio del perfil mutacional permite evaluar la presión farmacológica y la eficacia de los tratamientos oficiales

Objetivos

Perfil mutacional de *P. falciparum* asociado a resistencia molecular a distintos antimaláricos a lo largo de 15 años en Guinea Ecuatorial.

Determinar si la presión farmacológica ha provocado cambios en su perfil mutacional.

Materiales y Métodos

Muestras de sangre en papel whatman procedentes de la colección del CNMT. Se caracterizan mediante PCR-RFLPs haplotipos en los genes *pfdhfr*, *pfdhps* (resistencia a sulfadoxina/pirimetamina (SP)), *pfmdr1* gen de multiresistencia (resistencia a cloroquina (CQ), amodiaquina (AQ) y lumefantrina (L) y *pfcr1* (resistencia con CQ y derivados).

Resultados

En 15 años aumentan todos los haplotipos de resistencia a SP: el **parcialmente resistente** pasa de un 46,28% en 2002 a un 91,13% en 2017, el **totalmente resistente** pasa de 1,65% a un 14,54%. En 2017/8 aparecen mutaciones de interés como *Pfdhfr*164L (2,17%) y *Pfdhps*581G (1,81%). De las tres zonas analizadas, se observa que en Ebibeyín (región continental) el totalmente resistente aparece en mayor frecuencia (20,83%), y en Malabo solo en un 8,64% (región insular). Teniendo en cuenta *pfmdr1* y *pfcr1* se observa una tendencia descendente en 15 años. El haplotipo *Pfmdr1* 86Y + *Pfcr1* 76T ha disminuido en un 96% entre 2002 y 2017. El marcador de resistencia a CQ *Pfcr1* 76T y *Pfmdr1* 86Y + *Pfcr1* 76T, asociado a resistencia a AQ, tienen mayor prevalencia en la región insular.

Conclusiones

La resistencia molecular a SP tiene una tendencia ascendente con alta tasa de mutación, aunque el nivel de resistencias *in vivo* actual no compromete la eficacia del TPI.

El haplotipo *Pfmdr1* 86Y + *Pfcr1* 76T ha disminuido mucho desde 2002, indica que en el país ha habido una buena retirada y regulación del uso de la CQ. En 2017 el haplotipo *pfmdr1* 86Y/1246Y relacionado con resistencia a ASAQ (tratamiento de 1ª intención en el país) no se detecta.

Las resistencias moleculares a CQ, MQ, L y AQ se encuentran en media-baja prevalencia y con tendencia descendente.

Financiación

TRPY 111/18 y OMS

RES0069 Mutaciones en *pfk13* de *P. falciparum*: presión de los tratamientos combinados con artemisininas en Guinea Ecuatorial

Ana de la Fuente¹, Vicenta González Mora², Luz García², María Luisa Navarro Rico², Carlos Villa², Laura Taravillo², Matilde Riloha Rivas³, Agustín Benito Llanes², **Pedro Berzosa Díaz²**

- 1 Centro Nacional de Medicina Tropical, Instituto de Salud Carlos III
- 2 Centro Nacional de Medicina Tropical, Instituto de Salud Carlos III Medicina Tropical
- 3 Ministerio de Sanidad y Bienestar Social de Guinea Ecuatorial

Introducción

En 2008 Guinea Ecuatorial implanta las Terapias Combinadas con artemisininas (TCAs). La aparición de resistencias a los TCAs, supone uno de los principales obstáculos para el control y eliminación de la malaria. La resistencia a las artemisininas ha surgido por mutaciones *de novo* en la subregión del Gran Mekong (GMS). La aparición y expansión en África supone una seria amenaza. La identificación y validación de mutaciones del marcador *pfk13* permite detectar la aparición de las resistencias a artemisininas.

Objetivos

1. Determinar si los TCAs en Guinea Ecuatorial han generado una selección de parásitos con mutaciones implicadas en la resistencia.
2. Comprobar si los parásitos del 1999 tienen un perfil mutacional en *pfk13* diferente a los parásitos de 2018 influenciado por la presión farmacológica de los TCAs.

Materiales y Métodos

Se analizaron muestras del año 1999 y de 2018. Tras la extracción del ADN se realizó la Nested-PCR del gen *pfk13*. Las muestras positivas (850pb) fueron secuenciadas. Las secuencias fueron analizadas mediante BioEdit y MultAlain, y se comparaban con la secuencia de referencia del clon 3D7 de *P. falciparum* para identificar las posibles mutaciones.

Resultados

En 1999 se detectan mutaciones aun sin presión farmacológica como G449G y D452E (3,3%), estas mutaciones pudieron surgir el alto nivel de transmisión y la diversidad genética. En 2018 aumenta el número de mutaciones, pero con baja frecuencia. Las mutaciones con más frecuencia fueron G449G (4,3%) y A578S al igual que en 1999. La mutación A578S, no está relacionada con el retraso del aclaramiento parasitario, pero puede ser de interés al estar próxima a la mutación C580Y que confiere resistencia. Se han detectado mutaciones puntuales no descritas anteriormente, Y456N, F451V, E455K, M460I y M460K. Lo más importante es que no se han detectado mutaciones asociadas avaladas por la OMS poniendo en peligro los tratamientos con TCAs.

Conclusiones

El Programa de Lucha Antipalúdica de Guinea Ecuatorial debe implementar una vigilancia epidemiológica mediante el estudio de *pfk13* para conocer la aparición de resistencias y evitar su propagación para no poner en peligro los tratamientos en el país.

Se deberá analizar la implicación en la resistencia de las nuevas mutaciones descritas.

Financiación

TRPY 111/18

RES0071 Diagnóstico serológico de la estrogiloidiasis: desarrollo y aplicación en muestras clínicas de un Western Blot

Elena Dacal Picazo¹, José María Saugar Cruz¹, Sonsoles Jiménez Sánchez¹, Julio López-Abán², Pedro Fernández-Soto², Esperanza Rodríguez de las Parras¹

- 1 Instituto de Salud Carlos III/Centro Nacional de Microbiología Laboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología/Unidad de Diagnóstico Serológico de Parasitosis
- 2 Universidad de Salamanca/Facultad de Farmacia Instituto de Investigación Biomédica de Salamanca-Centro de Investigación de Enfermedades Tropicales de la Universidad de Salamanca (IBSAL-CIETUS)/Grupo e-INTRO (Enfermedades Infecciosas y Tropicales)

Introducción

La estrogiloidiasis representa un problema de salud pública aunque su prevalencia está subestimada debido principalmente a que las técnicas de diagnóstico utilizadas no son las correctas. La gran mayoría de los pacientes son asintomáticos y pueden permanecer en este estatus durante muchos años. La aplicación de técnicas serológicas permite un diagnóstico más sensible del parásito. Actualmente la técnica más ampliamente utilizada es la técnica ELISA, pero su especificidad es baja ya que se ha descrito reactividad cruzada con otras helmintiasis. La aplicación de ensayos serológicos más específicos como la técnica de *Western Blot* (WB) podría ayudar a la confirmación de los resultados obtenidos por otras técnicas.

Objetivos

Desarrollar un ensayo de diagnóstico mediante WB frente a *Strongyloides* spp. y tratar de determinar las bandas de carácter diagnóstico.

Materiales y Métodos

Para el desarrollo de la técnica de WB se utilizó como fuente anti-génica un extracto crudo de larvas L3 de *S. venezuelensis*. Se analizaron un total de 102 sueros de los cuales: 10 pertenecían a pacientes con estrogiloidiasis parasitológicamente confirmada; 30 a donantes negativos; 20 a pacientes negativos a *Strongyloides* spp. por la técnica comercial *Strongyloides* IgG IVD-ELISA y positivos a otras helmintiasis; y 42 sueros de pacientes con serología positiva por *Strongyloides* IgG IVD-ELISA con índices entre 1,67 y 16,18.

Resultados

El patrón de reconocimiento obtenido en las muestras de pacientes con estrogiloidiasis confirmada se caracterizó por la presencia en todas ellas de un *smear* de entre 27 y 41 kDa. Este patrón no apareció en los sueros de donantes negativos ni en los positivos a otras helmintiasis, donde únicamente se reconocen proteínas de mayor peso molecular (103-50 kDa). En 32 de los 42 sueros de pacientes con serología positiva por el kit *Strongyloides* IgG IVD-ELISA (76,19%) aparecen una o varias bandas

reactivas dentro del rango de 27-41 kDa y además en 19 de ellos aparecen en forma de *smear*.

Conclusiones

La técnica de WB desarrollada podría ser un método confirmatorio adecuado para el diagnóstico serológico de la estrogiloidiasis, determinando las bandas de carácter diagnóstico entre 24 y 41 kDa.

Financiación

Proyectos AESI MPY 1148/16 y PI16/01784. RD16CII-1/0003/0004-RD16/0027/0018 de Red de Investigación Cooperativa en Enfermedades Tropicales (RICET).

RES0072 Aproximación al diagnóstico serológico diferencial de las cestodosis humanas desatendidas: cisticercosis e hidatidosis

Ana Hernández-González¹, Laura Urrea del Moral¹, Belén González-Bertolín², Agnes Fleury³, Elena Sulleiro⁴, Juan Cuadros⁵, Mar Siles-Lucas⁶, Teresa Gárate⁷, María Jesús Perteguer Prieto⁸

- 1 Instituto de Salud Carlos III /Centro Nacional de Microbiología, Majadahonda-Madrid, España Laboratorio de Helmintos, Laboratorio de Referencia y Diagnóstico en Parásitos.
- 2 Instituto de Salud Carlos III /Centro Nacional de Microbiología Laboratorio de Helmintos, Laboratorio de Referencia y Diagnóstico en Parásitos.
- 3 Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM - Universidad Nacional Autónoma de México, México DC, México Unidad de Neuroinflamación.
- 4 Hospital Universitario Vall d'Hebron. Universitat Autònoma de Barcelona. PROSICS Barcelona, Barcelona, España Servicio de Microbiología.
- 5 Clínica Hospital Príncipe de Asturias, 28805, Alcalá de Henares, Madrid, España. Departamento de Parasitología y Microbiología.
- 6 Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Salamanca (IRNASA-CSIC), Salamanca, España. Departamento de Desarrollo Sostenible de Sistemas Agroforestales y Ganaderos
- 7 Instituto de Salud Carlos III /Centro Nacional de Microbiología, Majadahonda-Madrid, España "in memoriam" Laboratorio de Helmintos, Laboratorio de Referencia y Diagnóstico en Parásitos.
- 8 Instituto de Salud Carlos III /Centro Nacional de Microbiología, Majadahonda-Madrid, España Laboratorio de Helmintos, Laboratorio de Referencia y Diagnóstico en Parásitos.

Introducción

La equinococosis quística y la cisticercosis/neurocisticercosis, son dos parasitosis cuyo diagnóstico implica la combinación de técnicas de imagen, moleculares y serológicas, necesitando estas mejorar sus propiedades diagnósticas.

Objetivos

Aplicación de antígenos recombinantes (Agr) a la tecnología xMAP® (multiplex-bead-based-assay-MBA) para el diagnóstico serológico diferencial y simultáneo de dos parasitosis, neurocisticercosis-NCC e hidatidosis-EQ/CE, por detección de IgG específicas. Comparación de resultados con técnicas comerciales disponibles.

Materiales y Métodos

Los Agr T24H y 2B2t expresados en sistemas procariotas se purificaron mediante cromatografía de afinidad. Cada proteína fue acoplada a una microesfera magnética diferente optimizándose las condiciones de acoplamiento e inmunoensayo. Un total de 499 sueros se testaron por esta técnica: 288 hidatidosis, 132 neurocisticercosis y 79 individuos sanos. El rendimiento de la técnica se comparó con el de dos tests-ELISA comerciales, Novalisa® para el diagnóstico de NCC y Ridascreen® para el diagnóstico de CE.

Resultados

Los valores de corte, sensibilidad y especificidad se calcularon mediante curvas ROC en MBA. La especificidad para ambos Agr, con sueros de individuos sanos, fue del 100%. La reactividad cruzada con sueros de NCC fue del 12,1% (16/132) con el recombinante 2B2t específico de CE. La reactividad cruzada con sueros de CE fue del 8,7% (25/288) con el recombinante T24H específico de NCC. Con Ridascreen la especificidad para pacientes con NCC estuvo entre 59,2-70%. Con Novalisa la especificidad fue del 47,2%-57% en pacientes con hidatidosis. Apenas hubo diferencias significativas de sensibilidad entre el MBA para CE y el Ridascreen (60,1% y 60,7-66,7%). La sensibilidad con Novalisa fue menor (40-46,1%) en comparación con MBA con el antígeno T24H (61,4% en total), variando estos valores en caso de enfermedad activa o inactiva.

Conclusiones

Los test comerciales no son apropiados para su aplicación en el diagnóstico de pacientes procedentes de áreas endémicas donde coexisten estas dos parasitosis debido al alto porcentaje de reactividad cruzada, siendo una buena alternativa el uso de recombinantes específicos en un sistema múltiple.

Financiación

Trabajo financiado por el proyecto PI17CIII/00019 de la Acción Estratégica de Salud Intramural (ISCIII-AESI) y los proyectos, D16CIII/0003/0004 y RD16/0027/0003 de la Red de Investigación Cooperativa en Enfermedades Tropicales (RICET).

RES0074 Biomarcadores tempranos para monitorizar el tratamiento de la leishmaniasis visceral

Ana Victoria Ibarra-Meneses¹, Yetem Aleka², Juan Víctor San Martín³, Carmen Sanchez¹, Johan van Griesven⁴, Wim Adriaensen⁴, Javier Moreno¹, Eugenia Carrillo¹

- 1 Instituto de Salud Carlos III. Centro Nacional de Microbiología Laboratorio de referencia e investigación en Parasitología
- 2 Universidad de Gondar, Gondar, Etiopía. Departamento de Inmunología y Biología Molecular
- 3 Hospital Universitario de Fuenlabrada Banco de Sangre y Servicio de Hemoterapia, Laboratorio de Medicina.
- 4 Instituto de Medicina Tropical Unidad de NTDs, Departamento de Ciencias Clínicas.

Introducción

El diagnóstico precoz y el tratamiento de la leishmaniasis visceral (LV) son clave para reducir la morbilidad y mortalidad en áreas endémicas. Las nuevas metodologías y la identificación de biomarcadores, contribuyen a un diagnóstico temprano y rápido de la infección, así como a la monitorización de los pacientes tras el tratamiento.

Objetivos

El objetivo es examinar las concentraciones de IFN-g e IP-10 en el plasma estimulado con el antígeno soluble de *Leishmania* como potenciales biomarcadores tempranos de cura de LV.

Materiales y Métodos

Áreas de estudio y toma de muestras:

1. Madrid, España (*L.infantum*)= 8 pacientes con LV activa (D0) y tras 1, 3 y 6 meses post-tratamiento.
2. Gondar, Etiopía (*L.donovani*)= 13 pacientes desde D0, durante la primera semana del tratamiento (W1), y al finalizarlo (2-3 semanas)(EOT).

En ambas áreas se realizaron pruebas moleculares (PCR cuantitativa), serológicas (rK39-ICT) y celulares (WBA y análisis de IFN-g e IP-10 mediante citometría de flujo) para la caracterización de los pacientes.

Resultados

En ambas áreas de estudio:

- Los pacientes con la enfermedad **activa** tuvieron PCR positiva. Además, se detectaron anticuerpos en 63%(5/8) y 100%(13/13) de los pacientes de área endémica de *L.infantum* y *L.donovani*, respectivamente. La respuesta celular fue negativa.

- A partir de la segunda toma de muestra, la técnica de PCR fue negativa y los niveles de anticuerpos se mantuvieron en W1, EOT o tras un mes post-tratamiento.
- Tras 6 meses de tratamiento, ninguno de los pacientes recayó.

En área endémica de *L.infantum*: Tras un **mes de tratamiento**, se genera una respuesta de memoria frente a *Leishmania*, encontrando que 63%(5/8) y 75%(6/8) de los pacientes produjeron IFN- γ e IP-10 en el plasma estimulado, respectivamente. Tras 6 meses post-tratamiento se produjo IFN- γ en el 100% de los pacientes.

En área endémica de *L.donovani*: En la **primera semana** del tratamiento, reportamos que 77%(10/13) y 85%(11/13) de los pacientes produjeron IFN- γ e IP-10. Tras la **finalización del tratamiento**, 100% y 92% de los pacientes secretaron ambos analitos.

Conclusiones

IFN- γ e IP-10 son biomarcadores tempranos para determinar el éxito del tratamiento de la LV en ambas áreas endémicas. Futuros estudios con un número mayor de muestras servirán para validar estos resultados.

Financiación

RICET(RD16CIII/0003/0002).

RES0075 Terapia anti-TNF y otros tratamientos inmunosupresores en la infección por *Leishmania infantum*

Lorena Bernardo Bernardo, Jose Carlos Solana Morcillo, Carmen Sánchez Herrero, Alba Romero Kauss, Eugenia Carrillo Gallego, Javier Moreno Nuncio

Instituto de Salud Carlos III- Centro Nacional de Microbiología Parasitología

Introducción

La leishmaniasis es una enfermedad infecciosa causada por parásitos protozoos del género *Leishmania* que se encuentra ampliamente distribuida a nivel mundial. La inmunosupresión es uno de los principales factores de riesgo que conducen al desarrollo de la leishmaniasis visceral, que es la forma clínica más severa de la enfermedad. En los últimos años, se está produciendo un aumento de casos de leishmaniasis visceral tras el tratamiento con fármacos inmunosupresores como los corticoides, anticuerpos anti-TNF o metotrexato.

