

COMUNICACIONES ORALES (10 MINUTOS) VI

Viernes, 29 de octubre de 2010. 12:30 a 14:00 h

Auditorio 1

Tuberculosis

Moderadora: M.^a José Iglesias

215. PREVALENCIA Y DETERMINANTES DE RESISTENCIA A ISONIACIDA, RIFAMPICINA O AMBAS EN CATALUÑA

A. Rodés, A. Orcau, C. Fernández, I. Barrabeig Fabregat, L. Clotet, I. Parrón, N. Follia, P. Godoy, S. Minguell

Dirección General de Salud Pública; Agencia de Salud Pública de Barcelona; Agencia de Protección de la Salud: Región Sanitaria de Barcelona (Costa Ponent, Barcelonés Nord Maresme, Vallés Occidental y Oriental), Regiones Sanitarias de Girona, Lleida, Tarragona Catalunya Central y Terres de l'Ebre; Departament de Salut.

Antecedentes/Objetivos: La resistencia a las drogas antituberculosas de primera línea tiene implicaciones individuales y de salud pública relevantes. El objetivo de esta comunicación es describir el patrón de resistencia a isoniacida (I), rifampicina (R) o ambas (MDR) en Cataluña y evaluar sus determinantes.

Métodos: Estudio transversal de casos de TB con cultivo positivo y antibiograma informado que iniciaron tratamiento entre 2005 y 2008. Variables de estudio: año de inicio de tratamiento, región de origen, tratamiento anti-TB anterior, consumo de tabaco y alcohol, uso de drogas, infección por VIH, estancia en prisión y tratamiento directamente observado. La relación de estas variables con la existencia de resistencia a I, R o MDR se analizó mediante un análisis bivariado y el ajuste de un modelo de regresión logística.

Resultados: De 6.518 casos detectados, 4.714 tenían cultivo positivo y en 3.930 de estos se informó el resultado del antibiograma. Entre los casos nuevos de TB la prevalencia de resistencia a I, R o ambas fue del 7,1%, 1,7% y 1,5% respectivamente y entre los casos tratados anteriormente de 15,2%, 8,7% y 8% respectivamente. La prevalencia de resistencia fue siempre superior entre inmigrantes que entre autóctonos. El análisis bivariado mostró una asociación directa entre resistencia y tratamiento anterior, procedencia geográfica y tratamiento supervisado. La indigencia y el consumo de alcohol mostraron una relación inversa. El modelo logístico que mejor ajustó la relación con las variables estudiadas mostró como factores de riesgo independientes de resistencia el tratamiento anterior (Odds ratio, 2,34), la procedencia de determinados países asiáticos (China y Filipinas) (OR, 3,43) y de países de Europa del Este (Rumania, Georgia, Rusia y Bulgaria principalmente) (OR, 2,73). La indigencia (OR, 0,42) y el consumo de alcohol (OR, 0,11) se mostraron factores protectores de resistencia.

Conclusiones: La resistencia a I, R y la MDR son más altas en pacientes inmigrantes que en autóctonos, tanto en casos nuevos de TB como en anteriormente tratados. Los factores de riesgo independientes de resistencia a I, R y MDR son haber recibido con anterioridad un tratamiento antituberculoso, proceder de determinados países asiáticos o de países de Europa del Este. El efecto protector de la indigencia y del consumo de alcohol podría estar relacionado con la implantación y los criterios de inclusión en formulas supervisadas de tratamiento.

232. INFECCIÓN TUBERCULOSA LATENTE Y FACTORES ASOCIADOS AL DESARROLLO DE ENFERMEDAD TUBERCULOSA EN UNA COHORTE DE PACIENTES VIH-1

I. Martínez-Pino, P. Domingo Pedrol, M.A. Sambeat Domènech, Grupo Español de Estudios Observacionales VACH

Centro Nacional de Epidemiología, Instituto de Salud Carlos III, Madrid; Unidad de Enfermedades Infecciosas, Hospital de la Santa Creu i Sant Pau, Barcelona.

Antecedentes/Objetivos: La infección por VIH-1 es el principal factor de riesgo para desarrollar enfermedad tuberculosa (TB). El objetivo del estudio es describir las características clínicas y epidemiológicas de la infección tuberculosa latente (ITL) en una cohorte de pacientes VIH-1, y los factores relacionados con el desarrollo de TB.

Métodos: Estudio observacional de una cohorte de pacientes VIH-1 incluidos en la base de datos del grupo VACH. Se recogieron variables demográficas, de infección por VIH-1 y por M. tuberculosis y de TB. Se realizó el estudio descriptivo de las variables y se analizó su asociación mediante el test de la χ^2 y la prueba U de Mann-Whitney. Se realizó un análisis multivariante de regresión logística para identificar factores asociados al desarrollo de TB (variable dependiente) durante el seguimiento, tras el tratamiento de la ITL(TITL). Las variables independientes fueron las significativas en el análisis bivariado y las de interés clínico/epidemiológico. Se obtuvieron odds ratio (OR) e intervalos de confianza al 95% (IC95%). Se consideró estadísticamente significativo un valor de $p < 0,05$.

Resultados: Se incluyeron en la cohorte (2004-2009) 7.977 pacientes VIH-1 de 20 hospitales españoles (75,3% varones, edad mediana de 37,7 años [percentil 25-75: 31,6-43,3]). El 73,9% de los pacientes era español. Se realizó PT a 2592 pacientes (32,7%), el 17,9% (464) fueron positivas (+). El 51,1% de los pacientes con PT+ recibió TITL. Los pacientes con PT negativa eran más jóvenes y tenían niveles menores de CD4 en el momento de la realización de la prueba ($p = 0,001$) que aquellos con PT+. De los pacientes que recibieron TITL, el 8,5% desarrollaron TB. Durante el seguimiento de la cohorte, 168 pacientes (2,1%) desarrollaron TB (el 39,9% tenían PT previa, que resultó + en el 38,8% de los casos). De los 26 pacientes con PT+ 8 recibieron TITL. Los pacientes que durante el seguimiento desarrollaron TB tras el TITL eran más jóvenes ($p = 0,038$) y tenían un nadir de CD4/ml menor ($p = 0,004$) que los que no la desarrollaron. En el modelo de regresión logística los factores que se asociaron con $p < 0,05$ al desarrollo de TB en pacientes que habían recibido TITL fueron la edad menor de 35 años (ORa: 6,9, IC95: 1,6-29,3) y el nadir de CD4/ml < 200 (ORa: 6,3, IC95: 1,6-24,5).

Conclusiones: La PT es fundamental en el cribado de TB en pacientes con VIH-1, si bien infradiagnóstica la ITL, especialmente en aquellos pacientes más inmunodeprimidos. La edad menor de 35 años y el nadir de CD4/ml por debajo de 200 son factores de riesgo para desarrollar enfermedad tuberculosa en pacientes que han recibido TITL.

Financiación: Fundación FIPSE.

263. SCORE PREDICTIVO DE INCUMPLIMIENTO DE LA TERAPIA ANTITUBERCULOSA

T. Rodrigo, J. Caylà, M. Casals, R. Blanquer, J.L. Calpe, J.A. Caminero, J.M. García, R Vidal, N. Altet

Programa Integrado de Investigación en Tuberculosis; Agencia de Salud Pública de Barcelona; Hospital Dr. Peset, Valencia; Hospital Marina Baixa, Villajoyosa; Hospital Dr. Negrín, Las Palmas; Hospital San Agustín, Avilés; Hospital Vall d'Hebron, Barcelona; Unidad de Prevención y Control de Tuberculosis de Barcelona.

Antecedentes/Objetivos: El cumplimiento del tratamiento de la tuberculosis (TB) es un aspecto prioritario para el control de la enfermedad, pero los porcentajes de cumplimiento muchas veces se desconocen

y otras no son óptimas. El presente estudio pretende identificar mediante un score predictivo, aquellos pacientes con mayor probabilidad de abandonar el tratamiento antituberculoso, con la finalidad de mejorar la adherencia.

Métodos: Partiendo de una cohorte de 1.490 pacientes diagnosticados de TB (grupo de derivación) se usó la regresión logística para identificar las covariables predictoras de abandono de tratamiento. Se adjudicó una puntuación a cada factor pronóstico dividiendo el coeficiente de cada predictor (a partir del análisis de regresión logística) por el coeficiente de valor más pequeño, redondeándose el resultado al número entero más cercano. La suma de la puntuación asignada a dichos factores permitió calcular la predicción de abandono de cada paciente. Posteriormente se recogieron datos de una segunda cohorte de 1.173 pacientes (grupo de validación). Para cada puntuación se calculó la sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo y valor predictivo negativo. Las curvas ROC se construyeron mediante una serie de puntos de corte obtenidos a partir de los grupos de derivación y de validación. Ambas curvas se analizaron calculando el área situada bajo las curvas (ABP) ROC y sus IC del 95%, para averiguar así si la predicción del modelo era mejor que la debida al azar. La discriminación se realizó comparando la distribución de las predicciones para los pacientes que abandonan el tratamiento y los que no lo abandonan.

Resultados: Los factores predictores de mal cumplimiento y el score asignado fueron: ser inmigrante (1), vivir solo (1), vivir confinado (2), antecedentes de tratamiento previo (2), difícil comprensión del paciente (2), uso de drogas intravenosas (4) y el desconocimiento del uso de drogas intravenosas (1). Las áreas bajo las curvas ROC de los grupos de derivación y de validación fueron de 0,75 (IC95%, 0,68-0,83) y 0,68 (IC95%, 0,62-0,75), respectivamente. No se observaron diferencias estadísticamente significativas para ambas curvas. La probabilidad de abandono es significativa con una puntuación ≥ 1 .

Conclusiones: El sistema de puntuación propuesto es fácil de utilizar y permite clasificar el riesgo de abandono del tratamiento para cada paciente, ya en el momento del diagnóstico.

Financiación: Fundación Respira de SEPAR.

337. PREVALENCIA Y RIESGO DE INFECCIÓN TUBERCULOSA EN NIÑOS DE 12 A 16 AÑOS EN LA CIUDAD DE VALENCIA

E. Giner Ferrando, I. Mialdea López, N. Díez Monge, C. Salazar Guiral, L. Soriano Linares, F.J. Roig Sena, A. Escribano Montaner, A. Salazar

Secció d'Epidemiologia, Centre de Salut Pública de València, Generalitat Valenciana; Servei de Pediatria, Hospital Clínic Universitari, València, Generalitat Valenciana, Universitat de València; Fundació Hospital Clínic per la Investigació, València, Generalitat Valenciana.

Antecedentes/Objetivos: En el año 2007, la tasa de tuberculosis en niños de 4 a 14 años presentó valores de 2 por 105, y para el grupo de 15 a 24 años de 15,2 por 10⁵ habitantes y año, representando un salto cuantitativo ya observado en años anteriores. El objetivo de este trabajo ha sido determinar la Prevalencia de infección tuberculosa y el Riesgo Anual de Infección (RAI), en el grupo de edad comprendido entre los 12 y 16 años en la ciudad de Valencia.

