

talaria y asistencia en instituciones administradoras, siguiendo la orientación francesa, y se apeló a diversos medios para mantener y difundir el fluido vacuno.

En esta forma se pensó que la vacunación podría lograrse con la colaboración de los curas párrocos y religiosos de conventos o regulares; dictándose numerosas ordenanzas en forma sucesiva, que no contribuyeron al fin propuesto; más aún teniendo en cuenta la situación de anarquía y convulsión social que el país sufrió durante varios años. Incluso, al establecerse la Casa de la Maternidad de Lima en 1826, se contempló entre sus actividades la conservación y difusión del fluido vacuno, medida que se dejó sin efecto en 1830 al entrar en funciones la maternidad dirigida por doña Benita Paulina Cadeau de Fessel.

En cambio, aparece como un importante colaborador de las acciones preventivas contra la viruela, el notable médico limeño Dn. José Manuel Valdes y Cabada (1767–1843) con la nueva Junta Conservadora de la Vacuna, quien con el transcurso del tiempo llegó al alto cargo de Protomédico General y Director del Colegio de Medicina y Cirugía denominado *De la Independencia* desde agosto de 1821.

En conclusión, en este periodo de inicio republicano, la aplicación del suero vacunal se dispensa entre los párrocos y religiosos de doctrina, entre las dependencias municipales, entre funcionarios gubernativos, principalmente prefecturales, hasta llegar a los vacunadores oficiales, que correspondían a médicos y cirujanos encargados de recorrer las circunscripciones departamentales con la obligación de vacunar a todos los individuos que la necesitaren.

EVALUACIÓN DE AISLAMIENTOS DE *Acinetobacter* spp. PROCEDENTES DE UN BROTE INTRAHOSPITALARIO DEL HOSPITAL EDGARDO REBAGLIATI MARTINS, ESSALUD

Róger Calderón E.¹; Rosa Sacsquispe C.²

En los últimos años, el género *Acinetobacter* ha ido ganando gradualmente importancia epidemiológica. Esto es debido al hecho que están emergiendo como patógenos oportunistas un gran número de infecciones intrahospitalarias (IH) y también por su multiresistencia a los antimicrobianos, por lo que se limita su tratamiento.

Las especies de *Acinetobacter* son, relativamente, microorganismos inofensivos con una gran capacidad de persistir en los ambientes hospitalarios por periodos prolongados como colonizantes y pudiendo ser una causa importante de infección clínica, especialmente en pacientes hospitalizados en unidades de cuidados intensivos. *Acinetobacter calcoaceticus* y *A. baumannii* son especies genética y fenotípicamente muy similares, sin embargo, esta última es la especie responsable de la mayor parte de las infecciones humanas causando neumonías, endocarditis, meningitis e infecciones del tracto urinario y de heridas.

Las infecciones intrahospitalarias causadas por *Acinetobacter* son más comunes en unidades de cuidados intensivos en neonatología, neurocirugía, quemados y unidades de hemodiálisis. La discriminación entre cepas de la misma especie es importante para vigilar el desarrollo de las infecciones de las que son responsables, para ello existen numerosas metodologías como lo son la biotipificación, el antibiograma, la ribotipificación y el *fingerprint* mediante reac-

¹ Lab de Biotecnología. CNSP / INS.

² Lab IRAS IH. CNSP / INS.

ción en cadena de la polimerasa así como el análisis de DNA genómico por electroforesis de campo pulsado (PFGE).

Estudios de la dinámica de la transmisión intrahospitalaria revelan los factores que contribuyen a la infección con el fin de aportar en el desarrollo de medidas preventivas más eficientes. Los métodos convencionales de caracterización bacteriana, no ofrecen suficiente información sobre el origen o las distintas vías de transmisión de microorganismos patógenos entre los pacientes internados en los hospitales. Sin embargo, con el aporte adicional de las técnicas moleculares, y la información clínico-epidemiológica, se logra exponer, en muchos casos, el origen y las posibles rutas que han tomado para diseminarse en el ambiente hospitalario. Estos sistemas moleculares alternativos aportan mayor información sobre las características de los brotes, lo cual puede ser útil para un control eficiente de las infecciones intrahospitalarias.

El AP-PCR es una variante de PCR, generalmente usado para tipificación de microorganismos. Está basado en el uso de oligonucleótidos que se unen inespecíficamente y aleatoriamente al genoma del microorganismo o a pequeñas secuencias repetitivas generando la amplificación de fragmentos de diverso tamaño. El número, tamaño y localización de esos fragmentos amplificados entre los aislamientos es heterogénea en diferentes aislamientos a lo largo de un período, pero debe ser conservado en aislamientos que pertenezcan a la misma progenie, generando así, perfiles distintos o similares, según sea el caso. Es necesario señalar que el análisis de los perfiles producidos AP PCR se basa en examinar y comparar el número y tamaño de bandas entre los aislamientos, permitiendo agruparlos de acuerdo con su coincidencia. En el ERIC-PCR, se amplifican secuencias enterobacterianas repetitivas intergénicas por consenso, y en el REP-PCR se amplifican elementos repetitivos palindrómicos.