Objetivos

Conocer y comparar el efecto que tienen estos tratamientos inmunosupresores en el desarrollo de la leishmaniasis visceral.

Materiales y Métodos

Tras una semana de inmunosupresión con los tratamientos inmunosupresores metilprednisolona, anti-TNF y metotrexato, ratones

C57BL/6 fueron infectados con la cepa JPC de *Leishmania infantum* por vía intravenosa con una concentración de 10^8 parásitos/mL. La inmunosupresión se mantuvo a lo largo de las cuatro semanas de experimentación. Finalmente, se cuantificó el número de parásitos totales en hígado y bazo a través de la PCR cuantitativa. Además, se midieron los niveles de IgG en suero y, por último, se evaluó mediante citometría de flujo la respuesta inmune celular específica e inespecífica en los esplenocitos de los animales.

Resultados

Los resultados muestran que el tratamiento con un bloqueante del TNF- α es el que acentúa más el desarrollo de la enfermedad en comparación con los otros inmunosupresores estudiados, ya que incrementa cinco veces la carga parasitaria en el hígado respecto a los demás grupos. Además se observan diferencias significativas entre los grupos estudiados tanto en las distintas poblaciones celulares analizadas como en el título de anticuerpos séricos medidos.

Conclusiones

La inmunosupresión inducida ha demostrado ser un factor de riesgo importante para el desarrollo de la leishmaniasis visceral. Por tanto sería conveniente controlar en zonas endémicas a aquellos pacientes que estén tratados con estos inmunosupresores y, más en concreto, a los que reciban una terapia anti-TNF- α .

Financiación

Este estudio ha recibido financiación del Instituto de Salud Carlos III a través de la Red de Investigación de Enfermedades Tropicales (RD16CIII/0003/0002) y vía los proyectos ISCIII-AESI P116CIII/00007 y AESI P118CIII/00029.

RES0076 Utilidad de la técnica de linfoproliferación específica en el manejo de pacientes con leishmaniasis visceral

Jose Carlos Solana¹, Laura Botana¹, Carmen Sánchez¹, Ana Victoria Ibarra-Meneses¹, Lorena Bernardo¹, Alicia Castro², Belén Matia², Juan Víctor San Martín², Eugenia Carrillo¹, Javier Moreno¹

1 *Centro Nacional de Microbiología - Instituto de Salud Carlos III Parasitología*

2 *Hospital Universitario de Fuenlabrada*

Introducción

Es necesario disponer de técnicas que permitan determinar en qué momento se produce la cura de la leishmaniasis visceral (LV) tras el tratamiento, especialmente para pacientes inmunodeprimidos en los que las recaídas son frecuentes. En pacientes coinfectados con VIH, si no hay certeza de la cura, el tratamiento antiparasitario puede prolongarse de manera profiláctica de por vida. En pacientes con enfermedades autoinmunes, es necesario reintroducir lo antes posible el tratamiento inmunosupresor retirado para el tratamiento eficaz de LV.

Objetivos

El objetivo de este trabajo fue analizar la utilidad de la linfoproliferación frente al antígeno soluble de *Leishmania* (SLA) en el seguimiento de pacientes de LV y en la toma de decisiones sobre el tratamiento.

Materiales y Métodos

Cohorte de 35 pacientes de LV procedentes del Hospital de Fuenlabrada: 10 inmunocompetentes, 10 coinfectados con VIH tratados con TARGA y 15 con tratamiento inmunosupresor. Se aislaron PBMCs en, al menos, tres momentos distintos del seguimiento en un intervalo de 3 o 6 meses y se estimularon con SLA para determinar su capacidad linfoproliferativa.

Resultados

En todos los individuos inmunocompetentes se observó respuesta celular positiva 6 meses desde el inicio del tratamiento y en el 80% a partir de los 3 meses, indicando la eficacia del tratamiento y la cura clínica. A los pacientes coinfectados con VIH que mostraron linfoproliferación frente a SLA se les retiró la profilaxis antiparasitaria y continúan sin recaídas desde entonces (hasta 9 años después). El test de linfoproliferación permitió la reintroducción de tratamientos inmunosupresores de forma segura y la detección de recaídas asociadas a la pérdida de esta respuesta.

Conclusiones

La técnica de linfoproliferación es útil en la toma de decisiones en pacientes con tratamiento para LV: determinar el momento de la cura, evaluar la retirada de la profilaxis secundaria antiparasitaria en pacientes VIH y valorar la reintroducción del tratamiento inmunosupresor y el riesgo de recaída.

Financiación

RICET(RD16CIII/0003/0002); AESI (PI18CIII/00029); AESI (PI16CIII/0007).

RES0079 Vigilancia epidemiológica de la infección por *Leishmania* en la Comunidad Autónoma de Madrid

Ana Victoria Ibarra-Meneses¹, Eugenia Carrillo¹, Carmen Sánchez¹, Sheila Ortega¹, Javier Nieto¹, Alicia Estirado², Juan Carlos Sanz³, Luis García², María Ordobás², Javier Moreno¹

- 1 Instituto de Salud Carlos III Laboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología
- 2 Consejería de Sanidad. División de Epidemiología de la Comunidad de Madrid
- 3 Laboratorio Regional de Salud Pública. Laboratorio Regional de Salud Pública.

Introducción

Tras el brote de leishmaniasis ocurrido en el año 2009 en la región suroeste de Madrid, la Consejería de Sanidad incluyó a la leishmaniasis dentro de la V Encuesta de Vigilancia Seroepidemiológica para conocer la situación de la leishmaniasis en la Comunidad Autónoma de Madrid (CAM).

Objetivos

El objetivo de este estudio fue determinar la prevalencia de infección asintomática por *Leishmania* en la CAM.

Materiales y Métodos

Se llevó a cabo un estudio transversal en el marco de la V Encuesta de Vigilancia Seroepidemiológica realizada por la Consejería de Sanidad de la CAM. Se incluyeron 4000 muestras de voluntarios sanos con edades comprendidas entre 1 y 80 años, sin historial previo de leishmaniasis y sin signos ni síntomas de la enfermedad, provenientes de 82 centros de salud. La detección de individuos con infección asintomática se realizó mediante: 1) la combinación del ensayo de inmunofluorescencia indirecta (IFI) (título $\geq 1:80$) y la reacción en cadena de la polimerasa (k-PCR), y 2) el ensayo de estimulación de sangre completa (WBA) y la cuantificación de IL-2 (cut-off ≥ 50.3 pg/ml).

Resultados

Empleando el WBA, se reportó una prevalencia media del 8.8% de infección asintomática por *Leishmania* en la CAM. Esta prevalencia fue variable, encontrando un 5.7% (IC95% 2.8-8.7) en la zona norte, un 6.6% (IC95% 4.4-8.8) en la zona centro de Madrid, un 9.4% (IC95% 3.5-15.4) en la zona sur y un 15.0% (IC95% 8.4-20) en el suroeste de la CAM (donde se encuentra Fuenlabrada, área post-brote de leishmaniasis). Sin embargo, la prevalencia media empleando IFI y k-PCR fue del 0.2% y 0.0%, respectivamente; subestimando la cohorte de sujetos asintomáticos infectados en la CAM.

Conclusiones

En esta encuesta epidemiológica determinamos la prevalencia de la infección asintomática por *Leishmania* en las distintas zonas de la CAM. La detección de estos sujetos asintomáticos fue más efectiva empleando el WBA. Asimismo, fuimos capaces de identificar zonas de alta prevalencia en las distintas áreas de la CAM.

Financiación

Este estudio fue financiado por el Instituto de Salud Carlos III a través del proyecto ISCIII-AES (PI18CIII/00028), por la Red de Enfermedades Tropicales (RD16CIII/0003/0002) y por la Consejería de Sanidad de la CAM.

RES0085 Esquistosomiasis importada. Serie de casos del Hospital General Universitario de Alicante

Diego Torrús-Tendero¹, Antoni-Manel Ramírez-Márquez¹, Adelina Gimeno-Gascón², Alexander Scholz¹, José Manuel Ramos-Rincón¹

- 1 *Hospital General Universitario de Alicante. Instituto de Investigación Sanitaria y Biomédica de Alicante (ISABIAL). Unidad de Referencia de Enfermedades Importadas y Salud Internacional*
- 2 *Hospital General Universitario de Alicante. Instituto de Investigación Sanitaria y Biomédica de Alicante (ISABIAL). Servicio de Microbiología*

Introducción

La esquistosomiasis es considerada la segunda enfermedad parasitaria más prevalente después de la malaria y alrededor de 200 millones de individuos están infectados, especialmente en África subsahariana. En los últimos dos décadas han aumentado los casos importados como consecuencia de los movimientos migratorios y el aumento del turismo a zonas endémicas.

Objetivos

Analizar las características clínicas y epidemiológicas de los casos de esquistosomiasis importada diagnosticados en la Consulta de Enfermedades Importadas y Parasitología Clínica (CEIPC) del Hospital General Universitario de Alicante (HGUA) de Junio del 2000 a Marzo del 2019.

Materiales y Métodos

Estudio retrospectivo. Análisis serie de casos. Se ha hecho una búsqueda en la base de datos de la CEIPC del HGUA de casos diagnosticados de esquistosomiasis entre el 01-01-2000 al 31-03-2019 (códigos de esquistosomiasis de la CIE-9: 120.0, 120.1, 120.2, 120.3, 120.8 y 120.9). Posteriormente se ha creado una base de datos específica con distintas variables. Se ha comparado si existen diferencias clínicas y epidemiológicas entre viajeros frente a inmigrantes/VFR. El recuento de eosinófilos y los títulos serológicos se utilizaron como marcadores de curación.

Resultados

Desde Junio 2000 hasta Marzo 2019, se atendieron en la CEIPC a 1755 pacientes. Se han registrado 46 casos de esquistosomiasis (2,6% de todos los pacientes atendidos y el 13º diagnóstico más frecuente). Treinta pacientes (87%) provenían de África subsahariana. La eosinofilia estaba presente en 28 pacientes (60,9%), seguida de otras manifestaciones como la dermatosis (23,9%) y prurito (23,9%). La fiebre ($p=0,014$) y la tos ($p=0,034$) fueron significativamente más frecuentes en los viajeros frente a los inmigrantes/VFR. El diagnóstico de esquistosomiasis se realizó mediante serología en 43 pacientes (93,5%). Solamente en 3 pacientes (6,5%) se llegó a un diagnóstico de confirmación mediante la detección de huevos en heces y/o biopsia. 27 pacientes (58,8%) presentaron infecciones asociadas. Todos los pacientes recibieron praziquantel. El seguimiento clínico tras el tratamiento solamente se consiguió en 26 pacientes, de los cuales un 81% cumplían criterios de curación.

Conclusiones

La mayoría de los pacientes estaban asintomáticos y presentaban eosinofilia. Los casos sintomáticos se dan sobre todo en viajeros (esquistosomiasis aguda). Casi todos los casos se diagnosticaron por serología.

Financiación

Ninguna.

RES0086 Genotipado de *Plasmodium falciparum* en casos de malaria importada

Ana María Álvarez Fernández¹, Ana Pérez de Ayala², Alexandra Martín Ramírez¹, Isabel Fradejas Villajos³, Juan María Herrero Martínez⁴, Elena Trigo⁵, Silvia García Bujalance⁵, José Manuel Ruiz Giardin⁶, Jerónimo Jaqueti⁶, Joaquín Salas⁷, Matilde Palanca⁸, José Ángel Cuenca⁹, José Manuel Azcona Gutiérrez¹⁰, Concepción García García¹¹, María Velasco¹², Carolina Campelo¹³, Alberto Delgado Iribarren¹², María Calderón Moreno¹⁴, Pablo Martín Rabadán¹⁵, Gerardo Rojo-Marcos¹⁶, Juan Cuadros¹⁷, José Miguel Rubio¹

- 1 *Centro Nacional de Microbiología-Instituto de Salud Carlos III, Majadahonda, Madrid, España Unidad de Malaria y Protozoos Emergentes*
- 2 *Hospital Universitario 12 de Octubre, Madrid, España. Departamento de Microbiología Clínica*
- 3 *Hospital Universitario 12 de Octubre, Madrid, España Departamento de Microbiología Clínica*
- 4 *Hospital Universitario 12 de Octubre, Madrid, España Servicio de Medicina Interna*
- 5 *Hospital Universitario La Paz, Madrid, España Servicio de Medicina Interna*
- 6 *Hospital Universitario de Fuenlabrada, Madrid, España Servicio de Medicina Interna*
- 7 *Hospital de Poniente, El Ejido, Almería. España Servicio de Medicina Interna*
- 8 *Hospital de Poniente, El Ejido, Almería. España Servicio de Microbiología*
- 9 *Hospital de Poniente, El Ejido, Almería. España Servicio de Medicina Interna*
- 10 *Hospital de San Pedro, Logroño, La Rioja, España Servicio de Microbiología*
- 11 *Hospital de San Pedro, Logroño, La Rioja, España Servicio de Medicina Interna*
- 12 *Hospital Universitario Fundación de Alcorcón, Madrid, España Servicio de Medicina Interna*
- 13 *Hospital Universitario Fundación de Alcorcón, Madrid, España Servicio de Microbiología*
- 14 *Hospital General Universitario Gregorio Marañón, Madrid, España Servicio de Medicina Interna*
- 15 *Hospital General Universitario Gregorio Marañón, Madrid, España Servicio de Microbiología*

16 Hospital Príncipe de Asturias, Alcalá de Henares, Madrid, España Servicio de Medicina Interna

17 Hospital Príncipe de Asturias, Alcalá de Henares, Madrid, España Servicio de Microbiología

Introducción

Plasmodium falciparum es la especie de malaria más prevalente y la que causa una enfermedad más grave. Su diversidad genética le permite evadir la respuesta inmune del hospedador y desarrollar resistencia a fármacos antimaláricos.

Objetivos

Los factores implicados en la virulencia no se han descrito completamente hasta la fecha; sin embargo, los genes que codifican las Proteínas de Superficie del Merozoito 1 y 2 (MSP-1 y MSP-1), se han postulado como marcadores adecuados para el estudio de la diversidad genética y la virulencia de los parásitos, mientras que los genes *Pfmdr*, *Pfcr*, *Pfdhr*, *Pfdhps*, *Pficyb* y *Pfk13* se han descrito como marcadores asociados a resistencia a antimaláricos.

Los objetivos del estudio son determinar la diversidad genética de *Plasmodium falciparum* mediante el análisis de los genes de las Proteínas de Superficie del Merozoito 1 y 2 (MSP-1 y MSP-2), así como determinar los patrones de resistencia a fármacos antipalúdicos en infecciones adquiridas en el continente africano.

Materiales y Métodos

Se realiza la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), secuenciación y análisis de estos genes para determinar su variabilidad, el número de infecciones por muestra (MOI) y su posible correlación con sexo, edad, o clínica.

Resultados

Se ha observado una tendencia donde el MOI podría ser menor cuando aumenta la edad, y podría ser más elevado en mujeres, así como en individuos con malaria grave frente a malaria submicroscópica. Asimismo, el análisis de la familia alélica IC/3D7 de MSP-2 ha resultado ser una herramienta útil para discernir alelos relacionados con malaria grave o malaria submicroscópica mediante distancias filogenéticas. En cuanto a la resistencia a fármacos antimaláricos, se observa una elevada carga de mutaciones de resistencia. Asimismo, una infección con un MOI alto se ha correlacionado con una mayor posibilidad de que alguno de estos clones contenga alguna mutación de resistencia.

Conclusiones

De esta forma, se observa una elevada diversidad genética de *P. falciparum* en las muestras analizadas, así como una alta presencia de mutaciones asociadas a resistencia a fármacos antimaláricos. De igual modo, se detecta una correlación entre genotipos específicos y distintos patrones clínicos.

Financiación

AESI-ISCIII PI17CIII/00035

RES0087 Aplicación de la nueva tecnología KASP en la determinación molecular de resistencias en *Plasmodium falciparum*

Ana María Álvarez Fernández¹, Alexandra Martín Ramírez¹, Marta Lanza¹, María Josefa Bernal¹, José Miguel Rubio²

1 Centro Nacional de Microbiología-Instituto de Salud Carlos III Unidad de Malaria y Protozoos Emergentes

2 Centro Nacional de Microbiología-Instituto de Salud Carlos III, Majadahonda, Madrid, España Unidad de Malaria y Protozoos Emergentes

Introducción

A inicios del siglo XX se describió por primera vez resistencia a la quinina, y desde entonces la resistencia a antimaláricos se ha extendido hasta resultar un problema en el control de la enfermedad. El análisis de mutaciones de resistencia en individuos infectados es esencial para conocer tanto la situación del paciente como la situación global de resistencia a fármacos. Conocer estos datos permite implementar medidas tanto individuales como de salud pública para prevenir la expansión de resistencias. El método habitual para caracterizar estas resistencias es la PCR y secuenciación. Sin embargo, los ensayos de genotipado KASP, basados en la PCR competitiva alelo-específica, es un método de genotipado sencillo, rápido y económico que permite una caracterización bialélica de alta precisión de polimorfismos de nucleótido único o SNPs, así como inserciones y deleciones en loci específicos, de ahí su posible utilidad en el estudio de resistencias en *P. falciparum*.

Objetivos

El propósito de este estudio es conocer la utilidad de la metodología KASP para la rápida determinación de resistencias en *P. falciparum*.