Métodos: Se diseñó un estudio transversal o de prevalencia (P). Población de estudio: niños matriculados en los centros de Enseñanza Secundaria Obligatoria (ESO) de Valencia ciudad, seleccionados mediante muestreo aleatorio por conglomerados. Se seleccionaron 19 centros, con un total de 4.450 alumnos. Se obtuvo información sobre variables sociodemográficas y sanitarias mediante cuestionario auto-cumplimentado; y se practicó la prueba de la tuberculina (PT) en los colegios. Se requirió autorización previa del alumno y de los responsables familiares. Todos los niños con respuesta a la PT = 5 mm se valoraron en la consulta de Neumología Infantil. Determinaciones: P de

infección y riesgo anual de infección por el método indirecto, con su intervalo de confianza. Se ha realizado un análisis bivariante de las características de los sujetos recogidos en la encuesta, estimándose la Odds-Ratio y su intervalo de confianza. Los datos se procesaron con ACCESS 97 y se analizaron con SPSS 14.0.

Resultados: Participan 2.345 sujetos: 50,4% mujeres y 49,6% hombres. Edad media 14,16 años, desviación típica de 1,36. El porcentaje de niños extranjeros es del 16,9% (Latinoamérica aporta 12,5%). El 13% de los alumnos refieren estar vacunados con BCG. 171 niños presentaron PT = 5 mm. La valoración del estado vacunal estimó en 100 los sujetos positivos a la PT, por lo que la Prevalencia estimada fue del 4,26%. El RAI calculado ha sido de 0,25% (IC95% = 0,19% a 0,31%). Se observa asociación estadísticamente significativa con: contacto previo con enfermo de TBC, toma de quimioprofilaxis, vacunación con BCG y condición de inmigrante. Durante el estudio se diagnosticaron 18 TBC ganglionares asintomáticas.

Conclusiones: La prevalencia y el RAI observados en población autóctona no difieren de las cifras observadas hace más de diez años en Catalunya. Los niños de origen inmigrante presentan prevalencias más elevadas que los autóctonos, hecho que concuerda con la proporción de enfermos inmigrantes cada vez más importante en nuestro medio. En nuestra opinión, la Prevalencia de Infección tuberculosa en niños y adolescentes observada en nuestro estudio rebasa las actuales estrategias de contención y de manejo individual de los pacientes y sus contactos, ofreciendo unas cifras alarmantes de infectados anuales, que nos hacen considerar si no deberíamos retomar la estrategia de garantizar sucesivas generaciones de niños y adolescentes libres de infección tuberculosa latente.

Financiación: Escola Valenciana d'Estudis per la Salut 037/2009.

348. CONCORDANCIA PRUEBA DE LA TUBERCULINA/IGRAS EN POBLACIÓN INFANTIL SANA

E. Giner Ferrando, I. Mialdea López, N. Díez Monge, C. Salazar Guiral, J. Domínguez, A. Escribano Montaner, I. Latorre Rueda, A. Salazar

S. *Epidemiología CSP València; Unidad de Neumología Pediátrica, Servicio de Pediatría, Hospital Clínico Universitario de Valencia, Universidad de Valencia; Servei de Microbiologia, Institut d'Investigació en Ciències de la Salut Germans Trias i Pujol, Badalona.*

Antecedentes/Objetivos: En los últimos años se han desarrollado métodos de medición in vitro de la respuesta inmunitaria de las células T, en concreto la cuantificación de IFN-gamma. Se denominan genéricamente IGRAs (IFN- γ release assays) y pese a que los CDC recomiendan su uso existen estudios con resultados discordantes entre IGRAs y PT, apuntando como una posible causa, la infección por micobacterias atípicas. Nuestro objetivo ha sido evaluar la utilidad de los IGRAs en el diagnóstico de la Infección Tuberculosa (IT) en cribados de niños y adolescentes.

Métodos: Población de estudio: muestra de niños de 2.º de Educación Primaria (EP), matriculados en el curso 2008/9 (1200 sujetos), y muestra de niños de Educación Secundaria Obligatoria (ESO), matriculados en el curso 2009/10 (2345 sujetos). Se realizó un diseño mixto aplicable a encuesta de prevalencia: diseño transversal en alumnos de 2.º EP y ESO, y caso control anidado en cohorte de niños de 2.º EP. Se estimó la prevalencia (P) de IT medida con Prueba de Mantoux (PT) y con Quantiferón (QF) y el Riesgo Anual de Infección Tuberculosa (RAI) según PT y QF. En las discrepancias PT/QF se aplicó otra técnica IGRA (T-SPOT) y un test de sensitinas a *Mycobacterium avium*. Se evalúa la concordancia mediante Kappa (κ) entre PT y QF en 2.º EP en el caso-control anidado. En ESO se valora la respuesta al QF sólo en los PT \geq 5 mm.

Resultados: En el estudio transversal: la prevalencia de PT en 2.º EP fue de 2,3%, y en ESO de 4,3%. Estimada con QF, la P en 2.º EP = 0,7% y

en ESO = 1,4%. El RAI-PT (en no vacunados) en 2 EP = 0,20%, en ESO = 0,25%. El RAI-QF (vacunados + no vacunados) = 0,10%, tanto en 2.º EP como en ESO. En 2.º EP, el QF confirmó al 26% de los niños con PT \geq 5, siendo negativo en 1 caso de TB previa y en 3 TB ganglionares. La prueba de T-SPOT fue negativa en todos los casos QF negativo, y el test de sensitinas positivo en el 40% de los niños testados PT+ y QF-. En el grupo ESO, el QF fue positivo en 21% de los PT \geq 5 y negativo en las 3 TB previas y en 82% de las TB detectadas durante el estudio, siendo positivo el T-SPOT en el 5% y las sensitinas en el 16% de los QF-testados. Del estudio caso-control: K global en 2.º EP = 36%, en vacunados 23%, y en no vacunados el 43%.

Conclusiones: De acuerdo con el RAI-PT, 2 de cada 1.000 niños se infectan a los 7 años, y 2,5 a los 14, cifras explicadas por la situación de endemia tuberculosa de nuestro territorio, y que suponen la existencia de 10 a 12,5 casos de enfermos bacilíferos por 100.000 habitantes. La coincidencia del QF con la PT para los resultados positivos oscila entre el 26% en 2.ºEP y el 21% en ESO. Cuando se añade T-SPOT, pueden obtenerse un 5% de resultados positivos más. Las micobacterias atípicas explicarían un porcentaje variable de los resultados discordantes, pudiendo ser los resultados sensitinas positivos también debidos al antecedente vacunal. En más de la mitad de los casos la discordancia queda por explicar.

Financiación: Beca EVES. Conselleria de Sanitat. Exp. 037/2009.

639. CLUSTERS DE TUBERCULOSIS MULTIRRESISTENTE EN LA REGIÓN IBEROAMERICANA

M.J. Iglesias, D. Ibarz, A. Cebollada, P. Gavín, M.S. Jiménez, S. Samper

Departamento de Microbiología, Medicina Preventiva y Salud Pública; Grupo Genética de Micobacterias; Universidad de Zaragoza; Instituto Aragonés de Ciencias de la Salud; Ciber de Enfermedades Respiratorias; Instituto de Salud Carlos III.

Antecedentes/Objetivos: La aparición y, especialmente, la transmisión de cepas de tuberculosis multirresistente y extremadamente resistente (XDR-TB) representa, uno de los grandes retos a los que se enfrentan los programas de control de la tuberculosis, debido, a la creciente complejidad de los casos y a la agregación de los mismos en grupos de población vulnerables. En 1998 se creó la "Red Española de Vigilancia de la tuberculosis multirresistente" y en 2007 la "Red MULTITUB" en la que participan los laboratorios nacionales de micobacterias de Argentina, Brasil, Chile, Colombia, Cuba, Venezuela y España. Se dispone de una base de datos que incluye los patrones genéticos de las cepas multirresistentes aisladas en los laboratorios que se integran en estas dos redes y las principales características de los pacientes que presentan este proceso. **Objetivos:** detectar las cepas circulantes de mayor importancia epidemiológica en la Región e identificar grupos de riesgo específicos para presentar una tuberculosis multirresistente.

Métodos: Pacientes residentes en los países de la Región que presentaron una cepa del complejo *Mycobacterium tuberculosis* resistente, al menos a isoniacida y rifampicina, aislada en los hospitales participantes en la Red, en 2004-2008. Se realizó la caracterización genética de las cepas mediante los métodos estandarizados RFLP-IS6110 y VNTR-MIRU. Se analizan las características socio-demográficas, microbiológicas y clínicas de los casos que presentan una tuberculosis multirresistente y las características asociadas con encontrarse en cluster.

Resultados: Desde enero de 2004 a diciembre de 2008 se registraron 1.339 aislados clínicos, de los que 163 fueron excluidos por corresponder a pacientes con más de un aislamiento o no disponer de un perfil genético válido. Un total de 619 aislados se agruparon en 111 clusters, definidos por idénticos RFLP y/o idénticos VNTR-MIRU15. De éstos, 13 clusters correspondían cepas presentes en más de un país de la Región. Un 8% de estos clusters iberoamericanos han sido identificados

en España. El 64% de los pacientes con TB-MR son hombres, encontrándose el 33% de los pacientes entre 31 y 45 años. Se analizaron 181 aislados utilizando RFLP-IS6110 y VNTR-MIRU para evaluar la validez de esta técnica como nuevo gold-standard.

Conclusiones: Se han identificado cepas MR relacionadas epidemiológicamente que se han transmitido de forma epidémica entre diferentes países de la Región Iberomericana. En España la TB MR importada de otros países de la Región no representa, actualmente, un grave problema de Salud Pública.

Financiación: Proyecto 2007RT0311 del Programa CYTED.

734. LA IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE MICOBACTERIAS EN MUESTRAS CLÍNICAS COMO MEJORA DEL REGISTRO DE TUBERCULOSIS

P. Marín, M.A. Lucerna, M.J. Martínez, M.A. Martínez, T. Cabezas, P. Luzón, M. Sánchez, M. Bonillo, Grupo INDAL-TB

DPS Almería, Hospital de Poniente, Complejo Hospitalario Torrecárdenas, AS Norte.

Antecedentes/Objetivos: La confirmación precoz de tuberculosis (TB), especialmente las formas bacilíferas (BK+) y su diferenciación de otras micobacteriosis (MNT) es de importancia crítica tanto para una terapia adecuada como de interés en salud pública. Objetivo: evaluar la mejora del registro SVEA de casos de TB bacilíferos (anticipo de la confirmación de casos de TB o baja precoz de registros de otras MNT) por la implantación de una estrategia diagnóstica rápida consistente en la identificación molecular de los bacilos presentes en muestras respiratorias BK+ sin esperar al cultivo y la comunicación urgente a los responsables de la vigilancia.