Finalmente, y de acuerdo con los documentos de referencia, el Instituto Nacional de Salud

ha recibido 17 cultivos procedentes de nueve pacientes, los cuales fueron aislados, identificados y seleccionados por el Laboratorio de Microbiología del Hospital E. Rebagliati de EsSalud, realizando en ellos la confirmación del diagnóstico microbiológico, susceptibilidad antimicrobiana y determinación de la relación clonal mediante *fingerprint* de ADN genómico basado en el AP-PCR.

Métodos

Reislamiento, identificación microbiológica y susceptibilidad antimicrobiana. La identificación inicial de las bacterias fue realizada con las técnicas bacteriológicas convencionales y con el sistema de identificación API (BioMerieux, Francia).

El análisis de la susceptibilidad antimicrobiana se realizó mediante las pruebas de sensibilidad por el método de disco de difusión, utilizando los siguientes antibióticos: imipenem, meropenem, amikacina, ciprofloxacina, gentamicina, ampicilina/sulbactam, piperacilina/ tazobactam, cefotaxima, cefepime, sulfametoxazol/ trimetoprim, según las normas de la *Clinical Laboratory Standard Institute* (CLSI).

Fingerprint genómico. El análisis de *finger-print* fue realizado por ERIC-PCR usando 2,5 µL de cultivo puro (OD₆₀₀: 0,75) como fuente de ADN y el oligonucleótido ERIC-1 (5'-GT-GAATCCCCAGGAGCTTACAT-3'). La mezcla de reacción en un volumen final de 25 µL se constituyó de la siguiente forma: 0,375 mM de desoxinucleótidos fosfato; 2,5 mM de MgCl₂; 2 pmoles del oligonucleótido y 1,5 U de enzima Taq ADN polimerasa. Las temperaturas usadas para la amplificación fueron: 95 °C por diez minutos, diez ciclos de 95 °C durante 30 segundos, 35 °C durante 60 segundos y 72 °C durante dos minutos (con un *ramp* de seis minutos); y luego 30 ciclos de 95 °C durante 30 segundos, 55 °C durante 60 segundos y 72 °C durante dos minutos (con un *ramp* de seis minutos); y finalmente una extensión de 72 °C por diez minutos. Los fragmentos de amplificación

fueron separados por electroforesis en agarosa al 1,8%, analizados por tinción con bromuro de etidio y expuestos con un transiluminador ultravioleta. Los perfiles fueron registrados fotográficamente.

Muestra	Paciente	Dx. microbiológico
1	RR	<i>A. baumannii</i> / <i>calcoaceticus</i>
2	RR	<i>A. baumannii</i> / <i>calcoaceticus</i>
3	MR	<i>A. baumannii</i> / <i>calcoaceticus</i>
4	ZT	<i>A. baumannii</i> / <i>calcoaceticus</i>
5	ZT	<i>A. baumannii</i> / <i>calcoaceticus</i>
6	MR	<i>A. baumannii</i> / <i>calcoaceticus</i>
7	GB	<i>A. haemolyticus</i>
8	GB	<i>A. baumannii</i> / <i>calcoaceticus</i>
9	GB	<i>A. haemolyticus</i>
10	GB	<i>A. baumannii</i> / <i>calcoaceticus</i>
11	GN	<i>A. haemolyticus</i>
12	GN	<i>A. baumannii</i> / <i>calcoaceticus</i>
13	GC	<i>A. haemolyticus</i>
14	GC	<i>A. baumannii</i> / <i>calcoaceticus</i>
15	BT	<i>A. baumannii</i> / <i>calcoaceticus</i>
16	TI	<i>A. baumannii</i> / <i>calcoaceticus</i>
17	IA	<i>A. baumannii</i> / <i>calcoaceticus</i>

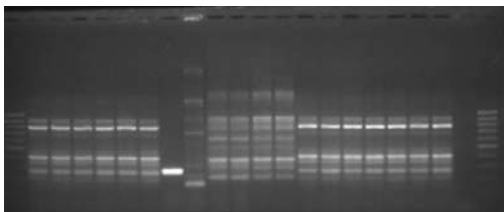


Figura 1. ERIC-PCR en aislamientos hospitalarios de *Acinetobacter* spp. Fotografía que muestra los patrones genotípicos de los aislamientos de *Acinetobacter* sp generados por ERIC-PCR. M: Marcador. **1:** RR2518. **2:** RR2519. **3:** MR2522. **4:** ZT2513. **5:** ZT2514. **6:** MR2521. **7- 8:** *Acinetobacter* sp. (Control negativo). **9:** GB2485-1. **10:** GB2486-1. **11:** GN2500-1. **12:** GC2504-1. **13:** BT2506. **14:** TI2489. **15:** IA2494. **16:** GB2485-2. **17:** GB2486-2. **18:** GN2500-2. **19:** GC2504-2. **20:** Control de sistema.

El género *Acinetobacter* tiene pruebas bioquímicas muy similares, por lo que muchas veces diversas subespecies pueden colocarse dentro de un grupo. Los diagnósticos microbiológicos se complementarán con pruebas adicionales.