Materiales y Métodos

Con ese fin, se caracterizan mediante KASP algunas posiciones de tres de los principales genes asociados a resistencia a antimaláricos: *Pfmdr* posición 86, cuyas mutaciones se asocian a la resistencia a múltiples fármacos; *Pficyb* posición 133, asociado a la resistencia a atovaquona; y *Pfk13* posición 580, que se asocia a resistencia a artemisininas.

Resultados

Se observan resultados concordantes con los datos obtenidos por secuenciación en las posiciones nucleotídicas implicadas en resistencia a fármacos que se han analizado. El método es sencillo y rápido, así como menos costoso que el análisis por secuenciación.

Conclusiones

De este modo, esta metodología puede resultar de utilidad para el análisis rápido de mutaciones asociadas a resistencia a antimaláricos, siendo por tanto una herramienta útil tanto para el *screening* de resistencias en poblaciones, como para la detec-

ción de resistencias en pacientes para mejorar la administración de los tratamientos antimaláricos.

Financiación

AESI-ISCIH PI17CIII/00035

RES0104 Evaluación del uso de técnicas moleculares para el diagnóstico de filariosis en muestras de sangre en papel de Whatman

Thuy-Huong Ta-Tang¹, Manal Chankour², Pedro Berzosa³, Zaida Herrador⁴, Agustín Benito⁴

- 1 *Centro Nacional De Medicina Tropical. Instituto De Salud Carlos III Centro Nacional De Medicina Tropical. Instituto De Salud Carlos III*
- 2 *Facultad De Ciencias Biológicas. Universidad Complutense De Madrid Biología*
- 3 *Centro Nacional De Medicina Tropical. Instituto De Salud Carlos III Laboratorio De Malaria*
- 4 *Centro Nacional De Medicina Tropical. Instituto De Salud Carlos III Centro Nacional De Medicina Tropical.*

Introducción

La filariosis es un grupo de enfermedades infecciosas causada por distintas especies de nematodos y transmitidas por vectores artrópodos hematófagos. El método de diagnóstico de referencia es la microscopía, sin embargo esta técnica es ardua, laboriosa, requiere experiencia a la vez de tener poca sensibilidad y especificidad.

Objetivos

Determinar la técnica molecular más idónea para la detección y diferenciación de filarias en sangre impregnada en papel Whatman (DBS).

Materiales y Métodos

Se analizaron 514 DBS procedentes de habitantes de Bata (Guinea Ecuatorial) recogidas en el año 2013. Se consideró como técnica Gold Standard la microscopía (gota gruesa teñida con Giemsa).

La extracción de ADN a partir de DBS se realizó con *Saponina-Chelex 100* al 5%,

Se realizaron las siguientes técnicas moleculares:

1. qPCR-48°C: amplifica región ITS1 de filarias humanas. Tm de filarias=76,50°C ± 1,0°C. La diferenciación de especie se realiza por el diferente tamaño de producto amplificado en gel.
2. Nested-Filaria PCR: amplifica parcialmente 18S, ITS1 y 5,8S ADN ribosomal de filarias humanas. Diferenciación de especie de filaria según tamaño del amplicón en gel.

3. COI PCR: amplifica la citocromo oxidasa I mitocondrial de nematodos. Tamaño del amplicón 649 pb, es necesario secuenciar el fragmento.

Resultados

1. Microscopía: 484/514 (94,16%) negativos y 30/514 (5,84%) positivos: 16 *L. loa* (3,11%), 9 *M. perstans* (1,75%), 2 mixtas (0,39%), 3 dudosas (0,59%).
2. qPCR-48°C: S=80%; E=98,35%; VPP=75%; VPN=98,76%; K=0,76 (buena).
3. Nested-Filaria PCR: S=86,67%; E=98,14%; VPP=75,29%; VPN=99,16%; K=0,79 (buena).
4. COI PCR: S=93,33%; E=98,55%; VPP=80%; VPN=99,58%; K=0,85 (muy buena).

Conclusiones

La técnica COI PCR es la más sensible y específica, aunque sólo nos indica que la muestra es positiva o negativa a un nematodo y requiere siempre de la secuenciación para la identificación de la especie. La qPCR-48°C, teniendo una sensibilidad más baja y una especificidad intermedia, es la técnica molecular que en conjunto es más apropiada como alternativa a la microscopía para el estudio de filariosis a nivel poblacional por ser la más rápida y menos contaminante.

Financiación

Este estudio se ha realizado gracias al contrato Sara Borrell de la Acción Estratégica en Salud Intramural (AESI) del ISCIH y de la Red de Investigación Cooperativa en Enfermedades Tropicales (www.RICET.es).

RES0107 Evaluación de un método basado en la concentración para la detección de DNA de *T. cruzi*

David Navalpotro Rodríguez¹, Magdalena García Rodríguez², Ana Pertegas¹, Marta Moreno Cordoba¹, M^a Dolores Ocete Mochon¹, José Ignacio Mateo González², Miguel García Deltoro², Concepción Gimeno Cardona¹

- 1 *Consortio Hospital General Universitario de Valencia Microbiología*
- 2 *Consortio Hospital General Universitario de Valencia Enfermedades Infecciosas*

Introducción

La enfermedad de Chagas se presenta como una enfermedad emergente en diferentes países europeos como España, debido al aumento de la población migrante procedente de los países endémicos en los últimos años. Actualmente no existe un marcador de curación post-tratamiento.

Objetivos

La optimización en la detección de parasitemia durante podría permitir un mejor control de la infección por *Trypanosoma cruzi* en pacientes crónicos, especialmente en estudio post-tratamientos.

Materiales y Métodos

Se seleccionaron 43 pacientes diagnosticados de enfermedad de Chagas crónica que acudieron entre enero y abril de 2019 a la unidad de Enfermedades infecciosas como inicio de estudio del estadio de la enfermedad que incluye una determinación de parasitemia previa al inicio de tratamiento. Se emplearon siete sueros de personas sanas para evaluar la especificidad del procedimiento. La detección de parasitemia se realizó mediante el método de rutina (200 L de sangre con EDTA) y un nuevo método de concentración, basado en añadir 3 ml de sangre con EDTA y 9 ml de formol al 2%, homogenizar por agitación unos 30', y dejar reposar 10'. La mezcla se centrifuga 10' a 1500 rpm y se desecha el sobrenadante dejando un sedimento de 1 ml. Para ambos métodos se utiliza la extracción automatizada de DNA MagNa Pure Compact System y la detección de DNA frente a *T. cruzi* (Progenie molecular) según instrucciones de fabricante

Resultados

En el método de rutina de las 43 muestras el 4,65%(2) fueron positivas. En cambio en el método de concentración fueron el 34,88% (15). Al comparar los dos protocolos se observa que coinciden en sus resultados en un 69,77% de los casos (30 de 43), en cambio discrepan en un 30,23% (13 de 43). La especificidad de ambos métodos es del 100%.

Conclusiones

El método de concentración aumenta significativamente la detección de parasitemia de *T. cruzi*, además es un proceso sencillo y económico que facilita la implementación en los diferentes centros de diagnóstico de la enfermedad de Chagas. Este nuevo método mejora la utilidad del estudio de parasitemia para el control post tratamiento y para el diagnóstico precoz de reactivaciones en los pacientes sometidos a una inmunosupresión iatrogénica.

Financiación

RES0110 Seguimiento de pacientes con strongiloidiasis: una perspectiva de laboratorio

Isabel Fradejas¹, M^a Pilar Hernández-Jiménez², Asunción Pérez-Jacoiste², Juan M^a Herrero-Martínez³, Manuel Lizasoain², Ana Pérez-Ayala¹

1 Hospital Universitario 12 de Octubre Servicio de Microbiología

2 Hospital Universitario 12 de Octubre Servicio de Medicina interna/infecciosas

3 Hospital Universitario la Paz/Carlos III Servicio de Medicina interna/infecciosas

Introducción

Al igual que el diagnóstico de *Strongyloides stercoralis*, el gold-estándar de cura no está definido. Debido a la baja sensibilidad de las técnicas parasitológicas, la serología y la monitorización de los niveles de eosinófilos son imprescindibles en el seguimiento de laboratorio de la strongiloidiasis.

Objetivos

El objetivo del estudio fue evaluar el seguimiento de laboratorio realizado en los pacientes atendidos en el Hospital Universitario 12 de Octubre.

Materiales y Métodos

Estudio observacional prospectivo (agosto 2016-octubre 2018). Se incluyeron a todos los pacientes con diagnóstico y tratamiento específico de strongiloidiasis, con al menos una muestra de seguimiento serológico. Se analizaron los resultados de las técnicas parasitológicas, los índices serológicos y los niveles de eosinófilos pre y post-tratamiento. Se definieron dos periodos post-tratamiento: <6 meses y ≥6 meses. Se definió fracaso parasitológico a la detección de larvas tras tratamiento, cura serológica a negativizar la serología o ratio post/pretratamiento <0,6 en <6 meses y cura analítica a normalizar los niveles de eosinófilos o bien disminuirlos en un 50%. Se aplicó la prueba de los rangos con signo de Wilcoxon para comparar los índices serológicos y los niveles de eosinófilos en los periodos definidos (diagnóstico vs. <6 meses y diagnóstico vs. ≥6 meses). El análisis estadístico se realizó con STATA V15 para Windows

Resultados

Se incluyeron 59 pacientes. Hubo 2 fracasos parasitológicos. En los 36 pacientes con al menos una muestra serológica en el periodo <6 meses, fue significativo el descenso del índice ($p<0,001$), cumpliendo criterios de cura 28/36(77,8%). En los 34 pacientes con al menos una muestra serológica en un periodo ≥6 meses, fue significativo el descenso del índice ($p<0,001$), cumpliendo criterios de cura 30/34(88,2%). Fue significativo el descenso del nivel de eosinófilos en los 39 pacientes con determinación de eosinófilos en un periodo ≥6 meses ($p<0,001$), cumpliendo criterios de cura analítica 37/39(94,9%). En los 43 pacientes con al menos una determinación de eosinófilos en un periodo ≥6 meses, fue significativo el descenso del nivel de eosinófilos ($p<0,001$), cumpliendo los criterios de cura analítica 41/43(95,3%).

Conclusiones

La mayoría de los pacientes cumplieron criterios de cura serológica y analítica en un periodo de seguimiento inferior a 6 meses. Es necesaria la aplicación de protocolos de seguimiento.

Financiación

Ninguna.

RES0114 El diagnóstico de esquistosomiasis en un hospital terciario de un área no endémica con escasa población inmigrante

Ignacio Álvarez Rodríguez¹, Xabier Kortajarena Urkola², Harkaitz Azkune Galparsoro², Nerea Segües Merino³, Miriam Alkorta Gurrutxaga⁴, Yolanda Salicio Bermejo⁴, Maialen Pinilla Iburguren², María Jesús Bustinduy Odriozola², Xabier Camino Ortiz de Barrón², Francisco Rodríguez Arrondo², Miguel Angel von Wichmann de Miguel², Miguel Ángel Goenaga Sánchez², José Antonio Iribarren Loyarte²

- 1 Hospital Universitario Donostia-Instituto de Investigación BioDonostia Servicio de Enfermedades Infecciosas
- 2 Hospital Universitario Donostia Servicio de Enfermedades Infecciosas
- 3 Hospital Universitario Donostia Anatomía Patológica
- 4 Hospital Universitario Donostia Microbiología

Introducción

La esquistosomiasis es una enfermedad producida por varias especies del género *Schistosoma sp.* El "gold" estándar para el diagnóstico sigue siendo el estudio parasitológico en heces u orina pero su sensibilidad no es buena, sobre todo en personas de zonas no endémicas (depende de la intensidad de la parasitación). La serología no es útil para diferenciar infecciones actuales de pasadas (poco útil en pacientes de zonas endémicas que siguen exponiéndose al riesgo). El estudio histológico de lesiones puede ser determinante para llegar al diagnóstico.

Objetivos

Describir el diagnóstico de esquistosomiasis en un área de baja prevalencia.

Materiales y Métodos

Revisión, mediante la historia clínica electrónica, de los casos de esquistosomiasis atendidos en un hospital terciario de un área no endémica en los últimos 5 años. Se define caso como un estudio parasitológico o histológico positivo, o una serología positiva aislada con un contexto clínico-epidemiológico congruente.

Resultados

Durante este periodo se realizaron, por diversos motivos, 171 serologías. De ellas, el 22% (38) fueron positivas, considerándose como falsos positivos al 58% (contexto epidemiológico no congruente o reactividad cruzada con otra serología en la mayoría de casos). El estudio parasitológico se realizó en 95 pacientes (28 de los que se realizó serología), siendo positivo en solamente el 5% (5).

En total se analizaron 19 casos. La serología se realizó en el 84% (16, todas positivas), y el estudio parasitológico (heces y/u ori-

na) en los 19 (positivo en el 26%). De los pacientes con estudio parasitológico positivo, dos tuvieron una serología positiva. Se obtuvo un estudio histológico en 4 (por tener un diagnóstico incierto en 2, y como hallazgo casual en otros 2). De estos cuatro pacientes, la serología se realizó en dos (positivas) y el estudio parasitológico en los cuatro (dos positivos).

Conclusiones

El diagnóstico de esquistosomiasis puede ser complicado e implica una combinación de los datos epidemiológicos y clínicos con los aportados por las pruebas complementarias. La serología se debe interpretar con precaución, sobre todo en pacientes de áreas endémicas, pero tiene una buena sensibilidad. El estudio parasitológico es poco sensible pero su especificidad es del 100%. El estudio histológico puede ser de gran ayuda.

Financiación

Estudio no financiado

RES0120 Primer caso de meningoencefalitis amebiana primaria originado por *Naegleria fowleri* reportado en España

Isabel de Fuentes Corripio¹, Helena Moza², Pilar Zamarrón³, Raquel Villarino⁴, Andrea López¹, José M. Saugar¹, Rosa Jiménez³, Natalia Ramos⁴, José Miguel Rubio¹, José E. Piñero⁵, Basilio Valladares⁵, Begoña Losada⁴, Jacob Lorenzo-Morales⁵

- 1 Instituto de Salud Carlos III, Centro Nacional de Microbiología Laboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología
- 2 Hospital Virgen de la Salud Medicina Preventiva
- 3 Hospital Virgen de la Salud Microbiología
- 4 Hospital Virgen de la Salud Pediatría
- 5 Instituto de Enfermedades Tropicales y Salud Pública de Canarias, Universidad de La Laguna Parasitología

Introducción

Naegleria fowleri es una ameba termófila incluida en el grupo de Amebas de Vida Libre (AVL) patógenas. Naturalmente puede encontrarse en agua y medioambiente en diferentes áreas y países. Esta ameba, también denominada "ameba comecerebros", origina la meningitis amebiana primaria (MAP), una infrecuente y generalmente fatal enfermedad que afecta principalmente a niños y jóvenes tras la exposición a agua contaminada en actividades acuáticas o prácticas de riesgo como abluciones. La infección ocurre cuando el agua contaminada entra por la nariz, *N.fowleri* contacta con el nervio olfatorio migrando hacia el cerebro donde esta ameba origina una meningoencefalitis fatal en el 97% de los casos. Hasta el momento no se había reportado ningún caso en España.

Objetivos

Estudio del primer caso de meningoencefalitis amebiana primaria (MAP) en España

Materiales y Métodos

Caso: una niña de 10 años fue admitida en el Hospital de Toledo presentando otomastoiditis, fiebre y síntomas de meningoencefalitis. Tras sospecha de meningitis bacteriana se realizaron diversas pruebas que no identificaron etiología bacteriana, vírica ni fúngica. El empeoramiento clínico de la paciente llevó a investigar la posibilidad de AVL como etiología, realizándose pruebas de diagnóstico por microscopía, aislamiento en medios de cultivos específicos y diferentes técnicas de PCR para la detección de *Acanthamoeba*, *Naegleria fowleri* y *Balamuthia mandrillaris*.

Resultados

Se identificó *Naegleria fowleri* instaurándose un tratamiento específico combinado, incluyendo anfotericina B deoxicolato y drenaje ventricular, que permitió la supervivencia de la paciente.

El estudio epidemiológico mostró que la niña se había bañado en una piscina cubierta previamente al comienzo de los síntomas. Se realizaron las medidas de control adecuadas.

Conclusiones

MAP es una grave enfermedad emergente e infradiagnosticada por diversas causas como son el desconocimiento de la enfermedad, la baja sospecha de esta etiología por los facultativos y el complicado diagnóstico. Son necesarios estudios tanto de diagnóstico como epidemiológicos (en la población humana y en agua y medio ambiente) para la identificación y adecuado tratamiento de los casos, el conocimiento de la situación epidemiológica y la aplicación de medidas de control.

Financiación

Proyectos ISCIII-FIS P13/01106, FIS PI18/01380 y Red RICET RD16CIII/0003/0004.

RES0121 Papel de individuos asintomáticos y sintomáticos como reservorios de leishmaniasis visceral en el contexto mediterráneo

Ricardo Molina¹, Maribel Jiménez¹, Jesús García-Martínez², Juan Víctor San Martín³, Eugenia Carrillo¹, Carmen Sánchez¹, Javier Moreno¹, Fabiana Alves⁴, Jorge Alvar⁴

- 1 Instituto de Salud Carlos III/Centro Nacional de Microbiología Centro Colaborativo de la OMS para Leishmaniasis/Laboratorio de Entomología Médica
- 2 Hospital Universitario de Fuenlabrada, Fuenlabrada, Madrid Servicio de Laboratorio Clínico/Banco de Sangre

3 Hospital Universitario de Fuenlabrada Medicina Interna

4 Drugs for Neglected Diseases initiative (DNDi)

Introducción

En la cuenca mediterránea *Leishmania infantum* es el agente causante de la leishmaniasis visceral (LV), zoonosis que tiene al perro como reservorio doméstico. La fauna silvestre puede jugar un papel relevante en determinadas áreas, manteniendo ciclos selváticos de la enfermedad que pueden afectar al humano. La información existente sobre el papel que los pacientes con LV y los individuos asintomáticos puedan estar desempeñando como reservorios de la LV es escasa y contradictoria.