Métodos: Diseño: prospectivo, comparativo y cuasi-experimental. Ámbito: Almería. Grupos: pacientes con muestra respiratoria BK+ en período 09/2008-04/2009 (control (0) (n = 75)) y en período 09/2009-04/2010 (experimental (1) (n = 51)). Intervención: identificación molecular rápida en muestra clínica (IM-Muestra). Método de IM-Muestra: hibridación inversa (genoType MTB MDR plus). Método de referencia (IM-cultivo): hibridación grupo/especie específica de aislados Mycobacterium spp. (Gen-Probe® AccuprobeMTC o GenoType® M-CM/AS). Fuentes: Registro L.MCH. Torrecárdenas (OMEGA® Roche Lab.); Registro SVEA. Variables resultado: adelanto (días) en la confirmación de casos de TB por el criterio molecular (detección molecular de M. tuberculosis complex (MTB-C) en muestra clínica BK+) respecto al criterio microbiológico (aislamiento de C. M. tuberculosis).

Resultados: En 89,7% (113/126) de los pacientes bacilíferos incluidos en ambos períodos se confirmó el diagnóstico de TB por cultivo: período 0 = 89,4% (67/75), período 1 = 90,2% (46/51) y en 10,3% (13/126) de ellos solo aislamos una MNT: período 0 = 10,6% (8/75) y período 1 = 9,8% (5/51) (p: 0,895). En el período 1, los resultados del ensayo molecular se informaron en 32 pacientes que correspondían a 30 de los 46 con TB confirmada por cultivo, siendo en todos estos el test molecular positivo para MTB (30/30 (100%)) y a otros 2 pacientes muy bacilíferos de los 5 con una MNT en cuyas muestras no se amplificó material geonómico de MTB. VPP: 100 y VPN: 100. La demora (X (IC95%)) de declaración de caso de TB confirmado por el criterio del cultivo del período 0 = 27,4 (24,2-30,6) y del período 1 = 33,4 (10,4-56,4) (p = 0,330). La demora (X (IC95%)) de declaración de caso de TB confirmado por el criterio molecular 12,9 (9,7-15,9) con un adelanto de 20,5 días (p < 0,05).

Conclusiones: La detección molecular de MTB en muestras respiratorias bacilíferas con el test de hibridación reversa es fiable y de utilidad para anticipar la confirmación de casos sospechosos de TB sin tener que esperar al resultado del cultivo.

Financiación: Junta de Andalucía PI0444/08; PI0306/09.

Viernes, 29 de octubre de 2010. 12:30 a 14:00 h

Auditorio 3A

Cribado

Modera: Isabel Portillo

133. ESTRATEGIAS DE CRIBADO POBLACIONAL DE CÁNCER COLORRECTAL EN LA COMUNIDAD AUTÓNOMA DEL PAÍS VASCO Y RESULTADOS EN CUANTO A PARTICIPACIÓN Y DETECCIÓN DE LESIONES

I. Portillo, I. Idígoras, E. Ojembarrena, M.L. Marqués, J. Herranz, A. Latorre, E. Arana, A. López-Urrutia, N. Muniozuren

Osakidetza Organización Central; Hospital de Cruces; Comarca Uribe; Comarca Ekialde; Comarca Araba; Departamento de Sanidad.

Antecedentes/Objetivos: Propuesta del Consejo Asesor del Cáncer de la CAPV en 2008 para la realización de cribado poblacional a todas las personas entre 50-69 años con la prueba de sangre oculta en heces (SOH) inmunoquímica y confirmación diagnóstica colonoscopia con sedación. La propuesta aprobada por Departamento de Sanidad contemplaba la implicación y coordinación de los recursos asistenciales de atención primaria y especializada, con una coordinación centralizada. Objetivo principal: disminuir la incidencia y mortalidad por cáncer colorrectal (CCR). Objetivos específicos: conocer la aceptación de la población, determinar la validez técnica de la prueba.

Métodos: Implantación por fases: 2009-2011. Interoperabilidad de sistema de información de atención primaria y especializada. Invitación a población de referencia de Centros de Salud. Comunicación y formación de todos los actores. Envío de "kit" de recogida a domicilio y entrega en cada centro de salud, procesado en laboratorio de referencia, gestión de positivos por médicos y enfermeras de Atención Primaria. Colonoscopias en hospital de referencia. Seguimiento coordinado postcolonoscopia según criterios de la Guía de Práctica Clínica de Prevención de CCR 2009.

Resultados: En la Fase I, llevada a cabo durante el año 2009 estuvieron implicados 8 centros de salud y 4 hospitales públicos. Se invitó a 28.098 personas. Se obtuvo 98,3% invitaciones válidas. Participación media de 57,01% (IC95%: 56,4-57,6), siendo más baja en el grupo de hombres de 50-55 años 46,4% (IC95%: 44,8-48,0). La tasa más alta de participación se obtuvo en mujeres de 60-64 años, 66,8% (IC95%: 65,3-68,3). La tasa de positivos media fue de 7,6 (IC95%: 7,2-8,0), siendo en mujeres de 5,5% (IC95%: 5,0-6,0) y de 10,0% hombres (IC95%: 9,3-10,7). La aceptación colonoscopia fue de 91,1% (IC95%: 89,5-92,7), siendo completas en un 97,5%, registrándose una tasa de complicaciones de 1,1%. La tasa de detección CCR obtenida fue 3,7 x 1.000 participantes (IC95%: 2,8-4,7). El 28,8% de los CCR detectados estaban en estadio III-IV. El VPPositivo de la SOH para CCR y Adenomas de Alto Riesgo fue de 54,6% (IC95% 51,7-57,4) sobre el total de pruebas positivas. En la fase II los resultados preliminares de 20.000 invitaciones en primer trimestre siguiendo el mismo método apuntan a una participación > 65%.

Conclusiones: La alta participación obtenida respecto a otros programas de cribado de CCR podría estar relacionada con: formación e implicación de los profesionales de Atención Primaria; facilidades para el usuario y coordinación sistemática con los laboratorios de referencia y las unidades de endoscopia. La prueba de SOH tiene un VPPositivo aceptable para la detección de lesiones premalignas y malignas.

Financiación: Beca de Investigación Gobierno Vasco.

207. COMPARACIÓN DE LOS TEST DE SANGRE OCULTA EN HECEAS GUAYACO E INMUNOLÓGICO EN EL PROGRAMA DE CRIBADO DE CÁNCER COLORRECTAL DE L'HOSPITALET DE LLOBREGAT

N. Díaz, G. Binefa, A. Amorós, N. Valera, V. Guardiola, M. García, M. Navarro

Institut Català d'Oncologia.

Antecedentes/Objetivos: En los últimos años se han desarrollado nuevos test de sangre oculta en heces (TSOH) más sensibles para la detección de lesiones neoplásicas. En el Programa de cribado de cáncer colorrectal (CCR) de l'Hospitalet de Llobregat se ha usado, desde el inicio, el TSOH guayaco (TSOHg). En la última ronda, se incorporó un test inmunológico (TSOHi) cuantitativo en la población de dos áreas básicas de salud (ABS). Objetivo: presentar los resultados de los principales indicadores del programa según el tipo de TSOH usado. Objetivo: presentar los resultados de los principales indicadores del programa según el tipo de TSOH usado.

Métodos: TSOHg: se usó en 10 ABS (población diana elegible = 50.476); recogida de 2 pequeñas muestras de heces de 3 días distintos; resultados afectados por componentes de la dieta, medicamentos o presencia de sangre a cualquier nivel del tubo digestivo. TSOHi: se usó en 2 ABS (población diana elegible = 12.787); recogida de una muestra un único día con un punto de corte a 100 ng/ml; más sensible y específico de sangre humana procedente del colon. En ambos test existe la posibilidad de un resultado no analizable por: mala realización (demasiada o escasa muestra), omisión de fecha o causas técnicas, lo que conlleva a tener que repetir el test. Además, y únicamente en el TSOHg, puede haber resultados positivos débiles (= 4 muestras con sangre) que implican repetir el test con restricción dietética. Se calculó de manera global y para cada tipo de TSOH la participación, positividad, test no analizables, valor predictivo positivo (VPP) y negativo (VPN) y tasas de detección de adenoma y CCR.

Resultados: La participación global fue del 31,2%, situándose por encima en las ABS del TSOHi respecto a las del TSOHg (35,9% vs 30,0%); sin embargo, esta diferencia no resultó estadísticamente significativa, indicando que la participación siguió la tendencia esperada. La positividad fue del 0,7% para el TSOHg y del 6,3% para el TSOHi, siendo mayor entre los hombres (1,0% TSOHg y 9,0% TSOHi) y entre el grupo de 60 a 69 años (0,8% TSOHg y 6,9% TSOHi). El VPP para los AAR fue del 45,3% y 44,8% usando el TSOHg y TSOHi, respectivamente. Para el cáncer fue del 14,0% en TSOHg y 6,6% en TSOHi. Las tasas de detección fueron superiores para el TSOHi, destacando la de AAR (21,0 vs 2,6 por 1.000 personas cribadas).

Conclusiones: El TSOHi es superior al TSOHg para detectar lesiones, y de manera muy diferenciada para los adenomas avanzados; no obstante, esta mayor tasa se produce a expensas de la realización de un número superior de colonoscopias. Aunque desde el punto de vista clínico el TSOHi ofrece mejores resultados, se debe tener una perspectiva integral que incluya los riesgos asociados a la prueba diagnóstica así como la eficiencia del cribado (balance entre costes y beneficios).

295. COMPARATIVA DE PARTICIPACIÓN Y POSITIVIDAD SEGÚN GÉNERO, EDAD Y NACIONALIDAD EN 1ª RONDA DEL PROGRAMA DE PREVENCIÓN DE CÁNCER COLORRECTAL (PPCR) EN EL DEPARTAMENTO SANITARIO DE DÉNIA (COMUNITAT VALENCIANA)

C. Llorens Ivorra, M. Gironés Gil, V. Morera Soba, A. Jerez González, R. Peiró Pérez

Centro de Salud Pública de Denia; Oficina del Plan del Cáncer, DGSP, Valencia; Grupo de Cribado de Cáncer Colorrectal.

Antecedentes/Objetivos: El Departamento Sanitario de Dénia participa desde el año 2005 en el desarrollo del PPCR de la Conselle-

ria de Sanitat (Generalitat Valenciana). Como consecuencia del progresivo aumento de población extranjera en la Marina Alta-Departamento Sanitario de Dénia (INE, revisión padrón 2008: 45,27%) se han detectado diferencias en las características de la población diana que participa en el programa de cribado, con respecto a los otros Departamentos de Salud participantes. Objetivos: describir si existen diferencias significativas en el perfil de participación y positividad de la población española y extranjera, con diferencia de género e intervalos de edad.

