

RESUMEN DE COMUNICACIÓN



*Sociedad Española de
Infectología Pediátrica*

Nº. Comunicación:
(No rellenar)

90

AUTOR PRINCIPAL (a efectos de correspondencia)	
Apellidos: FERNANDEZ FERNANDEZ	Nombre: MANUEL ANTONIO
Dirección:	
Ciudad: [REDACTED]	C.Postal: [REDACTED]
Provincia: [REDACTED]	Teléfono: [REDACTED]
E-mail: [REDACTED]	Fax: [REDACTED]

RESUMEN DE COMUNICACIÓN

Título: EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DE LAS GASTROENTERITIS AGUDAS INFANTILES EN SEVILLA

Centro de trabajo: HOSPITAL UNIVERSITARIO INFANTIL VIRGEN DEL ROCIO. SEVILLA

Autores: M.A. FERNANDEZ FERNANDEZ,.; GONZÁLEZ GALÁN, V.; OBANDO SANTAELLA, I.;

Texto: Antecedentes y Objetivos: Las gastroenteritis virales (GEAVs) son una de las principales causas de mortalidad en los países en vías de desarrollo y de morbilidad en los países industrializados, un importante motivo de ingreso y atención hospitalaria, y por tanto, suponen un alto coste sanitario y social. Los agentes virales más frecuentes son rotavirus (RV), adenovirus, calicivirus y astrovirus. Los RV son la principal causa de la diarrea grave, (608.000 muertes anuales). bjetivos primarios: 1.Describir las características de nuestra muestra. 2.Estimar la distribución de las etiologías de las GEAs. 3.Describir la distribución de genotipos de RV en nuestro medio. 4. Estimar las características de las GEAs por RV frente al resto de etiologías y entre el genotipo RVG1 y el resto de genotipos de RV. 5. Describir el patrón estacional de las GEAs. Objetivos secundarios: 1. Estimar la proporción de co-infecciones. 2. Identificar cepas emergentes de RV

Métodos: Estudio transversal de prevalencia. Se analizado un total de 407 muestras fecales de 387 pacientes. Para el análisis estadístico, en primer lugar se realiza la estadística descriptiva de las variables cualitativas mediante frecuencias absolutas y relativas. Las variables cuantitativas se expresarán en $\bar{x} \pm DE$ o $P50 | Q1 - Q3$ según sigan o no distribución normal. Las comparaciones entre los datos obtenidos como variables independientes con la dependiente este se llevará a cabo mediante el análisis de χ^2 y el test exacto de Fisher según necesidad para variables cualitativas y para las variables cuantitativas se utilizará la t de Student o U de Mann-Whitney según sea apropiado, teniendo en cuenta que se tratarían de muestras no apareadas. **Resultados:** Podemos destacar un bajo porcentaje de neonatos afectados por diarrea (23/275, 8,4%), así como un escaso índice de infección nosocomial (8/155, 5,2%). En relación a la vacunación, hay que hacer mención a que la misma no estuvo disponible en el mercad hasta 5 meses antes de la finalización del estudio y que no se encuentra dentro de los calendarios oficiales de la administración pública, administrándose de forma privada, lo que justifica la nula existencia de cobertura vacunal. De todos los pacientes incluidos necesitaron hospitalización algo más de un tercio (83/283, 30,2). En la tabla 2 podemos apreciar en conjunto, un mayor grado de gravedad en todas las áreas relacionadas. Se han detectado un total de 5 agentes patógenos. Dejando de lado los resultados compatibles con flora habitual, aproximadamente un 42% (119/281), podemos observar que el patógeno más frecuentemente detectado es RV, que aparece en alrededor de un cuarto de los pacientes (74/281, 26,3%), seguido de Campilobacter (43/281, 15,3%). Se han detectado 3 genotipos G (G1, G3 y G9) y 2 genotipos P (P4 y P8). En ella destaca el papel predominante del genotipo G1 (41/60, 68,5%) mientras se hace patente la desaparición de otros hasta ahora muy prevalentes como son el G4 y el G2 junto con el papel testimonial de G3 (1/60, 1,6%). Esto contrasta con las elevadas cifras de prevalencia del genotipo G9 (12/60, 20%). Por el otro lado, de los 50 resultados de genotipos P, casi un 90% (44/50 ,88%) se corresponden con P8.y Salmonella (33/281, 11,7%).

Conclusiones: 1ª) Rotavirus sigue siendo el patógeno gastrointestinal más frecuente en la infancia, seguido de Campilobacter y Salmonella.2ª) La epidemiología de las infecciones gastrointestinales por Rotavirus está en pleno cambio. 3ª) El genotipo G1 de Rotavirus es el más frecuente aunque menos que en los estudios previos. Los genotipos G2, G3 y G4 están siendo reemplazados por el G9 Este cambio epidemiológico, muestra de la tendencia actual a nivel mundial, es de vital importancia a la hora de analizar la situación global de la infección por Rotavirus. 4ª) Esto junto con la continua aparición de genotipos emergentes hace estrictamente necesaria una cobertura heterotípica (no basada en el genotipo) por parte de las vacunas destinadas a este fin, puesto que de lo contrario, el consecuente aumento exponencial del reemplazamiento que producirá la generalización de las mismas llevará a una drástica disminución de su eficacia. 5ª) La real patogeneidad y virulencia de los genotipos reemplazantes está aun por dilucidar. 6ª) Hay una clara tendencia estacional de Rotavirus a aparecer en los meses invernales. 7ª) Rotavirus afecta con escasa frecuencia a neonatos, pero con mayor gravedad que el resto de patógenos, como ocurre en el resto de los rangos de edad. La lactancia materna o mixta durante el primer mes de vida reduce el riesgo de infección por RV en ese periodo. 8ª) Rotavirus presentan una asociación significativa con infección nosocomial, especialmente los genotipos no G1, que no pueden ser detectados por los métodos diagnósticos convencionales, por lo que habría que implementar las medidas diagnosticas. 9ª) Los genotipos no G1 presentan ciertas características diferenciales respecto a los genotipos habituales que necesitan estudios a gran escala para ser correctamente descritas. 10ª) La Intolerancia Secundaria a la Lactosa es una complicación relativamente frecuente en las gastroenteritis por Rotavirus que alarga el cuadro y que debería prevenirse mediante la prescripción de preprobióticos. 11ª) El uso de Racecadomil no está extendido en nuestro medio. 12ª) El papel de las coinfecciones es meramente testimonial. 13ª) No se han detectado nuevos genotipos. 14ª) Son necesarios estudios de una mayor duración a nivel multicéntrico que permitan seguir monitorizando las modificaciones en la epidemiología molecular de las GEAs infantiles y generalizar los métodos diagnósticos avanzados (RT-PCR). Actualmente colaboramos en la realización de dichos estudios.

Modalidad de presentación preferida: Oral Póster

Este formato deberá enviarse debidamente cumplimentado como archivo adjunto a la dirección correo electrónico ibercongress@ibercongress.net. **Secretaría Técnica.**