Objetivos

Explorar la infectividad hacia los flebotomos de pacientes con leishmaniasis visceral, inmunocompetentes e inmunodeprimidos, así como de individuos asintomáticos, todos ellos residentes en la zona del foco de leishmaniasis de Fuenlabrada, en el marco de un estudio descriptivo

Materiales y Métodos

Se ha utilizado el xenodiagnóstico de la leishmaniasis en 24 donantes de sangre asintomáticos, 12 pacientes inmunocompetentes no tratados de VL y 11 tratados, y 3 pacientes inmunocomprometidos con VL participaron en el estudio. El cribado de la infección por *Leishmania* entre la población sana se realizó mediante ensayos de linfoproliferación con antígeno soluble de *Leishmania*. Se realizó también qPCR a muestras de sangre de pacientes inmunocompetentes no tratados de VL e inmunocomprometidos sin tratamiento, tratados o bajo profilaxis secundaria de VL. La determinación de anticuerpos frente a *Leishmania* se realizó mediante IFI y rK39.

Resultados

Se realizaron 62 xenodiagnósticos y se disecaron 5.080 flebotomos. En 4 pacientes el xenodiagnóstico fué positivo: 1 paciente asintomático coinfectado con VIH/L. *infantum* inmunodeprimido, 1 paciente inmunosuprimido con mieloma múltiple y LV activa sintomática, y 2 pacientes inmunocompetentes con LV activa. Todos los donantes fueron negativos tanto para el xenodiagnóstico como para qPCR.

Conclusiones

Los sujetos inmunocompetentes, asintomáticos y tratados de LV, carecen de relevancia epidemiológica. El impacto de pacientes inmunocompetentes con LV activa no tratada es reducido. En cambio, los pacientes inmunocomprometidos son los más infectivos hacia los flebotomos. Destaca el paciente VIH/L. *infantum* coinfectado, con leishmaniasis asintomática, pues fue durante 17 meses fácilmente infectivo, aún estando bajo profilaxis permanente de leishmaniasis. Por tanto, se recomienda investigar la infección por *Leishmania* en pacientes infectados por VIH en escenarios donde existe transmisión. Se precisan más investigaciones para comprender mejor si las personas infectadas asintomáticas contribuyen o no a la transmisión.

Financiación

DNDi y Fundación CSAI

RES0125 Respuesta funcional de las células T CD8+ asociada a eficacia terapéutica en pacientes crónicos de Chagas

Elena Pérez Antón¹, Adriana Egui Machado²,
María del Carmen Thomas Carazo², Marina
Simón Pérez³, Manuel Segovia Hernández³,
Manuel Carlos López López²

- 1 Instituto de Parasitología y Biomedicina López Neyra – CSIC Departamento de Biología Molecular
- 2 Instituto de Parasitología y Biomedicina “López Neyra” – CSIC Departamento de Biología Molecular
- 3 Hospital Virgen de la Arrixaca Unidad Regional de Medicina Tropical

Introducción

Trypanosoma cruzi, agente etiológico de la enfermedad de Chagas, es un protozoo parásito intracelular obligado, por lo que la respuesta funcional de las células T CD8+ del hospedador, especialmente a nivel citotóxico, resulta crítica para el control de la infección. En ausencia de tratamiento la enfermedad evoluciona a una fase crónica en la que la mayoría de los pacientes permanecen sin síntomas clínicos (forma indeterminada). Sin embargo, de un 30 a 40% de los pacientes desarrollan, en décadas, cardiomiopatías asociadas con la infección por dicho parásito. La falta de herramientas útiles para detectar la eficacia del tratamiento en pacientes crónicos con la enfermedad de Chagas dificulta la atención adecuada a la población afectada, así como la toma de decisión de administrar tratamiento.

Objetivos

Evaluar el impacto del benznidazole sobre la funcionalidad y fenotipo de las células T CD8+ en pacientes con enfermedad de Chagas crónica, tanto en fase indeterminada como con sintomatología cardíaca.

Materiales y Métodos

La cohorte de sujetos a estudio está formada por 40 pacientes con enfermedad crónica de Chagas (25 asintomáticos y 15 con alteraciones cardíacas) y 12 donantes sanos. La evaluación de la expresión de receptores inhibitorios y la respuesta de las células T CD8+ frente antígenos solubles de *T. cruzi* fue determinada mediante citometría de flujo multiparamétrica, antes y después del tratamiento con benznidazol.

Resultados

Las células T CD8+ de los pacientes crónicos de Chagas presentan un marcado proceso disfuncional medido por el incremento de la co-expresión de receptores inhibitorios y por la menor capacidad multifuncional de dichas células. El tratamiento con

benznidazol permite la reversión parcial de este proceso de agotamiento de las células T CD8+, tanto en pacientes indeterminados como con sintomatología cardíaca. Interesantemente, tras el tratamiento se observa un mayor porcentaje de células Tc1 con capacidad citotóxica.

Conclusiones

La evaluación del perfil funcional y de agotamiento de las células T CD8+ constituye un biomarcador útil para la monitorización del efecto del tratamiento en pacientes crónicos con enfermedad de Chagas.

Financiación

Programa Estatal I+D+I (MINECO), referencias: SAF2016-81003-R y SAF2016-80996-R; Red de Investigación en Enfermedades Tropicales (RICET) referencias: RD16/0027/0005 y RD16/0027/0016 y FEDER.

RES0127 Evaluación de un método de extracción de ADN rápido aplicable en terreno para sangres en papel de filtro

Thuy-Huong Ta Tang¹, Manal Chankour², Pedro Berzosa³, Zaida Herrador¹, Agustín Benito¹

- 1 Centro Nacional De Medicina Tropical. Instituto De Salud Carlos III Centro Nacional De Medicina Tropical
- 2 Facultad De Ciencias Biológicas. Universidad Complutense De Madrid Biología
- 3 Centro Nacional De Medicina Tropical. Instituto De Salud Carlos III Laboratorio De Malaria

Introducción

Los métodos de extracción de ácidos nucleicos han mejorado mucho en los últimos años, reduciendo el tiempo total de procesamiento. La solución *Investigator@STR GO! Lysis buffer* (Qiagen) permite una extracción del material genético rápida, reduciendo significativamente el tiempo de preparación de la muestra, manipulación y aparataje, método ideal para cuando se requiera un point-of-care de extracción de ADN sobre los dried blood spots (DBS).

Objetivos

Evaluar la eficacia de la solución *Investigator@STR GO! Lysis Buffer* en muestras DBS positivas y negativas por qPCR.

Materiales y Métodos

Las muestras de DBS pertenecían a habitantes de Bata (Guinea Ecuatorial) y fueron recogidas en el año 2013. Para el estudio se usaron 32 muestras positivas (14 *Loa loa*, 16 *Mansonella perstans* y 2 mixtas por *L. loa* + *M. perstans*) y 20 muestras negativas que fueron previamente extraídas con *Saponina-Chelex 100* al 5%.

El diagnóstico molecular se realizó por qPCR de la subunidad pequeña del ADN ribosómico. Todos los fragmentos amplificados

se purificaron y se secuenciaron para una correcta identificación y descartar posibles reacciones cruzadas o contaminaciones.

Resultados

Tras la extracción con STR GO, se detectaron: 11/14 *L. loa*, 6/16 *M. perstans* y de las mixtas, una fue detectada como *L. loa* y la otra como negativa. Sólo una muestra fue negativa por saponina-chelex y positiva a *M. perstans* por STR GO. Tomando el método saponina-chelex como método comparativo, el uso de STR GO mostró una sensibilidad de 56,25%; especificidad: 95%; valor predictivo positivo: 94,74%; valor predictivo negativo: 57,58%; K: 0,46 (moderada).

Conclusiones

En muestras con baja microfilaremia, como ocurre en infecciones con *M. perstans*, STR GO tiene un rendimiento menor. Sin embargo, es un método rápido (2 min 30 seg), requiere poca cantidad de muestra (1 punch de 3 mm) y disminuye el riesgo de contaminaciones ya que la manipulación es mínima. Sería necesaria una comparativa con mayor número de muestras para decidir qué tipo de método es más eficaz.

Financiación

Este estudio se ha realizado gracias al contrato Sara Borrell de la Acción Estratégica en Salud Intramural (AESI) del ISCIII y de la Red de Investigación Cooperativa en Enfermedades Tropicales (www.RICET.es).

RES0140 Comportamiento epidemiológico de la leptospirosis en el departamento del Atlántico, en el Caribe Colombiano

Alfredo Lagares Guzmán¹, Elizabeth Coronell¹, Salim Mattar²

- 1 Universidad del Atlántico Facultad de Química y Farmacia
- 2 Universidad de Córdoba Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico

Introducción

La leptospirosis es una zoonosis emergente y de carácter multifactorial, está altamente asociada con factores ambientales y socioeconómicos. Su prevalencia es mayor en regiones tropicales y subtropicales, se asocia con altas precipitaciones e inundaciones.

Objetivos

Evaluar el comportamiento epidemiológico de la leptospirosis en el departamento del Atlántico, en el Caribe colombiano

Materiales y Métodos

Se utilizaron los reportes de casos confirmados de leptospirosis entre los años 2009 y 2015 en el departamento del Atlántico, se construyó un mapa epidemiológico mediante georreferenciación

(QGIS 2.18.4). Para estimar la distribución geográfica de leptospirosis en humanos se utilizaron datos ambientales y socioeconómicos y un modelo predictivo para un área de riesgo potencial de nichos ecológicos. Se creó un modelo de algoritmo de máxima entropía utilizando seis variables ambientales y socioeconómicas, utilizando el programa Maxent v 3.3.1. Se capturaron roedores sinantrópicos utilizando trampas Sherman en los sectores de mayor riesgo epidemiológico, según los resultados del mapa epidemiológico construido. Las muestras de tejido renal fueron analizadas por qPCR (Genesig Advanced Kit Leptospirosis) y además se cultivaron en medio semisólido Ellinghausen-McCullough-Johnson-Harris (EMJH) modificado para el aislamiento de las bacterias.

Resultados

La variable densidad poblacional fue el mejor predictor para la ocurrencia espacial de casos de leptospirosis con una contribución del 85.5 % de la variabilidad total, a mayor densidad poblacional por unidad de área es mayor riesgo de contraer leptospirosis. Se capturaron 151 roedores y se encontró una prevalencia del 17.88 % determinada directamente del tejido renal por qPCR. Mediante cultivo se lograron aislar 16 cepas de *Leptospira*. la especie con mayor prevalencia fue la *Rattus rattus* con una prevalencia del 84,6%, seguida de *Muss musculus* con 11%.

Conclusiones

Los lugares con la mayor ocurrencia de casos de leptospirosis fueron principalmente áreas urbanas marginales asociadas con extrema pobreza, alta densidad poblacional, problemas de saneamiento básico, con abundante presencia de roedores sinantrópicos. La alta prevalencia de Leptospirosis encontrada en los roedores representa un riesgo potencial para el hombre al convivir con ellos.

Financiación

Esta investigación fue financiada por la Gobernación del departamento del Atlántico- Sistema General de Regalías y la Universidad del Atlántico, convenio No. 0103*2015*000030

RES0142 Zoonosis parasitarias en España (1997-2017) a partir de altas hospitalarias: situación epidemiológica

Laura Diez Izquierdo¹, Elena Dacal², David Carmena², Isabel Fuentes³, Rosa Gálvez⁴, Zaida Herrador⁵, Guadalupe Miró⁴, Ana Montoya⁴, José Saugar², Israel Cruz⁶

- 1 Hospital Universitario Infanta Sofía Servicio Medicina Preventiva y Salud Pública
- 2 Instituto de Salud Carlos III/Centro Nacional de Microbiología Laboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología/Unidad de Diagnóstico Serológico de Parasitosis
- 3 Instituto de Salud Carlos III/Centro Nacional de Microbiología Laboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología /Unidad de Toxoplasmosis y Protozoos intestinales

- 4 *Universidad Complutense de Madrid/Facultad de Veterinaria Departamento de Sanidad Animal*
- 5 *Instituto de Salud Carlos III/Escuela Nacional de Sanidad Centro Nacional de Medicina Tropical. Red de Investigación Cooperativa en Enfermedades Tropicales (RICET)*
- 6 *Instituto de Salud Carlos III/Escuela Nacional de Sanidad Salud Internacional*

Introducción

Las zoonosis parasitarias originadas por helmintos, entre las que se incluyen toxocariasis, ancilostomiasis, estrongiloidiasis e hidatidosis, y por protozoos como criptosporidiasis y giardiasis son de gran importancia en salud pública. En España, algunas de estas zoonosis son de declaración obligatoria, como la hidatidosis, criptosporidiasis y giardiasis, pero el resto no están sujetas a un programa de vigilancia epidemiológica específico. Su epidemiología e impacto en la población no es del todo conocido.

Objetivos

Conocer y describir el patrón de presentación en la población española de un grupo principal de zoonosis parasitarias que presentan mecanismos de transmisión similares, identificando posibles diferencias en la distribución espacio-temporal de las mismas a partir del registro de altas hospitalarias del conjunto mínimo básico de datos (CMBD).

Materiales y Métodos

Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo de altas hospitalarias con diagnóstico de parasitosis durante el período 1997-2017 para toxocariasis, ancilostomiasis, estrongiloidiasis, hidatidosis, criptosporidiasis y giardiasis.

Se calcularon tasas anuales de hospitalización por 100.000 habitantes desagregadas por grupos de edad, sexo, comunidad autónoma y provincia.

Se realizó análisis de regresión de *JointPoint* para caracterizar las tendencias en hospitalizaciones relacionadas con estas parasitosis.

Resultados

Las tasas globales de altas hospitalarias por cada 100.000 habitantes fueron: 4,05 hidatidosis; 0,5 giardiasis; 0,17 criptosporidiasis; 0,06 estrongiloidiasis y 0,02 para toxocariasis y ancilostomiasis.

La mayoría de las altas hospitalarias correspondieron al grupo de edad de 15-44 años, excepto en el caso de la toxocariasis e hidatidosis, que presentaron mayor distribución entre los mayores de 65 años.

A nivel nacional encontramos una tendencia decreciente desde el año 1999 para todas estas parasitosis, excepto la ancilostomiasis, que aunque no fue estadísticamente significativa, presentó una tendencia creciente del 0,7% anual.

Geográficamente, las tasas más elevadas se encontraron en La Rioja, Madrid, Galicia y Aragón, excepto para ancilostomiasis y

toxocariasis donde las mayores tasas se encontraron en Melilla y Extremadura, respectivamente.

Conclusiones

A pesar de la tendencia decreciente en el número de ingresos debidos a estas parasitosis, existen grupos de edad vulnerables y áreas geográficas donde la incidencia sigue siendo elevada. Sería necesario aumentar el nivel de vigilancia de estas enfermedades para caracterizarlas mejor y así poder plantear posibles medidas de control.

Financiación

Ninguna

RES0147 Perfil bacteriológico de las infecciones de tracto urinario en un hospital rural de Uganda

Félix Carrasco Calzada¹, Juan Cuadros², Miguel Górgolas Hernández-Mora³, David Roca Biosca⁴, Atim Pamela⁵, Ramón Pérez Tanoira⁶

- 1 *Universidad de Alcalá de Henares. Fundación el Alto. Asociación Microbiología en el Trópico. Ciencias de la salud*
- 2 *Hospital Universitario Príncipe de Asturias y Asociación Microbiología Clínica en el Trópico Departamento de Microbiología Clínica.*
- 3 *Hospital Universitario Fundación Jiménez Díaz. Servicio de Enfermedades Infecciosas*
- 4 *Fundación El Alto*
- 5 *Saint Joseph's Hospital Kitgum (Uganda)*
- 6 *IIS-Fundación Jiménez Díaz Y Asociación Microbiología Clínica en el Trópico Servicio de enfermedades Infecciosas*

Introducción

Las infecciones del tracto urinario (ITU) son una causa frecuente de infección que se suelen manejar con tratamientos empíricos de amplio espectro favoreciendo la aparición de resistencias antimicrobianas. Esto se acentúa en países en vías de desarrollo con baja accesibilidad a medicamentos y falta de un diagnóstico microbiológico.

Objetivos

Conocer la etiología y susceptibilidad antimicrobiana en las ITU en un hospital rural del norte de Uganda.

Materiales y Métodos

Estudio prospectivo realizado en el hospital Saint Joseph Kitgum (Uganda) entre abril-junio de 2019 en el que se incluyeron 139

pacientes con sospecha de ITU y que presentaban leucocituria y crecimiento bacteriano en Agar Sangre. Todos los microorganismos aislados en Uganda fueron posteriormente identificados en España por espectrometría de masas MALDI-TOF en el Hospital Universitario Príncipe de Asturias. En el terreno, se estudió la sensibilidad antimicrobiana de los microorganismos aislados mediante el método de difusión en agar Mueller Hinton de Kirby-Bauer y estos resultados fueron comparados con los obtenidos en España mediante el dispositivo Becton Dickinson Phoenix M50.