Métodos: Estudio descriptivo tomando como base los datos de la 1ª ronda del PPCR, entre octubre del 2005 y septiembre del 2008. La muestra está formada por 8.565 personas que voluntariamente participaron en el programa, lo que representa el 28,79% de la población diana (29.745 hombres y mujeres de 50 a 69 años). Se realizó un análisis univariante de la tasa de participación y de la positividad del test de sangre oculta en heces (TSOH) según nacionalidad (español o extranjero). Posteriormente se realizó un análisis mediante regresión logística tomando como variable dependiente el resultado de la prueba de referencia (colonoscopia con patología cancerosa o de riesgo, o colonoscopia con resultado negativo o benigno) y como variables independientes la nacionalidad (español o no), el género y los intervalos de edad (< 55 años, de 55 a 59 años, de 60 a 64 años y > 64 años).

Resultados: Nuestra población diana está compuesta por 60,04% de españoles y 39,96% de extranjeros (79,27% de países europeos). Al analizar aisladamente los datos de participación y positividad del TSOH, los españoles participan más que los extranjeros en el programa (RR 1,464 (IC95%: 1,048-2,045)), presentando también mayor tasa de resultado positivo del TSOH (RR 1,879 (IC95%: 1,299-2,717)). En cambio, al ajustar los datos por grupos de edad, género y nacionalidad, sólo se encuentran diferencias estadísticamente significativas en el apartado de género: los hombres tienen más riesgo de presentar una colonoscopia de riesgo o cáncer que las mujeres (RR 0,419, IC95%: 0,253-0,695).

Conclusiones: Los datos obtenidos en este estudio, concuerdan con la bibliografía existente en cuanto al mayor riesgo de los hombres respecto a las mujeres. Estudios posteriores deberán determinar qué factores influyen en la distinta tasa de participación y positividad del TSOH entre españoles y extranjeros (idioma, dieta, etc.).

312. LA PRUEBA DE VPH EN EL SEGUIMIENTO DEL CRIBADO INADECUADO Y ASC-US DENTRO DEL PROTOCOLO DE CRIBADO DE CÁNCER DE CUELLO UTERINO EN CATALUÑA

R. Ibáñez, J.M. Godínez, M. Alejo, N. Combalia, J. Moreno, M. Lejeune, B. Lloveras, F.X. Bosch, S. de Sanjosé

Unitat d'Infeccions i Càncer, Institut Català d'Oncologia, IDIBELL, L'Hospitalet de Llobregat (Barcelona); Servicio de Anatomía Patológica, Hospital General de L'Hospitalet (Barcelona); Servicio de Anatomía Patológica, Corporación Sanitària del Parc Taulí, Sabadell (Barcelona); Servicio de Anatomía Patológica, Hospital Universitari Dr. Josep Trueta (Girona); Servicio de Anatomía Patológica, Hospital Verge de la Cinta, IISPV (Tortosa); Servicio de Anatomía Patológica, Hospital del Mar (Barcelona); CIBERESP.

Antecedentes/Objetivos: Cataluña tiene una población de 2.802.504 mujeres mayores de 25 años (censo 2008) y un programa de cribado oportunista para el cáncer de cuello uterino (CC). La incidencia ajustada por edad de CC es 7,6/100.000. La cobertura citológica oscila entre 50-70%, aproximadamente un 2% de los resultados citológicos son células escamosas atípicas de significado indeterminado (ASC-US) y el 76% de los casos de CC no tienen historia previa citológica. El protocolo de cribado primario se aprobó e implantó en 2006 con el objetivo de aumentar la cobertura y lograr un intervalo de 3 años entre

citologías. Además, se introdujo la prueba de detección del Virus del Papiloma Humano (VPH) para los casos de cribado inadecuado (CRIB-INAD, mujeres de edad = 40 años con más de 5 años desde su última citología a las que se realiza prueba de VPH y citología concomitante), para el seguimiento de ASC-US y para los controles post-tratamiento (técnica HC2 HR) El objetivo es evaluar el número de casos de neoplasias intraepiteliales cervicales de grado 2 o superior (CIN2+) obtenidos tras el seguimiento, a 2 años, de las pruebas de VPH en mujeres con CRIB-INAD o ASC-US.

Métodos: Se seleccionaron todas las pruebas de VPH realizadas en 2007 por CRIB-INAD y ASC-US de 5 laboratorios de referencia para la prueba en Cataluña, que proporcionaron información adicional acerca de las citologías, biopsias o resultados de otras pruebas, durante al menos 2 años posteriores.

Resultados: Se hizo un seguimiento de 1430 CRIB-INAD, de los cuales el 9,2% resultaron ser VPH+. Al final del seguimiento se obtuvieron 23 casos de CIN2+ todos ellos VPH+. A 17 les precedía una citología concomitante al VPH anormal y a 6, una citología concomitante normal. Entre los casos de ASC-US (N = 706), se diagnosticaron 44 casos de CIN2+, todos ellos VPH+ (56,8%).

Conclusiones: La prueba de detección del VPH, por sí sola, podría ser propuesta como primera prueba de cribado en CRIB-INAD. Además, el valor predictivo negativo que tiene a largo plazo, permite dar cierta seguridad para que la mayoría de las mujeres (90,8% con CRIB-INAD y el 38,7% de ASC-US) sigan el cribado habitual establecido de 3 años.

666. TASAS DE POSITIVIDAD Y DETECCIÓN DEL PROGRAMA DE DETECCIÓN PRECOZ DE CÁNCER COLORRECTAL DE BARCELONA

J. Grau, F. Macià, A. Serradesanferm, A. Burón, M. Pellisé, M. Andreu, T. Castells, C. Hernández, J.M. Augé

Unitat d'Avaluació, Suport i Prevenció, Hospital Clínic de Barcelona; Servei d'Avaluació i Epidemiologia Clínica, Hospital del Mar de Barcelona; Servicio de Gastroenterología, Hospital Clínic de Barcelona; Servicio de Digestología, Hospital del Mar de Barcelona; Servicio de Bioquímica y Genética Molecular, Hospital Clínic de Barcelona.

Antecedentes/Objetivos: En diciembre de 2009 tuvo su inicio el Programa de detección precoz del cáncer de colon y recto (PDPCCR) de Barcelona dirigido a hombres y mujeres de 50 a 69 años. La prueba de cribado utilizada es la prueba de sangre oculta en heces inmunológica (PDSOH_i), con una periodicidad bienal. En caso de resultado positivo se propone confirmación diagnóstica mediante colonoscopia. Los objetivos son exponer los primeros resultados de las tasas de positividad de la prueba de PDSOH_i y de detección de adenomas de alto y bajo riesgo y de cáncer colorrectal del PDPCCR de Barcelona.

Métodos: Resultados de las dos primeras áreas básicas de salud cribadas en la ciudad de Barcelona. Se utilizó como prueba de cribado la PDSOH_i cuantitativa con un punto de corte de 100 ng Hb/ml de heces. Las personas con resultado positivo se les realizaron colonoscopia como prueba diagnóstica. El resultado de la colonoscopia se clasificó como normal, otros diagnósticos no relacionados con el programa, adenomas de alto riesgo, adenomas de bajo riesgo y cánceres colorrectales.

Resultados: Las personas que se realizaron la PDSOH_i fueron 4.930. La tasa de positividad a la PDSOH_i fue del 6,5% (319 resultados positivos). De las 309 personas que han acudido a la consulta hasta el 31 de mayo, 297 (96,1%) han aceptado realizarse la colonoscopia. Se han realizado (hasta 31 de mayo) un total de 250 colonoscopias, de las cuales 55 (22,0%) tienen un resultado de normal-negativo, 33 (13,20%) otros diagnósticos-pólipos hiperplásicos, 3 (1,2%) enfermedad inflamatoria intestinal, 41 (16,4%) adenoma de bajo riesgo, 96 (38,4%) adenoma de

alto riesgo y 22 (8,8%) cáncer colorrectal (CCR). Las tasas de detección por 1000 participantes son de 8,3 para adenoma de bajo riesgo, 19,5 para adenoma de alto riesgo y 4,5 para CCR.

Conclusiones: La tasa de positividad a la PDSOH_i, la tasa de aceptación de la colonoscopia y tasa de detección de lesiones relacionadas con el CCR están en consonancia con las series publicadas en prevención secundaria del CCR en población de riesgo medio. La implantación de programas de detección precoz en población de riesgo medio son necesarios para disminuir la incidencia y mortalidad del CCR y concienciar a la población que el CCR es uno de los más prevalentes en nuestro medio, y a su vez, de los que más se pueden beneficiar de estrategias preventivas.

750. PARTICIPACIÓN EN EL PROGRAMA DE DETECCIÓN PRECOZ DE CÁNCER COLORRECTAL DE BARCELONA. PRIMEROS RESULTADOS

F. Macià, J. Grau, A. Burón, A. Serradesanferm, M. Andreu, M. Pellisé, C. Hernández, A. Castells, M. Piracés

Servei d'Epidemiologia i Avaluació, Hospital del Mar, Barcelona; Unitat d'Avaluació, Suport i de Prevenció, Hospital Clínic, Barcelona; Servei de Digestologia, Hospital del Mar, Barcelona; Servei d'Endoscòpia Digestiva, Hospital Clínic, Barcelona; Servei de Gastroenterologia, Hospital Clínic, Barcelona.

Antecedentes/Objetivos: En diciembre de 2009 se inició el Programa de detección precoz del cáncer de colon y recto (PDPCCR) de Barcelona dirigido a toda la población de 50 a 69 años, hombres y mujeres, residente en 4 distritos municipales (N = 203.139). El Registro Central de Asegurados constituye la fuente de datos de la población. La prueba de cribado utilizada es el test inmunológico de sangre oculta en heces (OC-Sensor; positividad ≥ 100 ng/ml), con una periodicidad bienal. El test se distribuye y se recoge en las oficinas de farmacia de la zona. En caso de test positivo se propone la confirmación diagnóstica mediante colonoscopia en el hospital de referencia. La gestión del Programa se realiza a través de una Oficina Técnica conjunta del Hospital Clínic y el Hospital del Mar. El programa cuenta además con la implicación y el rol activo de los equipos de atención primaria. Se presentan los primeros resultados del Programa, en dos áreas básicas de salud.

Métodos: Se analizan los indicadores principales de participación (cobertura, aceptación a participar, realización de la prueba) del PDPCCR, en función de las variables sexo, grupo de edad, área básica de salud y tipo de invitación. Además se estudia la distribución del intervalo de tiempo de respuesta (aceptación y participación).