Los aislamientos de *Acinetobacter* presentan un antibiograma similar; se realizarán pruebas adicionales de susceptibilidad antimicrobiana para la cefotaxima por encontrarse los valores en los puntos de corte.

El análisis de *fingerprint* genómico por AP-PCR fue satisfactorio para todos los aislamientos. Se encontró que los aislamientos de *Acinetobacter baumannii/calcoaceticus* pertenecían a un mismo genotipo (ERIC-PCR) distinguiéndose cuatro aislamientos de *A. haemolyticus* que también presentaron un mismo genotipo entre ellos.

Conclusión

Los aislamientos de *Acinetobacter baumannii/calcoaceticus* causantes de infección intrahospitalaria en los pacientes del Hospital Edgardo Rebagliati presentaron un similar perfil antimicrobiano (sensibilidad) y genotípico, por lo que pueden ser considerados como una misma cepa, así como *A. baumannii*, lo que sugiere la existencia de una fuente de contaminación común entre los neonatos, al presentar los mismos genotipos.

Recomendaciones

Se sugiere el envío oportuno de los aislamientos sospechosos del brote intrahospitalario de acuerdo con lo descrito en el *Manual de procedimientos para la investigación de brotes de infecciones intrahospitalarias producidas por bacterias mediante métodos de biología molecular INS; 2001*, para una mayor contribución del Instituto Nacional de Salud en el control de infecciones intrahospitalarias.

Se debe establecer una hipótesis sobre el desencadenamiento del brote IHH, que es neces-

ria para los estudios de biología molecular, y puede contribuir con el análisis de la dinámica de transmisión de los microorganismos involucrados en el brote e identificar posibles fuentes y factores de riesgo. Sin esa información, el presente trabajo sólo tendría un enfoque académico y no contribuirá con los esquemas de prevención y control de IHH.

Bibliografía

- Sacaquispe R, Ventura G. Manual de Procedimientos Bacteriológicos en Infecciones Intrahospitalarias- Serie Normas Técnicas N°28. Lima: INS; 2001.
- Sacaquispe R, Velásquez J. Manual de procedimientos para la prueba de sensibilidad antimicrobiana por el método de disco difusión. Serie de Normas Técnicas N°30. Lima: INS; 2001.
- Sambrook J, Fritsch EF, Maniatis T. Molecular Cloning. A Laboratory Manual. Second Edition New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press; 1989.
- Popovic T, Bopp C, Olsvik O, Kiehbalsch J. Ribotyping in molecular epidemiology. In D. H. Persing, T. F. Smith, F. C. Tenover, and T. J. White (ed.). Diagnostic molecular microbiology: principles and applications. Washington, D.C.: American Society for Microbiology; 1993. p. 573.
- Eisen D, Russell EG, Tymms M, Roper EJ, Grayson ML, Turnidge J. Random amplified polymorphic DNA and plasmid analyses used in investigation of an outbreak of multiresistant *Klebsiella pneumoniae*. J Clin Microbiol. 1995; Mar;33(3):713-7.
- Calderón R, Yagui M. Manual de procedimientos para la investigación de brotes de infecciones intrahospitalarias producidas por bacterias mediante métodos de biología molecular. Serie de Normas Técnicas N° 35. Lima: INS; 2001.

NUEVO SISTEMA DE INFORMACIÓN PARA LA RED NACIONAL DE LABORATORIOS DE SALUD PÚBLICA

Javier Vargas H.¹

De acuerdo con la concepción moderna de los sistemas de información en salud, estos deben responder a una perspectiva integral del individuo y de la comunidad. La complejidad de los subsistemas requeridos (epidemiológicos, ambientales, de los servicios, gerenciales, etc.), así como de las redes de atención, plantean la necesidad de utilizar nuevas tecnologías de información para interconectar los subsistemas en una red, de modo que asegure la eficacia, la eficiencia y la calidad de los servicios brindados.

En el año 2001 se implementó en el Instituto Nacional de Salud y en la Red Nacional de Laboratorios de Salud Pública, con el apoyo del Departamento de Defensa de los Estados Unidos, el Sistema de Información de Laboratorios de Salud Pública, conocido como PHLIS, por sus siglas en inglés. Actualmente, las necesidades surgidas a partir del funcionamiento de los laboratorios de biomedicina en Chorrillos, y próximamente en Iquitos, así como de la consulta de resultados a través de la página Web, en especial los referidos a las pruebas de monitoreo del tratamiento antirretroviral (TARGA), han planteado algunos retos tecnológicos al PHLIS, los cuales venimos afrontando con el desarrollo de un nuevo sistema de información para los laboratorios del Centro Nacional de Salud Pública del INS y de la Red Nacional de Laboratorios.

El nuevo sistema, que viene siendo financiado como parte de las actividades del Fondo Mundial a través de CARE Perú, será un sistema integral de información en laboratorio, interconectado en una red de área amplia a través de Internet que recogerá las lecciones aprendidas en el uso del PHLIS y entrará en funcionamiento en enero de 2007.

¹ OGIS / INS.