Resultados

De los 114 cultivos positivos, en 96 creció una sola bacteria y se pudieron aislar un total de 102 microorganismos, de los cuales 94 mostraron más de 1×10^5 ufc/ml. Los microorganismos identificados fueron: *Escherichia coli* (28,7%), *Enterococcus* spp (*E. faecalis* (19,8%), *E. faecium* (31,7%), *E. hirae* (5%)), *Staphylococcus* spp (*S. epidermidis* (3%), *S. haemolyticus* (1%), *S. hominis* (1%), *S. aureus* (1%)), *Klebsiella pneumoniae* (2%), *Enterobacter cloacae* (1%), *Streptococcus* spp (*S. agalactiae* (2%) *S. gallolyticus* (1%)), *Acinetobacter baumannii* (1%), *A. junii* (1%) y *Pseudomonas putida* (1%). Los antibióticos que presentaron mayores niveles de resistencia fueron amoxicilina/clavulánico (64,7%) y ciprofloxacino (58,2%). Las resistencias más bajas se dieron en el imipenem (2,9%), y nitrofurantoína (13,2%).

Conclusiones

Una vez comprobada la viabilidad de realizar cultivos bacteriológicos, se recomienda estudiar la etiología y susceptibilidad antimicrobiana ante una sospecha de ITU, debido a los importantes niveles de resistencia encontrados, sobre todo en la primera línea de tratamiento descrita en la guía terapéutica de Uganda (amoxicilina y ciprofloxacino). En ITU no complicadas, la nitrofurantoína podría utilizarse empíricamente en pacientes que no presenten contraindicaciones clínicas.

Financiación

Privada

RES0150 Desarrollo y validación de un kit para el diagnóstico de la leishmaniasis mediante PCR en formato gelificado

Carmen Chicharro Gonzalo¹, Silvia Migelañez¹, Sheila Ortega¹, Emilia García¹, Javier Nieto¹, Nieves Carcelen², Nereida Santiso³, José Miguel Rubio⁴, María Flores-Chavez⁵

- 1 Instituto de Salud Carlos III/Centro Nacional de Microbiología Centro Colaborador de la OMS para la Leishmaniasis
- 2 Bioteools Biotechnological and Medical Laboratories SA Bioteools

- 3 Biolty Biolty
- 4 Instituto de Salud Carlos III/Centro Nacional de Microbiología Laboratorio de Malaria y Parásitos Emergentes
- 5 Instituto de Salud Carlos III/Centro Nacional de Microbiología /Fundación Mundo Sano Unidad de Leishmaniasis y Enfermedad de Chagas

Introducción

La leishmaniasis es una enfermedad parasitaria endémica en 98 países. En España es una zoonosis causada por *Leishmania infantum*, su distribución es focal, su incidencia anual media notificada es de 0,45 casos/100000 habitantes, si bien en los últimos años en el área suroeste de la Comunidad de Madrid, su incidencia ha ascendido a los 43,5 casos/100000 habitantes.

Para la confirmación de una sospecha clínica es fundamental realizar tanto pruebas parasitológicas como serológicas. El diagnóstico parasitológico es considerado de referencia, y las técnicas de diagnóstico molecular (PCR) son las que muestran mayor sensibilidad y especificidad.

Objetivos

En el Centro Colaborador de la OMS para la leishmaniasis (WHOCCLeish), las pruebas de diagnóstico parasitológico de rutina son la detección de ADN del parásito mediante PCR (Ln-PCR) y el cultivo. Por ello, el objetivo de este trabajo fue el desarrollo de un kit para el diagnóstico de la leishmaniasis mediante PCR en formato gelificado.

Materiales y Métodos

Se comparó el protocolo convencional de LnPCR con el formato gelificado del mismo (LeishGelPCR), puesto a punto por Bioteools S.A.

Para el desarrollo y la determinación de la sensibilidad analítica del nuevo formato se realizaron diluciones seriadas 1/10 de ADN de cultivo de *L. infantum*. En la validación se analizaron 201 muestras clínicas de la colección del WHOCCLeish. La especificidad se determinó mediante el análisis de muestras de pacientes con otras parasitosis y de individuos sanos.

Resultados

La sensibilidad analítica/límite de detección de ambos protocolos fue similar (0,025 parásitos/reacción). De las 201 muestras clínicas, 98 fueron positivas por ambos procedimientos. Por lo tanto, la sensibilidad y la especificidad fue del 100% utilizando 20 uL de ADN total extraído de la muestra clínica.

Conclusiones

Teniendo en cuenta los resultados, el formato líquido y el gelificado pueden utilizarse indistintamente. Las ventajas del formato gelificado permiten garantizar la homogeneidad de las reacciones de PCR, evitando las diferencias entre días, operadores y laboratorios. Además, al disminuir la manipulación de los reactivos se reduce la probabilidad de contaminación.

Financiación

Subprograma Retos de Colaboración, Ministerio de Economía y Competitividad. Referencia: RTC-2016-5245-1

RES0154 Diseño, síntesis y evaluación de amidas y sulfonamidas con actividad tipo colchicina contra *Strongyloides venezuelensis*

Óscar Gorgojo Galindo¹, Julio López-Abán¹, Alba Torres Valle¹, Marta González¹, Ana Gómez¹, Beatriz Crego¹, Juan García-Bernalt¹, Begoña Febrer¹, Belén Vicente¹, Pedro Fernández-Soto¹, Raqué Álvarez², Myriam González², Alba Vicente-Blázquez², Miguel Marín², Manuel Medarde², Cristina Sanz², Rafael Peláez², Antonio Muro¹

- 1 IBSAL-CIETUS *Biología animal, Ecología, Parasitología, Edafología y Química Agrícola*
- 2 IBSAL-CIETUS *Departamento de Química Farmacéutica*

Introducción

La estrongiloidosis es una enfermedad emergente presente en inmigrantes y viajeros de zona endémica. El tratamiento de elección es la ivermectina teniendo como alternativa el mebendazol. La presencia de fallos de tratamiento y posibilidad de desarrollo de resistencias hacen necesarios el desarrollo de nuevos compuestos contra el parásito.

Objetivos

El objetivo de este trabajo es diseñar, sintetizar y evaluar compuestos para interferir en el sitio de unión de la colchicina en un modelo in vitro con larvas de tercer estadio de *Strongyloides venezuelensis*.

Materiales y Métodos

El sitio de la colchicina en tubulina presenta tres zonas diferenciadas (A, B y C) y se han diseñado compuestos basados en amidas y sulfonamidas para ocupar dichos sitios, teniendo en cuenta las diferencias de secuencia que presentan en esas zonas las tubulinas del género *Strongyloides* y de mamíferos. Los compuestos diseñados se han sintetizado y se han ensayado frente a *S. venezuelensis* en screening a una concentración 1-20 μ M y para determinación de la concentración letal 50% (CL50). También se determinó la citotoxicidad en célula eucariota con la técnica XTT. Se utilizaron como controles DMSO al 1% e ivermectina y albendazol como fármacos de referencia.

Resultados

Los resultados del cribado inicial con la colchicina mostrarán baja actividad frente a larvas de tercer estadio de *Strongyloides venezuelensis* habiendo una viabilidad superior al 90% que podría estar relacionado con las diferencias existentes entre la beta-tubulina de mamíferos y *Strongyloides*. El mebendazol tiene

actividad comparable al albendazol. Sin embargo, algunos compuestos sintetizados (amidadas y sulfonamidas) sí han mostrado una disminución de la viabilidad inferior al 50%.

Conclusiones

Solo unas pocas sulfoamidadas tienen capacidad para impedir la motilidad de L3 en cultivo que pueden deberse a la especificidad de unión al sitio de la colchicina.

Financiación

Proyectos RICET RD16/0027/0018 y PI16/01784. Subvencionados por el Instituto de Salud Carlos III. Cofinanciación con fondos FEDER (Fondo Europeo de Desarrollo Regional) "Una manera de hacer Europa". Ayuda personal técnico de apoyo a la investigación. Sistema Nacional de Garantía Juvenil. Cofinanciación con Fondo Social Europeo, Iniciativa de Empleo Juvenil. BDNS: 427002.

RES0155 La sobreexpresión de *Jean 3* en *Leishmania* genera una respuesta inmune protectora y reduce la infectividad del parásito

Celia Fernández Rubio¹, Andrés Vacas-Oleas², José Peña Guerrero², Fabio Rocha Formiga³, Esther Larrea⁴, Paul Nguewa¹

- 1 *ISTUN/Instituto de Salud Tropical. Universidad de Navarra. IDISNA/Instituto de Investigación Sanitaria de Navarra Microbiología y Parasitología*
- 2 *ISTUN/Instituto de Salud Tropical. Universidad de Navarra. Microbiología y Parasitología*
- 3 *Gonçalo Moniz Research Center Oswaldo Cruz Foundation (FIOCRUZ/BA)*
- 4 *ISTUN/Instituto de Salud Tropical. Universidad de Navarra. IDISNA/Instituto de Investigación Sanitaria de Navarra Inmunología de patógenos*

Introducción

Alrededor de 300 millones de personas están en riesgo de contraer Leishmaniasis, una enfermedad transmitida por vectores y causada por parásitos de *Leishmania*. No existe vacuna eficaz y el descubrimiento de nuevos agentes leishmanicidas es una necesidad urgente.

Objetivos

Nuestro grupo ha identificado la Serin-treonin-quinasa *Jean3*, sin ortólogos en mamíferos y constitutivamente expresada en tripanosomátidos causantes de patologías. Para evaluar su implicación en la infectividad de *Leishmania*, hemos generado parásitos que sobreexpresan *Jean3* (Lm)30E).

Materiales y Métodos

Macrófagos infectados con promastigotes LmJ3OE y control, se tiñeron con Giemsa para determinar el porcentaje de células infectadas por microscopía. Para estudiar los niveles de expresión de genes involucrados en infectividad, el RNAm de macrófagos infectados se analizó mediante RT-qPCR. Para los estudios *in vivo*, se inocularon ratones BALB/c en la almohadilla plantar con parásitos sobreexpresantes y control, y la hinchazón se monitorizó semanalmente, comparándola con ratones no infectados. Los RNAs de las almohadillas se utilizaron para analizar genes de respuesta inmune y para los estudios inmunohistoquímicos.

Resultados

Los parásitos LmJ3OE mostraban rangos de fagocitosis *in vitro* e hinchazón de la almohadilla significativamente menores al compararlos con los controles además de una disminución de los niveles de RNAm de genes que codifican factores de virulencia. El patrón de expresión de genes del hospedador mostró una reducción en los niveles de *IL4*, *IL10* y *ARG1*, sin cambios en citoquinas asociadas a respuesta Th1, excepto *IL12* que aumentó. Las secciones de almohadillas teñidas con hematoxilina-eosina mostraron menores áreas de infiltración en ratones infectados con parásitos LmJ3OE. El análisis inmunohistoquímico de ARG1 e iNOS, mostró menor inducción de ARG1 y valores similares para iNOS, en las patas de animales infectados con parásitos LmJ3OE y LmMC.

Conclusiones

La sobreexpresión de *Jean3* generó un perfil de infectividad atenuado, asociado a una disminución de la respuesta inmune Th2, que beneficiaba la respuesta Th1. Estos resultados sugieren que los parásitos sobreexpresantes son candidatos adecuados para ensayos de vacunación.

Financiación

Este estudio ha sido financiado por Obra Social la Caixa y Fundación Caja Navarra, Fundación Roviralta, Ubesol, Ministerio de Educación Cultura y Deporte (FPU17/03304), Gobierno de Navarra, Laser Ebro y Fundación Garcilaso de la Vega

RES0169 Toxicidad en el tratamiento de la infección tuberculosa latente

Tania Colomer Duran¹, Guadalupe García Salgado², Begoña Treviño Maruri², Diana Pou Ciruelo², Nuria Serre-Delcor², Inés Oliveira Souto², María Luisa Aznar Ruiz de Alegría²

1 *Eap Dreta De L'eixample (Roger De Flor) Medicina Atención Primaria I Comunitaria*

2 *Unidad de Medicina Tropical y Salud Internacional Vall Hebron-Drassanes Unidad de Medicina Tropical y Salud Internacional (Prosic)*

Introducción

Tradicionalmente se ha incluido una analítica sanguínea en la monitorización de efectos adversos en pacientes en tratamiento con

infección tuberculosa latente (ITL) en la Unidad de Medicina Tropical y Salud Internacional de Vall d'Hebron-Drassanes (UMTSIVH-D).

Objetivos

Evaluar la necesidad de realizar controles analíticos periódicos en pacientes en tratamiento para ITL para la prevención/objetivación de efectos adversos graves en nuestra unidad.

Materiales y Métodos

Se incluyeron todos los pacientes procedentes de países con alta incidencia de tuberculosis, <= 35 años, con diagnóstico de ITL que iniciaron tratamiento médico de 2004 a 2018 con rifampicina e isoniazida (RIF+INH) durante 3 meses en la UMTSIVH-D. Los pacientes se clasificaron según habían completado el tratamiento o no. Las causas de no completar el tratamiento se clasificaron en: traslado de domicilio, embarazo o interrupción voluntaria del embarazo (IVE), abandono y toxicidad. Entre los pacientes que presentaron toxicidad se evaluaron los síntomas clínicos y las alteraciones analíticas.

Resultados

Entre 2004-2018, 706 pacientes iniciaron tratamiento de ITL, de los que 600 (83.2%) completaron el tratamiento. De los 106 pacientes que no completaron el tratamiento la causa fue: 88 (12.2%) abandono, 17 (2,2%) toxicidad, 10 (1,4%) traslado y 7 (1%) interrupción por embarazo o IVE. No disponemos de datos de 6 de los 17 pacientes que presentaron toxicidad. Entre los 11 pacientes con seguimiento, 8 (72,7%) presentaron sintomatología (3 presentaron prurito generalizado, 1 cefalea intensa, 1 poliartritis, 1 galactorrea, 1 dolor abdominal y 1 insomnio con afectación de las actividades de la vida diaria) y 4 presentaron alteraciones en la analítica (3 elevación de transaminasas y 1 neutropenia moderada). Tres de los pacientes con alteración analítica no presentaron sintomatología. Todos los efectos adversos desaparecieron tras la retirada de la medicación.

Conclusiones

Los efectos adversos en pacientes <= 35 años sanos que reciben tratamiento de ITL con RIF+INH 3 meses son poco frecuentes. La mayoría de efectos adversos se acompañaron de sintomatología clínica. Sólo en 3 de los pacientes la realización de una analítica de sangre permitió detectar el desarrollo de efectos adversos. Los hallazgos de este estudio abren la discusión sobre la necesidad de realizar controles analíticos en estos pacientes.

Financiación

Sin financiación.

RES0178 Presencia y dispersión de huevos de *Echinococcus granulosus* sl en condiciones ambientales de Patagonia (Argentina)

Paula Sanchez Thevenet¹, Héctor Manuel Álvarez², Claudia Torrecillas³, Oscar Jensen⁴, Juan A. Basualdo-Farjat⁵

- 1 Universidad CEU Cardenal Herrera Medicina
- 2 Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco y CONICET (Argentina) Instituto de Biociencias de la Patagonia (INBIOP)
- 3 Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco (Argentina) Cátedra de Parasitología, Departamento de Bioquímica
- 4 Ministerio de Salud y Ministerio Producción de la Provincia de Chubut Centro de Investigación en Zoonosis
- 5 Universidad Nacional de La Plata (Argentina) Cátedra de Microbiología y Parasitología, Centro Universitario de Estudios Microbiológicos y Parasitológicos

Introducción

La equinococosis quística es una de las principales zoonosis en Patagonia (Argentina).

Objetivos

El objetivo del estudio es identificar factores que condicionan la persistencia y dispersión de huevos de *Echinococcus granulosus* en el ambiente.

Materiales y Métodos

En un perímetro de acceso restringido en Sarmiento (45°36'S, 69°5'W, Patagonia, Argentina) se mantuvieron por 6 meses 2 perros experimentalmente parasitados con *E. granulosus* sl (100 y 1000 adultos), y otros 2 libres de infección. A los tiempos (T) de 0, 41, 70 y 84 meses post retirada de los perros del predio, se examinaron muestras de materia fecal canina (mfc), de suelo y de sedimento y agua de laguna, mediante técnicas de Ritchie y Sheather. La detección de antígenos de *Echinococcus* spp. se realizó por copro-ELISA en mfc y Copro-Western Blot en muestras de suelo.

Resultados

La mfc de los perros infectados resultó positiva a huevos del parásito tras 41 meses de seguimiento, mientras que el cAtg fue positivo hasta los 70 meses. Las heces de perros no infectados resultaron negativas durante todo el estudio. El número de muestras de suelo positivas varió de 11/50 a T0 a 0/50 a T84. El sector ocupado por el perro con mayor carga parasitaria tuvo un porcentaje de muestras de suelo positivas de 100% y 83% a T0 y T41, y el del perro con menor del 83% y 50%, a similares tiempos. Se encontraron huevos del parásito en el suelo hasta una distancia máxima de 115 m del sitio de deposición inicial de las heces contaminadas, y en la dirección prevalente del viento. Las muestras de sedimento fueron negativas a T0 y positivas a T41, mientras que las de agua fueron negativas durante los 84 meses.

Conclusiones

Nuestros hallazgos indican que bajo clima árido inferior, la presencia y dispersión de los huevos del parásito está relacionada con la carga de infección del perro y sus hábitos de defecación,

además con la dirección del viento y la existencia de cuerpos de agua superficial. El presente, es el primer estudio en proporcionar evidencias sobre la influencia de factores bioclimáticos en la dispersión de huevos de *E. granulosus* en Patagonia.

Financiación

UNPSJB (ResCS126/06).