Resultados: La población diana de las dos áreas de salud consideradas es de 12.128 personas. Se han excluido 779 (6,4%) debido a errores censales, antecedentes personales o familiares de cáncer colorrectal, patología intestinal, etc. Un 2,8% de la población invitada ya se habían realizado una colonoscopia (asistencial o de cribado) en los últimos 5 años. En total han participado 4.930 personas (tasa de participación: 43,2%; 40,5% en hombres y 44,3% en mujeres). El 65% participaron tras recibir la carta de invitación y el 35% después de la carta de reinvitación y/o recordatorio. Un 1,7% de la población aceptó el test pero no realizó finalmente la prueba. La participación en las dos áreas de salud difirió significativamente (38,5% y 44,9%). La cobertura global conocida (participación + colonoscopia previa) ha sido del 45,5%.

Conclusiones: La tasa de participación registrada inicialmente en el PDPCCR de Barcelona es superior a la prevista inicialmente en base al programa piloto existente en Catalunya. La utilización del test inmunológico (de mejor aceptación) y el importante papel de las oficinas de farmacia en el funcionamiento del programa explicarían esta mayor participación.

Viernes, 29 de octubre de 2010. 12:30 a 14:00 h

Auditorio 3B

Vigilancia en el ámbito hospitalario

Moderador: José M.^a Mayoral

191. BROTE DE INFECCIÓN NOSOCOMIAL POR EL VIRUS DE LA HEPATITIS C SUBTIPO 2I (VHC-2I)

A. Salazar, J. Bayo, R. Martí, S. Guiral, F. González-Candela, M.A. Bracho

Secció d'Epidemiologia, CSP València; Laboratori Microbiologia, Hospital Manises, València; Secció Brots, Direcció General Salut Pública, València; Unidad Mixta Área Genómica y Salud CSISP/Institut Cavanilles-Universitat de València; CIBERESP.

Antecedentes/Objetivos: La detección de la transmisión nosocomial del virus de la hepatitis C (VHC) constituye un evento que alerta sobre la ruptura de procedimientos seguros en la actividad hospitalaria. La determinación de la secuencia de transmisión con técnicas moleculares nos permite asociar la exposición en brotes con tamaños muestrales reducidos sin que la potencia estadística (β) limite las conclusiones. Nuestro objetivo es confirmar la existencia de un brote nosocomial y su fuente común de infección con tamaño menor de 5 casos.

Métodos: A partir de una comunicación (29/06/2009) de dos posibles casos nosocomiales de VHC se investigaron los pacientes coincidentes temporalmente (Agosto-Septiembre 2008) con los casos con serología anti-VHC. Se revisaron los procedimientos clínicos, seguimiento de personal y técnicas invasivas o quirúrgicas aplicadas. La determinación del subtipo de VHC de los pacientes se obtuvo por amplificación y secuenciación de dos regiones del VHC (387 nucleótidos del gen core y 337 del gen NS5B) y posterior comparación con secuencias subtipadas depositadas en los bancos de datos. La reconstrucción filogenética de las secuencias de los pacientes caso y las de los controles poblacionales se realizó mediante máxima verosimilitud y neighbor-joining con 100 repeticiones de bootstrap aplicando el modelo evolutivo de sustitución nucleotídica que presentaba un mejor ajuste a los datos.

Resultados: De los 279 sujetos coincidentes temporalmente se localizaron 276 (98,9%) confirmándose un tercer infectado. No se halló relación con procedimiento quirúrgico, sala de despertar, pauta de mantenimiento o medicación aplicada. Dos años después de la exposición no se ha detectado ninguna nueva infección por VHC relacionada. El subtipo del VHC de los tres pacientes resultó ser el subtipo 2i, de muy baja prevalencia en la población española. Las tres secuencias agrupaban en un clado monofilético significativo alejado de las secuencias control VHC-2i.

Conclusiones: El análisis filogenético es compatible con infección de los tres pacientes a partir de una fuente común. La investigación epidemiológica no pudo revelar la práctica hospitalaria relacionada con el contagio. La relación temporal solo podría ser explicada por la presencia de "sujeto extraño", personal de enfermería sustituto de verano, dado que los tres casos solo coinciden durante agosto de 2008 sin determinación de fuente común.

Financiación: ISCIII-FIS CP07/00078, MICINN BFU2008-03000/BMC.

286. DESCRIPCIÓN DE LOS GENOTIPOS DE *CHAMYDIA TRACHOMATIS* EN EL HOSPITAL DE BASURTO-BILBAO

N. Ortiz, G. Ezpeleta, M. Imaz, V. Esteban, F. Simón, A. Díaz, R. Cisterna

Centro Nacional de Epidemiología (Programa de Epidemiología Aplicada de Campo), ISCIII; Unidad de Investigación en Microbiología Clínica y Epidemiología Molecular; Servicio de Microbiología Clínica y Control de Infección, Hospital Basurto, Bilbao; Dinámica de enfermedades y formación aplicada, CNE, ISCIII; Área de vigilancia de VIH/sida, CNE, ISCIII.

Antecedentes/Objetivos: En el año 2006 en Suecia, coincidiendo con un descenso en la incidencia de *Chamydia trachomatis* de un 25%, se identificó una cepa mutante con una delección en el plásmido que no se detectaba con las pruebas convencionales que había en el mercado. La secuenciación parece ser específica para la detección de los diferentes genotipos. Este estudio describe las características genotípicas de los aislamientos de *C. trachomatis* en una consulta de ITS en Bilbao.

Métodos: Descripción de los aislamientos de *C. trachomatis* identificados por PCR en tiempo real y cultivo positivo en el laboratorio de Microbiología del hospital de Basurto (año 2007). Para el genotipado se utilizó el gen ompA. En el estudio se incluyeron las variables edad, sexo, tipo de muestra y genotipado.

Resultados: Se recibieron 4.182 muestras para diagnóstico de infección por *C. trachomatis* y 211 fueron positivas mediante la técnica de PCR screening; de éstas, 96 muestras fueron positivas por PCR en tiempo real y cultivo y se analizaron por secuenciación. 18 de las 96 no se secuenciaron por presentar 2 o más genotipos. 45 muestras fueron uretrales, 33 endocervicales y 11 rectales. El 58,3% de las muestras positivas correspondieron a hombres; la edad media fue de 30,2 años [DE: 8,8] y se encontraron diferencias en la edad media entre hombres y mujeres, siendo éstas más jóvenes (27,0 años [DE: 7,3] frente a 32,5 [DE: 9,2]). Se encontraron 6 diferentes genotipos entre los especímenes de *C. trachomatis* secuenciados: 18 muestras (18,8%) fueron genotipo F, 14 (14,6%) genotipo E, 12 (12,5%) J/Ja, 8 (8,3%) K, 8 (8,3%) D, 7 (7,9%) G, 7 (7,3%) H y 3 (3,1%) I/Ia. Además se aisló el genotipo L2b, responsable de linfogranuloma venereum en una muestra endocervical. El genotipo F fue el más frecuente en hombres (27,3%) mientras que en mujeres fue el J/Ja (20,6%). En los menores de 25 años el genotipo predominante fue el J/Ja (27,3%) y en los de 25 y más años el F (26,8%).

Conclusiones: La técnica de secuenciación permitió identificar los genotipos de todas las cepas aisladas. No se aisló ninguna cepa mutante no detectable con pruebas convencionales. Los genotipos predominantes en el hospital de Basurto son el F y E. El único aislamiento del genotipo L2b se identificó en una muestra endocervical. Nuestro estudio identificó una prevalencia del 2,3% de casos confirmados de *C. trachomatis*. La falta de estudios de prevalencia anteriores no nos permite valorar la magnitud de este hallazgo.

296. RESULTADOS A 5 AÑOS DE UN PROGRAMA DE MEJORA DE LA HIGIENE DE MANOS

R. Camargo Ángeles, C. García González, M. Fuster Pérez, C. Escrivá Pons, A.C. Martín Ruiz, M.J. Molina Gómez, J. Barrenengoa Sañudo, H.R. Martínez, J. Sánchez Payá

Unidad de Epidemiología, Servicio de Medicina Preventiva, Hospital General Universitario de Alicante.

Antecedentes/Objetivos: La Higiene de Manos (HM), es la medida más importante para prevenir las infecciones asociadas a los cuidados de salud. El objetivo del presente trabajo es evaluar un programa de mejora de las recomendaciones sobre HM implantado en un hospital general en el período 2005-2009.

Métodos: Intervenciones: marzo-octubre/2005, mayo/2006, febrero-abril/2007, marzo-abril/2008 y abril-diciembre/2009; estas consis-

tieron en la realización de sesiones de actualización y el reparto de trípticos. Indicadores: nivel conocimientos (NC) medido con un cuestionario de cinco preguntas, que se pasaba antes y después de las sesiones, se consideró inadecuado cuando se fallaban tres o más preguntas; el consumo soluciones alcohólicas (CSA) en ml/estancia desde 2004-2009; el grado cumplimiento de recomendaciones (GCR) sobre la HM medida por observación directa en cinco períodos (diciembre/2005-febrero/2006, octubre-noviembre/2006, junio-noviembre/2007, junio-diciembre/2008 y julio-diciembre 2009); incidencia de infecciones nosocomiales por gérmenes multirresistentes por 10.000 días de estancia (IGM); y la prevalencia infecciones nosocomiales (PI) y de pacientes con infección nosocomial (PPI) a partir de los estudios EPINE de los años 2004-2009. Para los estudios de asociación se ha utilizado la prueba de la Ji cuadrado, o de la Ji cuadrado para tendencias, el nivel de significación estadística utilizado ha sido de $p < 0,05$.

Resultados: La frecuencia de respuestas inadecuadas para evaluar el NC pasó de un 57,5% antes a un 18,9% después en el 2005 ($p < 0,001$), y del 57,2% antes a un 27,4% después en el 2009 ($p < 0,001$). El CSA para HM, pasó de 3,1 ml/estancia en el 2º semestre de 2004 a 36,7 ml/estancia en el año 2009 ($p < 0,001$). El GCR ha pasado del 31,0% en 2005, al 55,4% en el 2009 $p < 0,001$. La IGM por SAMR y Acinetobacter-MR ha disminuido de manera estadísticamente significativa de 2005-2009 ($p < 0,05$). La PI y PPI han pasado del 11,4% y el 9,6% respectivamente en el 2004 al 8,1% y 7,6% en 2009 NS.

Conclusiones: El programa está consiguiendo de manera progresiva sus objetivos, pues los tres indicadores de proceso (NC, CSA, GC) han mejorado de manera estadísticamente significativa, y los de resultado (IGM, PI y PPI) han mejorado aunque sin significación estadística en el caso de la prevalencia.

Financiación: Fundación de la Comunidad Valenciana para la Investigación en el Hospital General Universitario de Alicante. Año 2009. Expte: PC-06.

326. EVOLUCIÓN DE LAS TASAS DE INFECCIONES DE TRANSMISIÓN SEXUAL (ITS)

E. Carbonell Franco, L. Soriano Llinares, E. Giner, I. Julve Negro, J. Bayo, J.L. Chover, V. Zanón, A. Salazar

Servicio de Medicina Preventiva, Hospital Arnau de Vilanova; Servicio de Epidemiología CSP València; Servicio de Medicina Preventiva, Hospital Dr. Peset.

Antecedentes/Objetivos: Son múltiples las observaciones sobre el incremento de las Infecciones de transmisión sexual en los últimos años. No obstante, la definición del perfil de los afectados varía según autores, método de identificación y entorno social o demográfico. La creación de la Red microbiológica valenciana (RedMiVa) permite obtener con igual probabilidad los resultados de ITS desde 2007. Nuestro objetivo ha sido validar o refutar estas observaciones en nuestro territorio.

Métodos: Un diseño clásico de vigilancia de salud pública nos permite describir las características básicas, espacio-tiempo-persona, de las infecciones de transmisión sexual sífilis (SI) e infección gonocócica (IG) registradas durante período 2004-2009. A partir de los datos proporcionados por los registros microbiológicos y notificaciones del Sistema de Vigilancia Epidemiológica (AVE), así como los cuestionarios cumplimentados de los pacientes. Presentamos descriptivo de casos de SI e IG durante un período de 6 años. Se analizan las características de los sujetos, su evolución temporal y hábitos sexuales, así como el tiempo diagnóstico y las resistencias a antimicrobianos. Los datos procesados mediante Access fueron analizados con SPSS + v14.

Resultados: Fueron detectados 596 casos de IG en el período (19% de ellos 2004-06) y su Incidencia Anual evolucionó de $1,91 \times 10^5$ (1,0-3,82) a $22,84 \times 10^5$ IC95% (22,80-22,89). La razón de masculinidad fue de 15,5 y las tasas específicas más elevadas correspondieron a los grupos 20-29 no apreciándose diferencias por edad, género u origen. El

origen del contagio es atribuido en el 36,9% a parejas múltiples, un 18,6% afirman desconocerlo y sólo un 11,4 lo atribuyen a la prostitución. Por género, el 83% de las mujeres declara desconocer el origen siendo la desproporción entre géneros significativa. Presentan resistencias el 12,2% a quinolonas, el 8,7% a penicilina y quinolona y el 5,2% a penicilina; solamente el 12,6% fueron sensibles a todo el espectro. Fueron detectados 321 casos de SI. La tasas de incidencia evolucionan desde $2,13 \times 10^5$ (IC95%: 1,28-5,55) a $15,6 \times 10^5$ (IC95%: 15,57-15,63). La razón de masculinidad fue de 15,5. La edad media de españoles es igual a 41,57 años (Dt 13,51) y 34,68 (Dt 10,22) en pacientes extranjeros sin presentar diferencias significativas por sexo. Las parejas múltiples son la relación sexual de riesgo más frecuente en el 42,7% de los casos. La mitad de los casos se declararon con más de 1 mes de retraso. La mitad de los casos diagnosticados tardaron más de 40 días en notificarse.

Conclusiones: La extensión de la red microbiológica ha permitido incrementar la precisión de las observaciones sobre ITS. Es prematuro afirmar su crecimiento aunque parece claro que su perfil de afectado se sitúa en varón, de 24 a 39 años, con múltiples parejas sexuales. El retraso diagnóstico y la proporción de resistencias en antibióticos de primera elección podrían influir en el incremento futuro de las ITS.

438. EVOLUCIÓN DE LA INFECCIÓN NOSOCOMIAL Y EFECTOS ADVERSOS EN UN HOSPITAL DE TERCER NIVEL

M.M. Rodríguez del Águila, O. Martín-Muñoz, S. Pérez-Vicente, M. Skodova, M.A. Fernández-Sierra

Hospital Virgen de las Nieves, Granada; Hospital Costa del Sol, Marbella.

Antecedentes/Objetivos: La infección nosocomial (IN) es uno de los mayores problemas que existen en el ámbito hospitalario, formando parte de la llamada seguridad del paciente, que intenta minimizar los riesgos derivados de la atención sanitaria. Las tasas de IN y de efectos adversos (EA) son indicadores válidos de evaluación de la calidad asistencial utilizados para el seguimiento y control de dichas infecciones. El objetivo fue determinar las prevalencias de IN y EA en el Hospital Virgen de las Nieves (HVN) durante 2007-2009, así como describir las características de estos pacientes.

Métodos: Estudio de prevalencia con la metodología EPINE, donde se recogieron variables sociodemográficas (edad, sexo) y relativas al ingreso (servicio de ingreso, intervención quirúrgica, factores de riesgo intrínsecos (asociados al paciente) y extrínsecos (asociados a la asistencia)). Se llevó a cabo además una recogida de EA mediante una hoja específica de cribado. Se analizaron todos los pacientes ingresados durante dos semanas de mayo de cada año de estudio y que presentaran algún EA. Se calcularon prevalencias (n° de IN (EA)/pacientes ingresados) por año para el HVN y agregadas para los centros que componen el hospital, así como frecuencias y porcentajes de las variables de interés.

Resultados: En los tres años de estudio se recogieron 593 casos, con un 58,3% de hombres. La edad media pasó de 61,07 en 2007 a 54,96 en 2009. La prevalencia de IN fue de 7,10%, 7,65% y 7,37% respectivamente; el n° de pacientes que presentaron 2 o más factores de riesgo intrínseco desciende de 48,8% a 46,1% y para los extrínsecos, de 43,8% a 31,1%. La prevalencia de EA fue de 38,72%, 28,19% y 31,19%; el EA más frecuente fue la IN (38,1%), seguido de flebitis/extravasación (31,2%). En el Hospital de Rehabilitación y Traumatología (HRT) se produjo una disminución de EA, pasando de una prevalencia de 35,25% a 25,37%, siendo en este centro donde más frecuencia hay de IN. Los servicios que más EA presentaron fueron UCI (95 casos), Cirugía General (70), Traumatología (63) y Medicina Interna (63); Endocrinología, Oftalmología y ORL los que menos, con un EA cada uno.

Conclusiones: Se observa una estabilización de la IN en los tres años y un incremento de EA en menores de 64 años. Los servicios que más EA presentan son mayoritariamente quirúrgicos, junto con UCI. Hay una reducción destacable de EA en el HRT. Se debe continuar con medidas de prevención y control de las IN y EA.

537. BROTE POR NUEVA CEPA DE VIRUS DE LA HEPATITIS B GENOTIPO F EN UNA UNIDAD DE HEMATOLOGÍA

C. Escassi, M.J. Pérez-Lozano, E. Román, J.D. Solana, S. Bernal, J. Vargas, J.A. Pineda, C. Couto, E. Suárez

Hospital Universitario Nuestra Señora de Valme, Bellavista, Sevilla.

Antecedentes/Objetivos: Entre mayo y diciembre 2009 se diagnosticaron cuatro casos de hepatitis B aguda por una cepa mutante genotipo F en 4 pacientes con leucemia aguda ingresados en el Servicio de Hematología de un hospital. Se investigó los posibles factores de riesgo que desencadenaron el brote.

Métodos: Se estableció como período de riesgo los 6 meses anteriores a la aparición del primer caso. Como factores de riesgo estudiamos: transfusiones, procedimientos invasivos, fármacos intravenosos y prácticas de riesgo. La búsqueda de donantes se realizó a través del centro regional de transfusiones (serología, carga viral). Nuestro Servicio de Microbiología analizó a los profesionales sanitarios y a pacientes ingresados en la planta de los casos. La información sobre medicación y procedimientos invasivos se obtuvo de las historias clínicas. Las prácticas de riesgo se recogieron mediante encuesta epidemiológica. Se buscó el antecedente de posible punción accidental en los profesionales de la planta afectada. Se realizó búsqueda activa de casos en otros centros sanitarios a través de la red de vigilancia epidemiológica y de los Servicios de Medicina Preventiva.

Resultados: En ninguno de los casos se refirieron antecedentes ni prácticas sexuales de riesgo, y no se halló irregularidad en los procedimientos realizados durante la hospitalización. El hospital tiene implantada desde hace años la presentación unidosis de fármacos. El fármaco común fue la idarrubicina, en cuyo procedimiento de administración y almacenaje no se encontró ninguna anomalía. No se notificó accidente biológico en el que hubieran estado involucrados estos pacientes. Las cargas virales realizadas a los profesionales sanitarios fueron negativas. Las cargas virales de los pacientes ingresados en período de exposición fueron negativas (salvo dos pacientes en tratamiento con idarrubicina). No se encontró ningún donante común. Los marcadores serológicos de convivientes de los tres primeros casos resultaron negativos. Las mutaciones halladas coinciden con un paciente afecto de hepatitis aguda por VHB en septiembre de 2008 procedente de otro hospital de la provincia, no hallándose puntos coincidentes entre los casos.

Conclusiones: Brote de Hepatitis B aguda en 4 pacientes con leucemia aguda producido por un genotipo F(ady4) no diagnosticado antes en ámbito nacional, salvo en un paciente de otro hospital de la provincia. Se descarta infección aguda por VHB ya resuelta, o reinfección por cepa mutante. Los cuatro pacientes habían sido tratados con idarrubicina y transfusiones. No se ha podido establecer el origen del brote por lo que seguimos profundizando en el estudio de otros factores epidemiológicos. La aparición de un genotipo nada frecuente en nuestro medio puede tener importantes repercusiones en Salud Pública.

717. BACTERIEMIAS ASOCIADAS A CATÉTER VENOSO CENTRAL: CARGA GLOBAL DE LA ENFERMEDAD EN UN HOSPITAL GENERAL UNIVERSITARIO

C. Villanueva Ruiz, J. Sánchez Payá, H.R. Martínez, M.J. Molina Gómez, V. García Román, J. Barrenengoa Sañudo, C. García González, A. Rincón, A. González Torga

Unidad de Epidemiología, Servicio de Medicina Preventiva, Hospital General Universitario de Alicante.

Antecedentes/Objetivos: En el Hospital General Universitario de Alicante (HGUA), las bacteriemias son la segunda causa más frecuente de infección asociada a los cuidados de salud. Por esta razón, desde enero de 2009 se ha puesto en marcha un Programa de Vigilancia, Pre-

vencción y Control de Bacteriemias asociadas a Catéter Venoso Central (BACVC). El objetivo del trabajo es presentar los resultados del programa en su primer año de funcionamiento.

Métodos: Vigilancia epidemiológica prospectiva activa de las bacteriemias asociadas a los Catéteres Venoso Centrales (CVCs) insertados en el HGUA de febrero a diciembre de 2009. Para los CVCs de corta duración se ha realizado un seguimiento desde la inserción hasta su retirada; y para los CVCs de larga duración se ha realizado un seguimiento mínimo de dos meses y máximo de seis meses. Se recogieron factores de riesgo intrínsecos (obesidad, diabetes, quemaduras, etc.) y extrínsecos (sonda urinaria, cirugía, etc.) para BACVC, características de los CVC (fecha de inserción y retirada, servicio, tipo catéter, número luces, sitio inserción, etc.), presencia de BACVC (los criterios de definición de caso son los dados por los CDC) y agente etiológico. Las BACVC se expresan como Tasa de Incidencia por 1.000 días-catéter.