RES0182 Optimización y aplicación del ensayo de estimulación de sangre completa para la detección de *Leishmania* en el terreno

Ana Victoria Ibarra-Meneses, Carmen Sanchez, Javier Moreno, Eugenia Carrillo

Instituto de Salud Carlos III Laboratorio de referencia e investigación en Parasitología

Introducción

La leishmaniasis afecta a las poblaciones más pobres del planeta. Por lo que los recursos para el diagnóstico y/o monitorización del tratamiento se encuentran limitados. La transferencia de las muestras de plasma, proveniente de la estimulación de la sangre completa (WBA) con el antígeno soluble de *Leishmania* (SLA), al papel de filtro es una alternativa efectiva para conservar, almacenar y transportar las muestras.

Objetivos

El objetivo de este estudio fue determinar las mejores condiciones para el almacenamiento y transporte de las muestras de plasma estimulado transferidas al papel de filtro.

Materiales y Métodos

Las muestras de sangre empleadas en este estudio fueron estimuladas con SLA durante 24 horas a 37 °C. De cada muestra, 40µL de plasma estimulado fueron transferidos al papel de filtro y tras evaluar los diferentes parámetros se cuantificaron las diferentes citoquinas/quimioquinas mediante citometría de flujo.

Las condiciones evaluadas fueron: tiempo de almacenamiento (desde 1 semana hasta 1 año, tomando muestras cada 2 meses), temperatura (temperatura ambiente, 4 °C y -20 °C) y antígeno que estimula la sangre completa (*L.infantum* vs *L.donovani*).

Resultados

La mejor temperatura de almacenamiento para la estabilidad de los analitos fue 4°C. En relación al tiempo óptimo de conservación de las muestras, éste dependió del analito a evaluar. Tras la elución del plasma estimulado, IL-2 e IFN-γ se eluyeron con gran dificultad del papel de filtro; mientras que los niveles de MCP-1 disminuyeron a lo largo del tiempo. Por su parte, la quimioquina IP-10 mostró gran estabilidad a lo largo del tiempo y en as diferentes temperaturas evaluadas. Además, encontramos un patrón de secreción de citoquinas/quimioquinas similar tras la estimulación de la sangre completa con SLA de *L.infantum* y *L.donovani*.

Conclusiones

El papel de filtro es un método alternativo fácil, eficiente y útil en el almacenamiento, conservación y transporte de las muestras de plasmas estimulados.

IP-10 demostró ser el analito más estable en el papel de filtro tras los diferentes tiempos y temperatura de almacenamiento.

La combinación de estas herramientas se ha evaluado en la búsqueda de la infección asintomática y en la monitorización del tratamiento en España, Bangladesh y Etiopía, obteniendo resultados novedosos.

Financiación

RICET (RD16CIII/0003/0002).

RES0197 Primera detección de *Balamuthia mandrillaris* en ecosistemas acuáticos del Reino Unido

Umar Anjum¹, Angela Magnet², Fernando Izquierdo², **Lucrecia Acosta Soto**³, Antonio Peña-Fernandez¹

- 1 *De Montfort University Leicester School of Allied Health Sciences*
- 2 *Universidad San Pablo-CEU, CEU Universities. Parasitología*
- 3 *Universidad Miguel Hernández de Elche Área de Parasitología*

Introducción

Balamuthia mandrillaris es una ameba de vida libre que puede ser patógena para humanos causando encefalitis amebiana granulomatosa. Esta puede resultar fatal tanto en pacientes inmunocomprometidos como inmunocompetentes. *B. mandrillaris* puede encontrarse en diferentes ambientes, suelo o polvo y más raramente en aguas. Sin embargo, hasta donde sabemos, nunca se ha informado en el Reino Unido (Reino Unido).

Objetivos

Determinar la presencia de *B. mandrillaris* en diferentes ambientes acuáticos públicos muy frecuentados en ciudad de Leicester (UK).

Materiales y Métodos

Siguiendo las recomendaciones de la Agencia de Protección Ambiental de Estados Unidos (método 1623), desde marzo a noviembre de 2018, fueron recogidas un total de 90 muestras de agua (tres tandas de 30 muestras en lugares diferentes): 15 estanques (en parques públicos)/embalses de agua; 7 en el río Soar; 2 de una zona canalizada del río Soar (Grand Union canal); 1 del río Biam, 1 de puerto deportivo cerca del río Soar y 4 de diferentes lagos (John Merricks, Kings Lear, piscinas de Pesca Benion y el parque Abbey). Las muestras se recolectaron usando

una bomba de agua portátil conectada a un de filtro de espuma y se concentraron utilizando el sistema IDEXX® Filta Max siguiendo las instrucciones del fabricante y el método EPA 1623. El ADN se extrajo utilizando un kit de FastDNA®. Para la detección molecular se utilizó PCR en tiempo-real mediante duplicados.

Resultados

Un total de 90 muestras de agua fueron sometidas a extracción de ADN y la detección molecular reveló positividad a *B. mandrillaris* en el lago John Merricks (1,1%) en la primavera de 2018.

Conclusiones

Nuestros resultados revelan por primera vez la presencia de *B. mandrillaris* en el Reino Unido. El lago John Merricks es uno de las reservas de la naturaleza que tiene Leicester y es generalmente muy frecuentado para pescar u otras actividades de ocio. Los usuarios pueden adquirir la infección al estar en contacto con el agua mientras llevan a cabo sus actividades. Dado el importante riesgo para la salud humana, se hace necesario un monitoreo y análisis más exhaustivo para determinar el riesgo potencial para los usuarios de este lago.

Financiación

Ninguna.

RES0205 Tipificación de las especies responsables por la leishmaniasis cutánea en pacientes de un centro de referencia en Brasil

Luciana de Freitas Campos Miranda, Armando de Oliveira Schubach, **Raquel S. Pacheco**

Instituto Nacional de Infectologia Evandro Chagas, INI, Fiocruz, Rio de Janeiro, Brasil Laboratorio de Pesquisa Clínica e Vigilância em Leishmanioses

Introducción

La leishmaniasis es una enfermedad causada por protozoos del género *Leishmania* y puede presentarse clínicamente como leishmaniasis visceral (LV) o leishmaniasis tegumentaria (LT). En Brasil, ocho especies de *Leishmania* son patógenas para los humanos. La caracterización taxonómica de especies de *Leishmania* gana importancia en el diagnóstico, la vigilancia epidemiológica y las investigaciones clínicas.

Objetivos

En el presente estudio, se llevó a cabo la caracterización taxonómica de 582 aislados de *Leishmania*, obtenidos a través del diagnóstico parasitológico de pacientes humanos con LT, atendidos de 2000 a 2015 en un Centro de Referencia en Río de Janeiro, Brasil.

Materiales y Métodos

Las especies fueron caracterizadas por electroforesis de isoenzimas (95.6%), reacción en cadena de la polimerasa (*hsp70C*) y digestión enzimática con *HaeIII* y *BstUI* (4%) o secuenciación del espaciador interno transcrito del ADN ribosomal (ITS-1) (0.4%).

Resultados

Las especies identificadas fueron: *L. (Viannia) braziliensis* (n=558, 95.9%), *L. (V.) naiffi* (n=8; 1.4%), *L. (V.) guyanensis* (n=2, 0.3%), *L. (L.) infantum* (n=1; 0.2%), y variantes genéticas de *L. (V.) braziliensis* (n=5, 0.8%) y *L. (V.) naiffi* (n=1; 0.2%). *L. (V.) braziliensis* fue detectada en la mayoría de los casos, confirmando que esta es la especie con la mayor prevalencia y distribución en RJ y en Brasil. Las otras especies identificadas provinieron principalmente de migrantes y viajeros de otros estados brasileños y otros países. Es importante destacar la detección del primer caso autóctono de infección por una variante genética de *L. (V.) naiffi* y su adaptación a un nuevo entorno en el municipio de Duas Barras-RJ, región sureste de Brasil, un hecho que demuestra la importancia de este estudio desde el punto de vista epidemiológico, ya que esta especie generalmente se describe solo en la región amazónica brasileña.

Conclusiones

Este estudio contribuyó al conocimiento de la caracterización taxonómica de las especies de *Leishmania* responsables por la LT humana en el estado de RJ-Brasil, considerando la casuística de un Centro de Referencia en Leishmaniasis del 2000 al 2015.

Financiación

Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ) y Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

RES0216 Descripción de diferentes estrategias que permiten mejorar la sensibilidad de la PCR a tiempo real de *Trypanosoma cruzi*

Aroa Silgado Giménez¹, Juan Carlos Ramírez², Laura Guerrero-Latorre³, Zaira Moure¹, Inés Oliveira Souto⁴, Núria Serre Delcor⁴, Israel Molina⁴, Tomas Pumarola Suñe¹, Elena Sulleiro Igual¹, **Fernando Salvador Vélez**⁵

- 1 Hospital Universitario Vall d'Hebrón. Universitat Autònoma de Barcelona. PROSICS Barcelona Microbiología
- 2 Instituto de Investigaciones en Ingeniería Genética y Biología Molecular Dr. Héctor N. Torres (INGEBI-CONICET) Microbiología
- 3 Vall d'Hebron Insitut de Recerca Microbiología
- 4 Hospital Universitario Vall d'Hebrón. Universitat Autònoma de Barcelona. PROSICS Barcelona Enfermedades Infecciosas
- 5 Microbiología

Introducción

Existen diferentes protocolos para la detección de ADN de *Trypanosoma cruzi* usando PCR a tiempo real (qPCR) en muestras sanguíneas, con porcentajes de positividad variables. Esto se

debe a distintos factores, como la región genética diana, el diseño de los cebadores, o el método de extracción de ácidos nucleicos, entre otros.

Objetivos

El objetivo de este trabajo es describir cuatro estrategias para aumentar la sensibilidad del método (combinando dos métodos de extracción y dos protocolos de qPCR) y valorar el rendimiento de la qPCR en el diagnóstico y seguimiento de pacientes con enfermedad de Chagas crónica.

Materiales y Métodos

Las muestras de sangre obtenidas de pacientes crónicos se trataron con tampón Guanidina-EDTA 6M. El ADN fue extraído usando dos sistemas de extracción: uno automatizado basado en partículas magnéticas (NucliSENS® easyMAG®, Biomérieux) y otro manual basado en columnas de sílice (High Pure PCR Template Preparation Kit, Roche). Seguidamente, se realizaron dos protocolos dúplex de qPCR (qPCR_1 y qPCR_2) para la detección de ADN satélite de *T. cruzi* y un control interno de amplificación, utilizando diferentes secuencias de cebadores para ambas dianas en cada qPCR.

Resultados

Se analizaron un total de 103 muestras sanguíneas. El mayor porcentaje de positividad (60/103; 58.3%) se obtuvo en muestras extraídas por el sistema de columnas y analizadas con el protocolo de qPCR_2. Sin embargo, el número de réplicas inválidas fue mayor en aquellas muestras extraídas mediante dicho método. En cada una de las 103 muestras, se realizaron 3 réplicas de extracción, observándose un incremento en el porcentaje de positividad al realizar más de una réplica. Sólo se obtuvo una diferencia estadísticamente significativa cuando se añade de 1 a 3 réplicas de extracción en el método automatizado (de 54.1% a 68.8%; $P < 0.05$).

Conclusiones

La mejor sensibilidad de qPCR se obtuvo al extraer el ADN por el sistema *High Pure* y analizadas con el protocolo de qPCR_2, seguido de la extracción con *easyMAG* y analizadas con qPCR_1. Así, el uso del sistema *easyMAG* es una buena opción en laboratorios de diagnóstico con un amplio volumen de muestras a procesar. La realización de más de una réplica de extracción aumenta la sensibilidad de la qPCR.

Financiación

No.

RES0230 *Taraxacum* y *Saccharum* fuentes potenciales de transmisión de fascioliasis en el sur de Ecuador

Patricio Artigas¹, David Osca¹, Ángel Villavicencio², Rocío Guamán², Santiago Ulloa², Javier Romero², Santiago Mas-Coma¹, María Dolores Bargues¹

- 1 Facultad de Farmacia, Universitat de València
Departamento de Parasitología
- 2 Universidad de las Fuerzas Armadas-ESPE. Extensión
Santo Domingo de los Tsáchilas, Vía Santo Domingo-
Quevedo km 24, Santo Domingo de los Tsáchilas, P.O.
Box 171-5-231B, Ecuador Departamento de Ciencias de
la Vida y Agricultura

Introducción

La fascioliasis es una trematodiasis zoonótica de alta patogenicidad transmitida por caracoles dulceacuícolas. En América del Sur esta parasitosis constituye un serio problema de salud con altas tasas de infección en países asociados a la cordillera de los Andes.

Objetivos

Ecuador, con una accidentada geografía, presenta escenario de alto riesgo de transmisión de fascioliasis que incluye numerosos reportes de infecciones humanas y de regiones de alta endemidad animal en los Andes centrales y meridionales.

Materiales y Métodos

En marzo de 2018 se llevaron a cabo muestreos malacológicos en zonas de pastoreo y cercanas a poblados rurales, con altitudes entre los 150 a 1.770 m.s.n.m en los cantones de Vilcabamba, Gonzanamá, Macará y Zapotillo en la provincia de Loja, al sur de Ecuador.

Resultados

Ejemplares de *Lymnaea neotropica* y *L. schirazensis* fueron identificados mediante secuencias completas de los espaciadores internos de ADN nuclear ribosomal ITS1 e ITS2. La implementación de creciente de sistemas de riego observados en la región para plantaciones de arroz y otros cultivos, proporcionan microhábitat muy adecuado para la proliferación de lymnaeidos.

Conclusiones

El hallazgo de algunos lymnaeidos asociados a *Taraxacum* (diente de león) que es consumida en ensaladas, y en *Saccharum* (caña de azúcar) cuya corteza suele removerse con los dientes, pueden representar una importante fuente potencial de infección para las personas.

Financiación

Trabajo financiado por Proyecto de Investigación en Salud No. PI16/00520 (MINECO, España); Red de Investigación Cooperativa en Enfermedades Tropicales RICET No. RD16/0027/0023 (RETICS, ISCIII, Madrid); Programa PROMETEO, Proyecto No. 2012/042 - 2016/099 (Generalitat Valenciana, Valencia).

RES0232 Identificación de cepas aisladas de casos de leishmaniosis importada en Catalunya. Descripción de nuevos zimodemas

Anna Fernández-Arévalo¹, Francine Pratlong², Cristina Ballart Ferrer³, Patrick Lami², Silvia Tebar Martínez¹, Mercè Alsina⁴, Pilar Iranzo⁴, Teresa Llovet Pellejero⁵, Carme Muñoz Batet⁵, Montserrat Gállego Culleré³

- 1 Universitat de Barcelona, Facultat de Farmacia y Ciencias de la Alimentación Sección de Parasitología
- 2 Université de Montpellier (Francia) Département de Parasitologie-Mycologie
- 3 Universitat de Barcelona, Facultat de Farmacia y Ciencias de la Alimentación/ISGlobal Sección de Parasitología
- 4 Hospital Clínic de Barcelona Servicio de Dermatología
- 5 Hospital de la Santa Creu i Sant Pau Servicio de Microbiología

Introducción

En España, el agente causal de la leishmaniosis es *Leishmania infantum*. Sin embargo, como consecuencia de la globalización, en la última década se han descrito casos de leishmaniosis cutánea importados de otras zonas endémicas causados por otras especies (5% de los casos declarados en 2017). Este hecho es importante, ya que el manejo de la enfermedad varía en función de la especie causal. El Multilocus Enzyme Electrophoresis (MLEE) es la técnica de referencia para identificar y caracterizar las cepas de *Leishmania*.

Objetivos

Se pretende profundizar en la diversidad taxonómica de las cepas causantes de leishmaniosis cutánea presuntamente importada en nuestra zona

Materiales y Métodos

Se trata de un estudio retrospectivo de cepas aisladas de casos de leishmaniosis cutánea almacenadas en el criobanco de tripanosomátidos de la Facultad de Farmacia y Ciencias de la Alimentación de la Universitat de Barcelona. Se caracterizaron 23 cepas aisladas, entre 1986 y 2018 en hospitales de Catalunya, por MLEE siguiendo protocolos previamente descritos. Se evaluó la movilidad electroforética de 12 enzimas metabólicas (ME, PGD, G6PD, DIA, NP₁, NP₂, GOT₁, GOT₂, PGM, FH, MPI, GPI) con el fin de asignar a las cepas un zimodema.

Resultados

Las cepas fueron identificadas como *L. infantum* (4), *L. tropica* (1), *L. major* (10), *L. braziliensis* (5), *L. guyanensis* (2) y *L. panamensis* (1). Por el momento, se han identificado 13 zimodemas.

demás. Cuatro de las cepas procedentes de Sudamérica presentaron perfiles de MLEE no descritos. Los nuevos zimodemas, codificados de MON-327 a MON-330, son el resultado de una nueva combinación de movilidades conocidas para los enzimas analizados o bien nuevas movilidades no descritas previamente para el género o la especie.

Conclusiones

El trabajo muestra que las leishmaniasis cutáneas diagnosticadas en Catalunya están causadas por una gran variedad de especies, originarias del Viejo y Nuevo Mundo, confirmando que los casos importados son una realidad. Dado que el manejo y el tratamiento de la enfermedad dependen de la especie causal, se enfatiza la necesidad de identificar la especie en cada caso.

Financiación

Estudio parcialmente financiado por una ayuda de movilidad de la Fundació Montcelimar y la Universitat de Barcelona.