Resultados: Se insertaron 2.043 CVCs de corta duración en 1.524 pacientes, siendo la incidencia de BACVC para el año 2009 de 5,98 por 1.000 días-catéter (6,40 en el primer semestre y de 5,64 por 1.000 en el segundo semestre); los microorganismos aislados han sido: *Staphylococcus epidermidis* en el 39,6%, *Pseudomonas aeruginosa* en el 12,0%, *Cándida* en el 8,1% y otros en el 40,3%. Se insertaron 279 CVCs de larga duración en 243 pacientes, siendo la incidencia de BACVC para el año 2009 de 0,57 por 1.000 días-catéter (0,66 en el primer semestre y de 0,43 en el segundo semestre); los microorganismos aislados han sido: *Staphylococcus epidermidis* en el 56,5% y otros en el 43,5%.

Conclusiones: La Incidencia de BACVC en los catéteres de corta duración insertados en el 2º semestre ha disminuido respecto a los del 1º semestre aunque de manera no estadísticamente significativa, y está en el límite superior de los datos disponibles en la literatura. Aunque son pocos los datos disponibles en la literatura sobre la incidencia de Bacteriemias asociadas a catéteres de larga duración, las cifras actuales son ligeramente elevadas respecto a estos. Esta es una de las pocas experiencias donde se analiza el problema de las bacteriemias asociadas a los CVC de manera global (todo tipo de pacientes, unidades y catéteres).

Financiación: Instituto de Salud Carlos III, Ministerio de Ciencia e Innovación. Expte: PI080881.

Viernes, 29 de octubre de 2010. 12:30 a 14:00 h

Sala 1

Cáncer y genética

Moderadora: Nuria Malats

88. EVALUACIÓN DEL PROGRAMA DE CONSEJO GENÉTICO EN CÁNCER FAMILIAR DE LA COMUNIDAD VALENCIANA

M. Goicoechea Sáez, D. Sala Trejo, D. Cuevas Cuerda, en representación del Grupo de Asesoramiento del Programa de Consejo Genético en Cáncer de la Comunidad Valenciana

Dirección General de Salud Pública; Dirección General de Asistencia Sanitaria.

Antecedentes/Objetivos: Aproximadamente un 5-10% de los cánceres son hereditarios. El diagnóstico y consejo genético sirven para diagnosticar una predisposición hereditaria al cáncer antes de que aparezca e intervenir evitando la aparición de dicho cáncer o diagnosticándolo precozmente en fase curable. En el año 2005 la Conselleria de Sanitat, implantó un programa de cáncer familiar creando una red

sectorizada de Unidades de Consejo Genético en Cáncer (UCGC) para ofrecer esta prestación a toda la población de la Comunidad Valenciana. A través de estas UCGC un equipo de profesionales multidisciplinario da la información, las recomendaciones y el seguimiento más adecuadas para el paciente y sus familiares. El objetivo de este programa es reducir la incidencia de cáncer y la mortalidad en aquellas personas con una predisposición genética conocida.

Métodos: Análisis descriptivo desde el inicio del programa, mayo de 2005 hasta diciembre de 2009, a través de indicadores de organización y efectividad: n.º de consultantes que acuden a las UCGC, tamaño medio de las familias, porcentajes de: remisión adecuada, familias identificadas, aceptabilidad del estudio por el caso índice o por algún miembro de la familia, familias con mutaciones identificadas, y distribución de los resultados por gen, para casos índice y familiares.

Resultados: Han sido atendidas 7.963 personas, 795 remitidas por atención primaria y 7.168 por atención especializada. El 76% de los consultantes cumplían criterios para el estudio genético (el 46% de los remitidos por atención primaria y el 80% de los remitidos por especializada). De los que cumplen criterios, el 57% corresponden al síndrome de cáncer de mama y ovario familiar y el 33% al síndrome de CHNRP. Se ha localizado algún caso índice en 2.523 familias (79,6%) y de ellas en el 91,7% se ha realizado el estudio genético. Se han detectado mutaciones patógenas en el 19,6% de estos estudios. Se ofrece el estudio a los familiares donde se ha encontrado mutación patógena, siendo el tamaño medio de las familias de 5 familiares por caso índice. El porcentaje de mutaciones patógenas diagnosticadas en familiares ha sido cercano al 52%.

Conclusiones: El diagnóstico y consejo genético en cáncer, en el marco de un programa organizado, pretende diagnosticar en fase precoz esta enfermedad o evitar que se produzca. Para hacer una evaluación del impacto de este programa en la salud de la población sería necesario hacer seguimientos a muy largo plazo, especialmente en los casos en los que se diagnostica en personas que en el momento del estudio genético, mayoritariamente están sanas.

123. ASOCIACIÓN ENTRE LOS POLIMORFISMOS SER31ARG EN P21 Y ARG72PRO EN P53 Y RIESGO DE CÁNCER DE PULMÓN

A. Souto García, A. Fernández Somoano, T. Pascual, S. Álvarez Avellón, M.F. López Cima, P. González Arriaga, A. Tardón

Unidad de Epidemiología Molecular del Cáncer, Instituto Universitario de Oncología del Principado de Asturias (IUOPA), Universidad de Oviedo; CIBER de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP).

Antecedentes/Objetivos: El gen p53 es un supresor de tumores que actúa en respuesta al daño producido en el ADN, estando implicado en procesos de apoptosis, en la interrupción del ciclo celular y en la activación de sistemas de reparación del ADN. Los efectos de p53 son mediados fundamentalmente por la activación transcripcional de p21, que actúa inhibiendo los complejos ciclina-CDK, regulando así la progresión de la célula en el ciclo celular. Dada la interacción y la importancia de p21 y p53 en el correcto desarrollo del ciclo y en la respuesta al daño del ADN, cabe esperar que los polimorfismos presentes en estos genes puedan tener una relación con la susceptibilidad individual al cáncer. El objetivo de este trabajo es el estudio del posible efecto conjunto que los polimorfismos Ser31Arg de p21 y Arg72Pro de p53 puedan tener en la susceptibilidad a desarrollar cáncer de pulmón en Asturias.

Métodos: Mediante PCR-RFLP se determinaron los distintos genotipos para los polimorfismos p21 Ser31Arg y p53 Arg72Pro en 772 casos y 575 controles pertenecientes al estudio CAPUA (Cáncer de Pulmón en Asturias), un estudio caso-control de base hospitalaria que comprende 883 casos incidentes de cáncer de pulmón y 776 controles, apareados por sexo, edad (± 5 años) y hospital. Por regresión

logística, se calcularon las odds ratio (OR) e intervalos de confianza del 95% (IC95%).

Resultados: Los individuos portadores del alelo Arg de p21 y el alelo Pro de p53 ven duplicado su riesgo a desarrollar cáncer de pulmón ORaj = 2,17 [1,23-3,84]. Los individuos fumadores, por su parte, ven su riesgo triplicado ORaj = 3,31 [1,72-6,35], sobre todo los menores de 55 años ORaj = 5,30 [1,29-21,81]. Atendiendo al género, los hombres portadores de los alelos variantes anteriormente citados, duplican su riesgo ORaj = 2,18 [1,16-4,07].

Conclusiones: La combinación de los alelos Arg de p21 y Pro de p53 se asocia a un mayor riesgo a desarrollar cáncer de pulmón, especialmente en fumadores y menores de 55 años. Estos polimorfismos deben ser tenidos en cuenta como posibles marcadores de susceptibilidad de población de riesgo para programas de examen en salud.

Financiación: BP09031, FISS 01/310, FISS 01/310, FISS-PI060604, FICYT IB09-133.

159. UTILIDAD DE LA DETECCIÓN DE MUTACIONES EN EL GEN K-RAS PARA EL DIAGNÓSTICO DEL CÁNCER DE PÁNCREAS EXOCRINO

L.A. Parker, B. Lumbreras, I. Hernández-Aguado, M. Porta

Departamento de Salud Pública, Universidad Miguel Hernández; CIBER en Epidemiología y Salud Pública; Institut Municipal d'Investigació Mèdica, Barcelona; Facultad de Medicina, Universitat Autònoma de Barcelona.

Antecedentes/Objetivos: El diagnóstico del cáncer de páncreas exocrino (CPE) es un reto clínico, ya que los métodos diagnósticos disponibles no son suficientemente precisos o específicos. Por tanto, es necesario desarrollar procedimientos diagnósticos más eficaces, incluyendo marcadores moleculares. Las mutaciones en el oncogén *K-ras* son la alteración somática más común en el CPE, y su análisis podría tener utilidad diagnóstica. Objetivo: explorar la utilidad de detectar mutaciones en el gen *K-ras* en el diagnóstico del CPE, mediante una revisión sistemática de la mejor evidencia disponible.

Métodos: La búsqueda se realizó en PubMed. Se seleccionaron artículos originales que evaluaban la exactitud diagnóstica de la detección de mutaciones en *K-ras* para el diagnóstico de CPE. De forma independiente, dos investigadores extrajeron los siguientes datos de cada estudio: metodología empleada, exactitud diagnóstica, tipo de muestra, tamaño muestral y conclusiones de los autores respecto a la aplicación clínica de la prueba. Se estudió la heterogeneidad en la precisión diagnóstica referida por los estudios mediante métodos no-paramétricos.

Resultados: Se evaluaron 44 estudios de un total de 38 artículos. El tamaño muestral de los estudios incluidos fue limitado (rango de 16 a 358 pacientes). El diseño más adecuado para evaluar la exactitud diagnóstica de una prueba es el de una cohorte consecutiva de pacientes con sospecha clínica de la enfermedad a estudio, pero solo 4 (9,1%) de los estudios analizados habían utilizado este diseño. Por consiguiente, la prevalencia de EPC en las poblaciones de los estudios varió ampliamente (de 17,6% hasta 81,8%). Con respecto a la exactitud diagnóstica, la sensibilidad varió de 0 a 100% y la especificidad entre el 57% y el 100%. La mayor precisión diagnóstica se obtuvo en muestras citohistológicas, y la más baja en muestras de suero y heces. En 18 estudios (41%) los autores se declaraban a favor de la utilidad clínica de la detección de *K-ras* como un procedimiento diagnóstico independiente, aunque sólo uno se había diseñado correctamente el estudio.

Conclusiones: La utilidad de la detección de mutaciones en el oncogén *K-ras* como una prueba independiente para el diagnóstico de CPE es limitada. Los artículos publicados que son favorables a dicho uso padecen limitaciones metodológicas importantes.

Financiación: CIBER en Epidemiología y Salud Pública.

398. POLIMORFISMOS EN GENES METABOLIZADORES DE ÁCIDOS GRASOS Y CÁNCER COLORRECTAL

M. Crous-Bou, E. Guinó, D. Cuadras, S.B. Gruber, V. Moreno

Institut Català d'Oncologia (ICO); Institut d'Investigació de Bellvitge (IDIBELL); Universitat de Barcelona (UB); University of Michigan Medical School.