RES0239 Epidemiología de *Dientamoeba fragilis* en el Área Norte de la Comunidad de Madrid

Paloma García Clemente, Marina Alguacil, Guillermo Ruiz Carrascoso, Julio García Rodríguez

Hospital Universitario la Paz Microbiología y Parasitología

Introducción

Dientamoeba fragilis es un protozoo del tracto gastrointestinal humano con una distribución mundial variable.

Aunque inicialmente se considera no patógeno, varias publicaciones han mostrado su potencial patogenicidad como causa de enfermedades gastrointestinales en forma de diarrea aguda, dolor abdominal recurrente, heces blandas y flatulencia. Debido a que todavía existen dudas sobre su ciclo biológico, prevalencia, patogenicidad y tratamiento describimos los aspectos epidemiológicos en nuestra área de la Comunidad de Madrid.

Objetivos

El objetivo de este estudio es analizar las características epidemiológicas de los pacientes en los que se detectó *Dientamoeba fragilis*. Además se analizó la posible relación de *Dientamoeba fragilis* con *Enterobius vermicularis* por su estrecha relación en su ciclo biológico.

Materiales y Métodos

Se realizó un estudio retrospectivo de los pacientes con PCR positiva para *Dientamoeba fragilis* entre mayo y noviembre de 2018. La identificación de parásitos en las muestras se realizó mediante PCR a tiempo real (Allplex™ Gastrointestinal Infection, Seegene) que incluye dianas para la detección de *Giardia*

intestinalis, *Cryptosporidium* spp, *Blastocystis hominis*, *Cyclospora* spp, *Entamoeba histolytica* y *Dientamoeba fragilis*.

Resultados

Se analizaron muestras de heces de 4.265 pacientes, de las cuales 382 (8,8%) fueron positivas para *Dientamoeba fragilis*. De los 382 positivos, 187 (49%) fueron hombres y 195 (51%) mujeres. La edad media de los pacientes con diagnóstico positivo fue de 19,2 años siendo la mediana de 8 años para hombres y 12 años para mujeres. De los 382 casos 202 (53%) presentaban otros parásitos: 158 (41%) *Blastocystis hominis*, 31 (8%) *Giardia intestinalis*, 12 (3%) *Cryptosporidium* spp, 1 (0,3%) *Cyclospora* spp. Se analizaron un total de 13 pacientes con muestras positivas para *Enterobius vermicularis* de mayo a noviembre de 2018, cinco de ellos fueron también positivos a *Dientamoeba fragilis*.

Conclusiones

Dientamoeba fragilis ha sido el segundo protozoo intestinal más frecuentemente detectado en los pacientes de nuestro área después de *Blastocystis hominis* (15,2%) y el principal en población pediátrica (17%) (<15 años). La co-detección con otros protozoos intestinales que comparten vías de transmisión es habitual siendo la combinación más frecuente *Dientamoeba fragilis*-*Blastocystis hominis*. El escaso número en esta serie de pacientes infectados con *Enterobius vermicularis* no nos ha permitido establecer una relación clara entre ambos parásitos.

Financiación

RES0246 Estudio descriptivo de leishmaniasis cutánea en un hospital de tercer nivel en Palma de Mallorca

Helem Haydee Vilchez Rueda¹, María Peñaranda Vera¹, Daniel Ramos Rodríguez², Inés Gracia Darder², Isabel Torralba Cloquell³, Carla Iglesias Escobar⁴, Ana Mena Ribas⁴

- 1 *Hospital Universitari Son Espases Medicina Interna Infecciosas*
- 2 *Hospital Universitari Son Espases Dermatología*
- 3 *Hospital Universitari Son Espases Anatomía Patológica*
- 4 *Hospital Universitari Son Espases Microbiología*

Introducción

La leishmaniasis cutánea (LC) es endémica en más de 70 países, la presentación clínica es muy variada, el diagnóstico se realiza por clínica y observación de parásitos en las biopsias lesionales, el tratamiento más habitual son los antimonials intralesionales.

Objetivos

Describir las características epidemiológicas, clínicas y el tratamiento de pacientes con LC en el Hospital Universitari Son Espases (HUSE) de Palma

Materiales y Métodos

Estudio retrospectivo, descriptivo de pacientes diagnosticados de LC mediante estudio anatómo-patológico entre los años 1994 a 2018 en el HUSE, los datos epidemiológicos y clínicos fueron obtenidos de la historia clínica y analizados en SPSS.

Resultados

Incluimos 207 pacientes, 50.20% mujeres, edad media 46 años, el antecedente de contacto con perros sólo se pudo obtener en 21 casos, siendo afirmativo en 12. Presentaban inmunosupresión 37 pacientes (17,9%): VIH 18/37(48.6%) y neoplasia 10/37(27%). Las localizaciones más frecuentes: cara (32.9%), brazo (14%) y piernas (8.2%). La lesión más frecuente: pápula eritematosa sobre elevada seguida de úlcera. La mayoría fue diagnosticado en Dermatología (80.7%) y el tratamiento más frecuente recibido fue glucantime intralesional 29%. Se realizó seguimiento en 90 pacientes de los cuales: curaron 90% y recidivaron 10%. De los 9 pacientes que recidivaron, 7 fueron VIH observándose una relación estadísticamente significativa $p=0.00$.

Conclusiones

La LC es prevalente tanto en hombres como en mujeres, no teniendo predilección por ningún sexo, así como en pacientes jóvenes. El principal servicio en el cual los pacientes son diagnosticados es dermatología, debido probablemente a que la mayor parte de pacientes son derivados a esas consultas para descartar de otra patología. El tener VIH estaría relacionado con mayor riesgo de recidiva de LC.

Financiación

No

RES0255 Diagnóstico serológico de la strongiloidiasis: desarrollo y evaluación en muestras clínicas de un ELISA de isotipos

Elena Dacal Picazo¹, José María Saugar¹, Sonsoles Jiménez¹, Julio López-Abán², Fernando Salvador³, Begoña Treviño³, Elena Sulleiro³, María Teresa Cabezas⁴, Ana Belén Lozano-Serrano⁴, Ana Requena-Méndez⁵, José Muñoz⁶, Judit Villar⁷, Carmen Muñoz Batet⁸, Jaume Llaberia Marcual⁸, Esperanza Rodríguez¹

- 1 Instituto de Salud Carlos III/Centro Nacional de Microbiología Laboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología/Unidad de Diagnóstico Serológico de Parasitosis
- 2 Universidad de Salamanca/Facultad de Farmacia Instituto de Investigación Biomédica de Salamanca-Centro de Investigación de Enfermedades Tropicales de la Universidad de Salamanca (IBSAL-CIETUS)/Grupo e-INTRO (Enfermedades Infecciosas y Tropicales)
- 3 Hospital Universitario Vall d'Hebrón PROSICS

- 4 Hospital de Poniente Unidad de Medicina Tropical
- 5 Institute for Global Health (ISGlobal-Hospital Clinic, Universitat de Barcelona)
- 6 Barcelona Institute for Global Health (ISGlobal-Hospital Clinic, Universitat de Barcelona)
- 7 Hospital del Mar
- 8 Hospital de la Santa Creu i Sant Pau

Introducción

La strongiloidiasis es una enfermedad emergente en nuestro país debido al incremento de inmigrantes y de viajeros procedentes de zonas endémicas. Su correcto diagnóstico es de crucial importancia ya que el nematodo, que produce una infección intestinal crónica, puede diseminarse en pacientes inmunosuprimidos, elevándose su mortalidad. Las técnicas de diagnóstico disponibles presentan limitaciones de sensibilidad/especificidad. Por ello es necesario desarrollar nuevas herramientas para el diagnóstico correcto de esta parasitosis.

Objetivos

Desarrollar una técnica ELISA para detección de IgG-1 e IgG-4 anti-*Strongyloides* y evaluar su aplicación en muestras clínicas.

Materiales y Métodos

Se utilizó como antígeno un extracto crudo de larvas L3 de *Strongyloides venezuelensis* y las titulaciones de los reactivos se determinaron siguiendo el formato de tablero de ajedrez. Los *cut offs* se establecieron mediante curvas ROC. La técnica se evaluó con 182 muestras de inmigrantes o viajeros de 6 hospitales del Sistema Nacional de Salud: Hospital de Poniente (n=37), Hospital Universitario Vall d'Hebrón (n=31), Hospital Clinic (n=61), Hospital de la Santa Creu i Sant Pau (n=32), Hospital del Mar (n=11) y Hospital Universitari de Bellvitge (n=10). El criterio de inclusión fue presentar serología positiva por el kit comercial *Strongyloides* IgG IVD-ELISA y/o presencia del parásito en heces. De forma paralela se analizaron muestras de heces de estos pacientes por PCR en tiempo real para la detección de *Strongyloides* spp.

Resultados

De todos los pacientes reclutados, 95 fueron mujeres y 87 hombres, con una edad media de 40,24 años. De las 171 muestras de suero analizadas por ELISA IgG-1/IgG-4, 63 fueron positivas a IgG-1 y 49 positivas a IgG-4. Por otro lado, 32 resultaron positivas para ambos isotipos. Se observó que el mayor número de muestras positivas por isotipos (80,56%) y por PCR en tiempo real (37,22%) correspondía a las muestras que por ELISA-IgG IVD tenían un índice mayor de 4 y el mayor número de negativos a isotipos se encontró en los pacientes positivos por IVD con un índice entre 1 y 2.

Conclusiones

La técnica de ELISA de isotipos es una herramienta más específica que los métodos comerciales disponibles para el diagnóstico serológico de strongiloidiasis.

Financiación

SEMSTI-RFEF PI/2014 y RD16CIII/0003/0004; RD16/0027/0018; RD16/0027/0004 RICET-Plan Estatal de I+D+I 2013-2016-FEDER.

RES0260 Nuevas técnicas de diagnóstico de las principales protozoosis intestinales

Marina Alguacil Guillén, Patricia González Donapetry, Sol María San José Villar, Elena Trigo Esteban, Julio García Rodríguez, Guillermo Ruiz Carrascoso

Hospital Universitario La Paz - Carlos III Servicio de Microbiología y Parasitología

Introducción

Durante los últimos años ha habido grandes avances en el desarrollo de nuevos sistemas de PCR-multiplex para el diagnóstico de las principales protozoosis intestinales, que presentan una elevada sensibilidad y especificidad, y poco a poco están desplazando a la microscopía tradicional.

Objetivos

Allplex™GI-Parasite Assay (Seegene®) (AGI-P) es un sistema de PCR múltiple a tiempo real que permite la detección simultánea en heces de 6 protozoos intestinales: *Blastocystis hominis* (BH), *Cryptosporidium* spp.(CR), *Cyclospora cayentanensis* (CC), *Dientamoeba fragilis* (DF), *Entamoeba histolytica* (EH) y *Giardia lamblia* (GL). Nuestro objetivo es describir los resultados obtenidos con AGI-P y compararlos con el examen microscópico parasitológico.

Materiales y Métodos

Se analizaron de forma retrospectiva los resultados de muestras de heces procedentes de la Consulta de Medicina Tropical del Hospital La Paz-Carlos III, en las que se solicitaba examen parasitológico, entre julio de 2018 y julio de 2019. Las muestras se procesaron mediante AGI-P y se prepararon los concentrados de parásitos en heces para el examen microscópico.

Resultados

Se analizaron 365 muestras de 315 pacientes. Los resultados con AGI-P fueron: 315 BH (86,3%), 69 DF (18,9%), 32 GL (8,76%), 2 CR (0,55%) y 1 EH (0,27%). En 53 de estas muestras se detectaron co-parasitaciones: 41 BH y DF, 11 BH y GL y 1 caso de BH, DF y GL. Se observaron quistes de BH en 68 de las 315 muestras positivas y de GL en 15 de las 32 muestras positivas. En la muestra positiva por PCR para EH no se observaron quistes. Los resultados positivos para CR y CC no se pudieron comparar con la microscopía, ya que requieren tinciones específicas que ya no se realizan de forma rutinaria en el laboratorio.

Conclusiones

AGI-P supone un avance en el diagnóstico de las giardiasis intestinales, aumentando en un 50% su detección.

AGI-P aumenta la detección de EH y permite diferenciarla de otras especies de Entamoeba no patógenas, indistinguibles morfológicamente al microscopio.

AGI-P permite detectar DF, muy difícil de identificar por microscopía.

AGI-P aumenta significativamente la detección de BH, aunque el valor de esta técnica frente a la detección de este patógeno es controvertido.

Financiación

Los autores declaran que no tienen conflicto de intereses.

RES0261 Nuevas perspectivas para la enseñanza de análisis coprológico en parasitología médica

Antonio Peña-Fernández¹, Fernando Izquierdo², María Dolores Ollero², Fernando Jorge Bornay Llinares³, Lucrecia Acosta Soto⁴

- 1 De Montfort University Leicester School of Allied Health Sciences,
- 2 Facultad de Farmacia, Universidad San Pablo CEU, Urbanización Montepríncipe, Boadilla del Monte, Madrid, Spain. Area de Parasitología
- 3 Universidad Miguel Hernández de Elche Área de Parasitología
- 4 Universidad Miguel Hernández de Elche Área de Parasitología, Departamento de Agroquímica y Medio Ambiente

Introducción

La presencia de helmintos parásitos, como *Echinococcus granulosus* y *E. multilocularis*, *Toxocara* spp., *Strongyloides* spp. y *Trichuris* spp., está incrementando significativamente en Europa. Sin embargo, en Inglaterra estos parásitos no se suelen estudiar, posiblemente debido a la reducción del número de prácticas en parasitología especializada en los diferentes grados de salud humana.

Objetivos

a) mejorar nuestro recurso on-line para la enseñanza y el aprendizaje de la parasitología (DMU e-Parasitology, <http://parasitology.dmu.ac.uk/index.htm>) para cubrir el estudio práctico de helmintos, incluido el desarrollo de videos sobre muestreo, gestión y procesamiento de muestras fecales para su detección; b) promover la parasitología en nuestros estudiantes de posgrado de la Universidad de De Montfort (DMU, Reino Unido).

Materiales y Métodos

Se utilizó el nuevo esquema de DMU para promover la internacionalización y la creación de nuevos contactos, *Doctoral College Research Training Fund*, para establecer una nueva colaboración con la Universidad de Miguel Hernández de Elche (UMH, España), que consistió en: a) que proporcionaran entrenamiento a estudiantes de posgrado de DMU voluntarios en la detección de helmintos en heces (técnica de Kato-Katz, Ritchie modificado, pruebas moleculares); así como b) la creación de nuevos recursos en el "laboratorio virtual" del DMU e-Parasitology para el estudio práctico de helmintos.

Resultados

Tres estudiantes de posgrado y un estudiante interno visitaron el laboratorio de parasitología de la UMH en primavera de 2019. Los estudiantes indicaron altos niveles de satisfacción y haber adquirido las habilidades básicas para la identificación de hue-

vos, larvas y oocistos en muestras fecales. El equipo de la UMH ha construido diferentes unidades para el estudio coprológico, con videos prácticos, por ejemplo: http://parasitology.dmu.ac.uk/learn/lab/Formalin/story_flash.html. Además, se han introducido diapositivas virtuales de diferentes huevos y larvas en el DMU e-Parasitology.

Conclusiones

Aunque preliminares, las nuevas unidades creadas para el estudio práctico de helmintos habrían demostrado ser exitosas en facilitar el aprendizaje del análisis coprológico. Así, un estudiante de doctorado ha aprendido estas técnicas para su tesis utilizando nuestros recursos on-line. Unidades prácticas futuras describirán la técnica de Kato-Katz. El DMU e-Parasitology podría usarse como una herramienta para aprender análisis coprológicos y para el desarrollo de cursos y actividades sobre helmintos.

Financiación

RES0263 *Encephalitozoon intestinalis* y *E. helem* en suelos de parques públicos en Leicestershire (UK)

Antonio Peña Fernández¹, Fernando Izquierdo²,
Lucrecia Acosta Soto³, Umar Anjum¹

- 1 De Montfort University Leicester School of Allied Health Sciences
- 2 Universidad San Pablo CEU Parasitología
- 3 Universidad Miguel Hernández de Elche Área de Parasitología

Introducción

Los seres humanos están cada vez más expuestos a diferentes patógenos en medio urbano. La ingestión accidental de esporas de microsporidios (*Enterocytozoon bienewisi* y *Encephalitozoon* spp.) en zonas recreativas puede suponer un riesgo para la salud. Aunque recientemente se han encontrado estas especies microsporidios, en diferentes muestras fecales de animales en Leicestershire (Reino Unido), hay información limitada sobre la presencia de microsporidios en el medio ambiente del Reino Unido.

Objetivos

Investigar la presencia de microsporidios parásitos humanos en muestras de césped y suelo recolectadas en parques públicos y áreas recreativas de la ciudad de Leicester.

Materiales y Métodos

Se recogieron veinticinco muestras de suelo (cinco por parque) y doce muestras de césped (dos por parque) de cuatro parques de ciudad de Leicester (Abbey, Humberstone, New Walk y Victoria) y de un parque natural en las afueras de la ciudad (Bradgate Park). Las muestras fueron lavadas con PBS para la recuperación de esporas. El sedimento fue resuspendido en PBS y los ácidos nucleicos fueron extraídos usando Fast-Prep for Soil® kit. Para la eliminación de inhibidores de la PCR se usó el kit QIAquick PCR kit (Qiagen). Se utilizó la técnica de PCR en tiempo real (syber-green) para la detección simultánea de las distintas especies de microsporidios con el set de oligonucleóticos MsRTf1/MsRTr1.

Resultados

La amplificación mediante PCR a tiempo real confirmó la presencia de microsporidios en cuatro de las muestras de suelo, específicamente, *E. intestinalis* en los parques Abbey y Bradgate; y *E. intestinalis* y/o *E. helem* en los parques Abbey y Humberstone. Sorprendentemente, ninguna de las muestras de césped muestreadas resultaron positivas.

Conclusiones

A nuestro conocimiento, es el primer hallazgo del patógeno oportunista *E. intestinalis* y la posible presencia de *E. helem* en muestras de suelo recogidas en parques urbanos y rurales de Leicestershire. Aunque se analizaron pocas muestras y nuestros resultados mostraron una baja prevalencia, sería necesario un mejor entendimiento de la circulación de microsporidios en suelos urbanos, ya que podrían representar un riesgo potencial para la salud pública de la población y los usuarios de estos lugares.

Financiación

Ninguna.

RES0264 Microsporidios en Sierra Leona, África occidental: ¿un futuro problema para la salud pública?

Antonio Peña Fernández¹, Fernando Izquierdo²,
Raoul Emeric Guetiya Wadoum³, Sylvester
Koroma³, Lucrecia Acosta Soto⁴, Umar Anjum¹

- 1 De Montfort University Leicester School of Allied Health Sciences
- 2 Universidad San Pablo CEU Parasitología
- 3 University of Makeni Department of Public Health
- 4 Universidad Miguel Hernández de Elche Área de Parasitología

Introducción

Un reciente estudio epidemiológico completado en Guinea (África occidental) ha identificado un mayor riesgo de mortalidad en los sobrevivientes del ébola, individuos que requerirían de contramedidas específicas para proteger su debilitada salud.

Objetivos

Determinar la presencia de microsporidia, patógenos emergentes oportunistas, en Sierra Leona, ya que pueden amenazar no solo a los sobrevivientes del ébola, ya que es el país de África occidental con mayor número de supervivientes de esta epidemia, sino también a la población general debido a su pobre sistema de salud.

Materiales y Métodos

Se extrajo ADN de treinta muestras fecales de animales recolectadas en 2019 de seis ubicaciones en el distrito de Bombali, Sierra Leona (cinco muestras por área) utilizando el kit Fast-Prep for Soil®: Makama, Roland Beach y diferentes áreas de la ciudad de Makeni (Madonkor, EBK field, Club House Garden State y un matadero). Se usó la técnica de reacción en cadena de la poli-

merasa en tiempo real SYBR Green para la detección simultánea de *Enterocytozoon bieneusi* y *Encephalitozoon* spp. [*E. intestinalis*, *E. hellem* y *E. cuniculi*], siguiendo metodologías previas.

Resultados

Se detectó *E. bieneusi* en siete muestras de heces (tres de cabras, tres de perros, y una de cerdo), mientras que *E. intestinalis* se detectó en tres (de gallina, perro y cabra), *E. cuniculi* en dos (cerdo, cabra) y *E. hellem* en uno (cerdo). Se detectaron esporas de microsporidios en heces de una variedad diferente de especies animales, y en cinco de las áreas monitoreadas, lo que indicaría una alta presencia y distribución de estos patógenos en Bombali. Las cinco muestras recolectadas en el matadero resultaron positivas para todas las especies de microsporidios estudiadas, excepto *E. hellem*.

Conclusiones

A nuestro conocimiento, este es el primer estudio que informa de la presencia de microsporidios relacionados con humanos en heces de animales en el distrito de Bombali, Sierra Leona. Por tanto, sería necesaria la implementación de medidas para minimizar la exposición de la población a estos parásitos, así como la introducción de protocolos de limpieza y procesamiento de alimentos apropiados en el matadero, así como en los hogares, especialmente en aquellos de población sensible.

Financiación

Ninguna.

RES0267 *Cryptosporidium* y *Cyclospora* en animales urbanos y salvajes en Leicestershire (UK)

Umar Anjum¹, Fernando Izquierdo², Lucrecia Acosta Soto³, Antonio Peña-Fernández¹

- 1 De Montfort University Leicester School of Allied Health Sciences
- 2 Universidad San Pablo CEU Parasitología
- 3 Universidad Miguel Hernández de Elche Área de Parasitología

Introducción

Se ha descrito un papel zoonótico en diferentes parásitos protozoos oportunistas. Aunque previamente hemos detectado la presencia de *Cryptosporidium* spp., *Cyclospora* spp. Y *Giardia intestinalis* en muestras fecales de animales recolectadas en un parque público del centro de la ciudad de Leicester (Reino Unido) durante un estudio piloto, se sabe muy poco sobre su presencia y distribución en los medios urbanos ingleses, a pesar del rápido desarrollo y urbanización al que están sometidos.

Objetivos

Investigar la presencia de parásitos protozoos oportunistas (*Cryptosporidium* spp., *Cyclospora* spp., *Giardia* spp. y *Entamoeba* spp.) en heces de animales urbanos y salvajes recolectadas a lo largo de la ciudad de Leicester y en un parque público situado en Charnwood Forest (Leicestershire), llamado Bradgate Park.

Materiales y Métodos

En agosto de 2017, se recogieron cuarenta muestras fecales de animales de tres parques urbanos de Leicester (Abbey, Victoria y New Walk) y Bradgate Park (10 muestras por ubicación) siguiendo metodologías previas para minimizar su contaminación. Un veterinario identificó las especies animales como: 28 de aves (22 palomas, 5 aves acuáticas, 1 pájaro cantor), 10 de ciervos y 2 de perros. Los parásitos se investigaron utilizando las técnicas de tinción de Kinyoun y tricrómico, respectivamente.

Resultados

Se encontraron ooquistes de *Cryptosporidium* spp. en tres muestras de heces de ciervos, mientras que se observaron estructuras relacionadas con *Cyclospora* spp. en solo una muestra de paloma. Por el contrario, no se detectó *Giardia* spp. ni *Entamoeba* spp. en ninguna de las muestras fecales estudiadas.

Conclusiones

Nuestros resultados se deben considerar como preliminares y no concluyentes, ya que se requeriría la identificación de las especies de los parásitos encontrados, así como una recolección de un número más completo de muestras para confirmar la circulación mínima de *Cryptosporidium* spp. y *Cyclospora* spp., o casi nula de *Entamoeba* spp. y *Giardia* spp., inicialmente encontrada en los territorios ingleses monitorizados. Así, es necesaria una mejor comprensión de la circulación de estos parásitos emergentes en el medio urbano para poder prevenir riesgos potenciales para la población debido a su presencia así como prevenir brotes recientes de criptosporidiosis que han afectado al Reino Unido.

Financiación

Ninguna.

RES0270 Leishmaniasis visceral en Mallorca de 2000 a 2019

Maria Peñaranda Vera¹, Ana Mena Ribas², Carla Iglesias Escobar², Isabel Torralba Cloquell³, Helem Haydee Vilchez Rueda¹, Albert Pou Goyanes⁴, Maria Angeles Ribas del Blanco¹, Melchor Riera Jaume¹, Joaquín Dueñas Morales⁵

- 1 Hospital Son Espases Medicina Interna-Infeciosas
- 2 Hospital Son Espases Microbiología
- 3 Hospital Son Espases Anatomía Patológica
- 4 Hospital Son Espases Medicina Interna
- 5 Hospital Son Espases Pediatría

Introducción

La leishmaniasis visceral es frecuente en Mallorca, sobre todo en inmunodeprimidos, con frecuentes recidivas y elevada morbimortalidad.

Objetivos

Conocer las características de los pacientes con leishmaniasis visceral, la presentación, diagnóstico, tratamiento, evolución y los factores asociados a recidivas y mortalidad.

Materiales y Métodos

Descripción de los casos con diagnóstico de leishmaniasis visceral (búsqueda a través de los servicios de microbiología, anatomía patológica y codificación) atendidos entre 2000 y 2019 en el Hospital Son Espases de Palma de Mallorca.

Resultados

Encontramos 84 casos, 57 hombres y 27 mujeres, la mediana de edad fue 39 años (5 meses- 90 años), 26 niños y 58 adultos. Tenían inmunosupresión el 62% (52), el 42% infección VIH (35). La presentación principal era fiebre (74%), astenia (69%), anorexia (65%) y pérdida de peso (54%), sólo 25% tenían dolor abdominal y 20% diarreas; esplenomegalia el 76%, hepatomegalia el 61%, sólo 12% adenopatías; anemia en el 82%, trombopenia en el 77% y leucopenia en el 67%. La mayoría se diagnosticó por biopsia de médula ósea (50), 8 por biopsia de mucosas, 4 por biopsia ganglionar, 3 por biopsia de órganos, 16 se diagnosticaron por PCR en sangre y 3 por serología. Se hizo PCR de sangre en 35 y fue positiva en el 42%, se hizo serología en 70 y fue positiva en el 83%. La mediana de tiempo de clínica al diagnóstico fue de 51 días (3 días a 2 años). La mayoría se trataron con anfB liposomal (80%), el 14% con antimoniales y el 6% con combinación de dos fármacos, solo el 20% presentaron RAM (I.renal, dorsolumbalgia, erupción cutánea, vómitos o disnea). Recidivaron un 20% (todos inmunodeprimidos) y murieron un 32%, todos inmunodeprimidos (24% muerte no relacionado, 8% muerte relacionada), ningún niño murió y sólo uno presentó recidiva. En el análisis multivariado se asoció a recidiva solo la inmunosupresión, se asoció a éxito global la infección VIH y a éxito no relacionado la infección VIH y las recidivas.

Conclusiones

La leishmaniasis visceral es frecuente en Mallorca, en niños tiene mejor pronóstico, en adultos tiene una alta tasa de recidivas, sobre todo en inmunodeprimidos y una alta mortalidad, principalmente en pacientes con infección VIH y en pacientes con recidivas.

Financiación

No.

RES0272 Distribución espacial de la leishmaniasis humana en España: el papel del clima y los factores ambientales

Jorge J. López-Moreno¹, Beatriz Fernández Martínez², Diana Gómez Barroso²

1 Instituto de Salud Carlos III Escuela Nacional de Sanidad

2 Instituto de Salud Carlos III Centro Nacional de Epidemiología

Introducción

La leishmaniasis es una enfermedad endémica en muchos países mediterráneos, entre ellos España. En nuestro entorno, el principal patógeno es el protozoo *Leishmania infantum* y sus vectores los dípteros del género *Phlebotomus* (principalmente *P. perniciosus*). El principal reservorio son mamíferos, tanto domésticos (principalmente cánidos) como salvajes

Objetivos

El impacto de diferentes factores ecológicos y climáticos sobre los patrones de distribución de la enfermedad ha sido estudiado en algunos países de nuestro entorno y a nivel local y regional en España. El objetivo de este estudio es realizar un mapa de riesgo de leishmaniasis humana en España basado en factores climáticos

Materiales y Métodos

Los casos confirmados (cumplen criterios clínicos y de laboratorio) de leishmaniasis, tanto cutánea como visceral desde 2006 a 2017, se obtienen de la Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica (RENAVE). Los datos climáticos (19 variables bioclimáticas) se obtienen de la base mundial WorldClim a una resolución de 2.5 km². También se generan 6 variables específicas de los meses en los que el vector muestra actividad (abril-octubre). La modelización de la distribución potencial se realiza con modelos de máxima entropía (Maxent). Se aplica una secuencia de selección de variables según la contribución al modelo, la correlación entre ellas y las curvas de respuesta de cada variable

Resultados

La distribución potencial de la enfermedad, entendida como idoneidad ambiental para la aparición de casos, muestra un patrón espacial heterogéneo y se concentra hacia el sur y el este del territorio nacional, incluyendo las Islas Baleares. Se detectan regiones con condiciones idóneas, pero sin casos incidentes detectados. Las variables que mayor peso aportan al modelo de distribución son las relacionadas con la temperatura en los meses más cálidos, la precipitación en los meses más cálidos y secos y la variabilidad térmica. El desempeño global del modelo es aceptable bajo las condiciones propuestas (AUC 0.8-0.9)

Conclusiones

La distribución espacial de la leishmaniasis en España muestra regiones endémicas y otras idóneas desde el punto de vista ambiental para la expansión de la enfermedad. Los factores climáticos se muestran como un factor clave y pueden implicar una importante sensibilidad de la enfermedad ante el cambio climático

Financiación

No.

RES0275 El diagnóstico de laboratorio de la Enfermedad de Chagas en España: ¿es posible trabajar en red?

María Delmans Flores-Chavez¹, Javier Nieto²

1 Centro Nacional de Microbiología/Fundación Mundo Sano Parasitología/Diagnóstico e Investigación

2 Centro Nacional de Microbiología Parasitología/Diagnóstico e Investigación

Introducción

En la enfermedad de Chagas (EC), el 70% de los pacientes afectados no presenta signos y síntomas a primera vista. La mayoría de los individuos es consciente de su infección, sólo tras un es-

tudio de laboratorio. Dada las características de la evolución de la EC, la eficiencia de una determinada prueba depende del momento en el que se realiza dicha prueba. En España, la infección aguda puede observarse cuando la transmisión es de madre a hijo, tras el trasplante de un órgano sólido y, excepcionalmente, por transfusión de sangre.

Objetivos

Prácticamente el total de individuos con EC, que residen en España, se encuentran en la fase crónica de la infección. Todo laboratorio debe estar capacitado para detectar el parásito (*Trypanosoma cruzi*) y los anticuerpos frente a él. Por ello, nos propusimos: conocer la situación y actividades de rutina de los laboratorios que realizan el diagnóstico de laboratorio de la EC en los diferentes hospitales y regiones de España, así como promover el trabajo en red para establecer la vigilancia de la EC desde el laboratorio.

Materiales y Métodos

Mediante una encuesta se contabilizó las técnicas serológicas, parasitológicas y moleculares disponibles en España, y se realizó una revisión de las muestras analizadas en el Laboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología del CNM-ISCIII.

Resultados

En 24 centros de 13 provincias /10 comunidades autónomas/ 22 laboratorios implementaron técnicas de detección de anticuerpos, predominando las pruebas de quimioluminiscencia (n=20), seguido por las pruebas rápidas (n=14) e inmunofluorescencia indirecta (n=13). La detección del parásito por la técnica de referencia microhematocrito se realizaba sólo en 9 centros, mientras que la detección molecular estaba disponible en 12 laboratorios. Desde 1997 a junio de 2019, en el CNM se analizaron 29566 sueros y 16866 muestras de sangre, fueron positivas 8146 y 2726 muestras, respectivamente.

Conclusiones

Estos datos preliminares, apoyan la conformación de una red de laboratorios para el control y prevención de la EC en España. Como la definición de caso depende predominantemente de la intervención de los laboratorios de microbiología, la vigilancia de la EC desde el laboratorio permitiría tener una estimación de la EC más próxima a la realidad.

Financiación

FMS, CNM

RES0287 Desarrollo e implementación de algoritmo de Inteligencia Artificial basado para la detección de parásitos de malaria

Lin Lin¹, María Linares Gómez², María Postigo Camps³, Adriana Mousa Urbina¹, José Miguel Rubio Muñoz⁴, Quique Bassat Orellana⁵, **Miguel Luengo-Oroz¹**

- 1 *SpotLab*
- 2 *Hospital 12 de Octubre Servicio de Hematología*
- 3 *SpotLab*
- 4 *Instituto de Salud Carlos III (ISCIII)*
- 5 *Instituto de Salud Global de Barcelona (ISGlobal)*

Introducción

El diagnóstico de la malaria requiere la confirmación mediante microscopía óptica o test diagnóstico rápido (TDR) de la presencia de parásitos en un paciente enfermo. La microscopía es una técnica fiable que requiere personal formado adecuadamente.

La revolución de la inteligencia artificial (IA) en el campo del diagnóstico ofrece posibilidades de automatización sin precedentes, como los recientes avances en neuroimagen o patología (Topol'19) (Rajkomar'19). Sin embargo, para el análisis de enfermedades tropicales, la IA sigue estando infrutilizada.

Objetivos

Este estudio tiene como objetivo desarrollar y evaluar algoritmos de IA para el análisis de imágenes microscópicas de malaria basados en redes neuronales (deep learning). Estos algoritmos serán integrados en una plataforma web para que puedan servir de apoyo a especialistas.

Materiales y Métodos

Para este estudio se han usado 1221 campos digitalizados, de frotis de sangre de gota gruesa con tinción de Giemsa, procedentes de pacientes diagnosticados en Uganda, Mozambique y España.

Los campos, se dividen en subimágenes de 64x64 píxeles resultando en 380000 subimágenes que pueden contener parásitos y se usan para entrenamiento, test y evaluación independiente; clasificándose como positivas o negativas. Se han probado cuatro métodos de clasificación: VGG16, VGG19, un modelo propuesto en Quinn'18 y un modelo con 3 capas CNN.

Resultados

La IA se ha entrenado y calibrado para potenciar la sobredetección, no obviar ningún parásito y que sea el especialista el que realice el filtrado, detectando más falsos positivos para considerar todos los casos posibles. El método VGG16 ha mostrado 93.30% de sensibilidad y 32.30% de precisión, el VGG19 96.10% y 32.30%, el método adaptado de Quinn'18 77.70% y 63.00% y el método con 3 capas convolucionales, 98.10% y 43.10%, respectivamente.

Conclusiones

Nuestro modelo permite priorizar los campos positivos, lo que facilitaría la labor de análisis y ahorraría tiempo de examen. Concretamente en el caso de examinar 50 campos donde 1 fuera positivo, el método lo colocaría en las cinco primeras posiciones con una probabilidad de 86%, permitiendo así su detección temprana.

Se está trabajando la incorporación de esta herramienta en el flujo de trabajo de diagnóstico digital, la expansión a otras patologías y la utilización en imágenes de smartphone en tiempo real.

Financiación