Antecedentes/Objetivos: El cáncer colorrectal (CCR) es una de las principales causas de mortalidad por cáncer a nivel mundial. La ingesta de grasas a través de la dieta es un factor de riesgo bien establecido para el CCR, por lo que es de especial interés el papel de los genes que participan en el metabolismo de los lípidos. El objetivo fue analizar la asociación entre los polimorfismos en genes metabolizadores de ácidos grasos y el riesgo de cáncer colorrectal. Además se analizó la asociación entre dichos polimorfismos y los niveles séricos de lípidos, el índice de masa corporal y la ingesta de grasas.

Métodos: Se genotiparon 31 SNPs de 9 genes que participan en la biosíntesis y el metabolismo de los ácidos grasos en un total de 1780 casos incidentes de CCR y en 1864 controles poblacionales, apareados por edad y sexo, procedentes del Molecular Epidemiology of Colorectal Cancer study (MECC), un estudio de casos y controles de base poblacional realizado en el Norte de Israel. Mediante entrevistas se recogió información clínico-patológica, sobre los estilos de vida, los hábitos alimentarios y el índice de masa corporal (IMC) de los participantes. Se realizaron análisis de asociación mediante regresión logística binaria y un análisis global mediante modelos de ecuaciones estructurales.

Resultados: Polimorfismos en el gen que codifica para la enzima lipasa hepática (LIPC) modifican el riesgo de cáncer colorrectal. El alelo G en el SNP rs9652472 se asocia con un incremento de riesgo de CCR, tras corregir por Bonferroni las comparaciones múltiples; la OR ajustada por edad, sexo, IMC, niveles séricos de lípidos e ingesta total de grasas es de 1,52 bajo un modelo de herencia aditivo (IC95% = 1,20-1,92; $p = 0,0005$). Los niveles séricos de lipoproteína de alta densidad (HDL) son mayores en aquellos participantes con el alelo T en el SNP rs1800588 de LIPC; la OR ajustada por edad, sexo e IMC es de 1,24 bajo un modelo de herencia aditivo ($p = 0,0051$). Además, se han detectado asociaciones estadísticamente significativas entre determinados polimorfismos en los genes CYP1A2, PPARG y LIPC y cambios en el IMC, y entre polimorfismos en el gen ApoE y la ingesta de grasas.

Conclusiones: Los polimorfismos en el gen que codifica la lipasa hepática (LIPC) podrían estar implicados/tener un rol causal en la carcinogénesis colorrectal a través de la implicación de la enzima en la regulación de los niveles séricos de lípidos.

401. RIESGO DE CÁNCER DE MAMA: INTERACCIÓN ENTRE VARIANTES COMUNES DE SUSCEPTIBILIDAD GENÉTICA, HISTORIA REPRODUCTIVA E ÍNDICE DE MASA CORPORAL

R.L. Milne, M.M. Gaudet, A.B. Spurdle, P.A. Fasching, F.J. Couch, P.D. Pharoah, M. García-Closas, E.L. Goode, J. Chang-Claude, on behalf of the Breast Cancer Association Consortium

Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas, Madrid, España; Albert Einstein College of Medicine, New York, EEUU; Queensland Institute of Medical Research, Brisbane, Australia; University of California at Los Angeles, EEUU; Mayo Clinic, Rochester, EEUU; University of Cambridge, RU; National Cancer Institute, Bethesda, USA; German Cancer Research Center, Heidelberg, Alemania.

Antecedentes/Objetivos: Recientemente se han identificado varios polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) asociados al riesgo de cáncer de mama. El objetivo del presente estudio fue determinar cómo se combinan los efectos asociados a estos SNP con los de factores ambientales de riesgo para esta enfermedad. El análisis se llevó a cabo en mujeres blancas de origen europeo incluidas en estudios caso-control participantes en el Consorcio de Estudios de Asociación en Cáncer de Mama (BCAC).

Métodos: El estudio se basó en 26.349 casos de cáncer de mama invasivo y 32.208 controles que procedían de 21 estudios caso-control diferentes. Se evaluaron todas las interacciones gen-ambiente de 2.º orden teniendo en cuenta cinco factores ambientales (edad de menarquía, haber tenido un hijo, número de partos, edad al nacer el primer hijo e índice de masa corporal) y 12 SNP (10q26-rs2981582 [FGFR2], 8q24-rs13281615, 11p15-rs3817198 [LSP1], 5q11-rs889312 [MAP3K1], 16q12-rs3803662 [TOX3], 2q35-rs13387042, 5p12-rs10941679 [MRPS30], 17q23-rs6504950 [COX11], 3p24-rs4973768 [SLC4A7], CASP8-rs17468277, TGFB1-rs1982073 and ESR1-rs3020314). Se ajustaron modelos de regresión logística con tres parámetros: uno para el efecto de cada copia del alelo de riesgo del SNP, uno para el efecto del factor ambiental (variable continua o dicotómica), y otro para la desviación de efectos multiplicativos independientes entre ellos, este último como base del test estadístico de interacción mediante el contraste del cociente de verosimilitudes.

Resultados: Teniendo en cuenta el número de contrastes realizados, no se observó ninguna evidencia de interacción gen-ambiente entre las variables consideradas. Los resultados fueron muy similares cuando se repitieron los análisis usando sólo los datos de los 11 estudios de base poblacional.

Conclusiones: Los riesgos relativos para el cáncer de mama asociados a las variantes comunes de susceptibilidad genética identificados hasta el momento, no varían entre mujeres con distintas historias reproductivas o diferente masa corporal. Por lo tanto parece razonable asumir en modelos de predicción del riesgo de cáncer de mama, que los efectos asociados a estos factores de riesgo genético y ambiental se combinan de forma multiplicativa.

Financiación: Parte del trabajo ha sido financiado por la Comunidad Europea "European Community's Seventh Framework Programme" (Número 223175 HEALTH-F2-2009-223175). El trabajo CNIO-BCS ha sido en parte financiado por la "Red temática de investigación cooperativa en cáncer", la Asociación Española Contra el Cáncer y el Fondo de Investigación Sanitaria (PI081583 A RLM y PI081120 A JB).

737. ESTUDIO PANGENÓMICO PRONÓSTICO DE CÁNCER DE VEJIGA

A.C. Picornell, S.J. Chanock, N. Rothman, D. Silverman, M. Kogevinas, F.X. Real, N. Malats

Genetic and Molecular Epidemiology Group, CNIO, España; Division DCEG, NCI, EEUU; CREAL/IMIM-Hospital del Mar, Barcelona.

Antecedentes/Objetivos: El cáncer de vejiga es un problema de salud pública debido a su cronicidad, que hace preciso un seguimiento continuado de la enfermedad durante el resto de la vida del paciente. Ello conlleva un deterioro de la calidad de vida y además representa el cáncer más caro para el sistema sanitario en términos de coste por paciente. En los últimos años se ha establecido la asociación entre una serie de variantes genéticas y el riesgo de desarrollar cáncer de vejiga. El objetivo de este estudio consiste en la identificación de polimorfismos de un único nucleótido (SNPs) que predigan independientemente la evolución del cáncer de vejiga.

Métodos: La población analizada está constituida por una cohorte de 1300 pacientes del estudio SBC/EPICURO, llevado a cabo entre 1998 y 2001 en 18 hospitales de 5 regiones españolas. El estudio es prospectivo, de base hospitalaria y con un diseño caso-control. La cohorte de casos se siguió anualmente, obteniendo información detallada a lo largo de más de 10 años. Los casos se genotiparon mediante la plataforma Illumina Infinium 1M y un total de 1071 pacientes con información genética, clínica y de seguimiento acabaron siendo seleccionados para este estudio. La asociación entre cada variable pronóstica y cada SNP se analizó mediante un test de Fisher en tres fases basado en simulaciones de Monte Carlo. A continuación se analizó el valor predictivo independiente de cada SNP para recaída, recurrencia, progresión y mortalidad mediante un análisis de supervivencia uni- y multivariante basado en la regresión de Cox de riesgos proporcionales.

Se consideraron 2 subgrupos de cáncer, 3 tipos de evento para cada uno, 4 modos de herencia y 2 modelos de ajuste. Los resultados más relevantes se seleccionaron para ser validados mediante meta-análisis con una serie independiente, aplicando el test de la Q de Cochrane y el coeficiente de heterogeneidad.

Resultados: Se obtuvo una lista de SNPs asociados al riesgo de recurrir, progresar o morir de cáncer de vejiga que pudieron ser validados en la serie independiente, presentando además el elevado nivel de significación requerido para este tipo de estudios (p inferior a $10E-7$).

Conclusiones: De los resultados se desprende que los SNPs tienen, también, un valor pronóstico en cáncer de vejiga. En un futuro inmediato se pretende explorar el papel de las interacciones entre SNPs, analizando las posibles sinergias en relación al pronóstico de esta enfermedad.

Financiación: FIS, España (G03/174, PI051436, PI061614); Fundación La Marató de TV3; RTICC, ISCIII, España; DCEG, NCI, EEUU; y UE (HEALTH-STREP-2006-037739, HEALTH-F2-2008-201663).

Viernes 29 de octubre de 2010. 12:30 a 14:00 h

Sala 2

Nutrición y alimentación

Modera: Fernando Rodríguez Artalejo

277. ADHERENCIA A UN PATRÓN DE DIETA MEDITERRÁNEA Y RIESGO DE DIABETES GESTACIONAL

J. Gómez-Fernández, R. Olmedo, M.C. Olvera, C. Amezcuca, P. Lardelli Claret, A. Bueno, J.J. Jiménez Moleón

Departamento de Medicina Preventiva y Salud Pública, Universidad de Granada, CIBERESP; Servicio de Obstetricia y Ginecología, Hospital Universitario Virgen de las Nieves, Granada.

Antecedentes/Objetivos: La diabetes gestacional (DG) tiene importantes consecuencias para la salud de la madre y el recién nacido. Para la planificación de estrategias dirigidas a su prevención es clave la identificación de factores potencialmente modificables. El papel del patrón dietético como causa de DG aún no ha sido estudiado. El objetivo del presente trabajo es analizar la relación entre la adherencia a un patrón de dieta mediterránea y el riesgo de DG.

Métodos: Estudio de casos y controles. La población de referencia estuvo constituida por toda mujer incluida en el Proceso Asistencial Embarazo, Parto y Puerperio de la Junta de Andalucía, y residencia habitual en el área de cobertura del Hospital Universitario Virgen de las Nieves de Granada. Los casos fueron mujeres diagnosticadas de DG seleccionadas en el momento del diagnóstico (291). El grupo control se seleccionó mediante muestreo sistemático ($n = 1.175$). Los criterios de selección fueron nacionalidad española, edad ≥ 18 años y ausencia de patologías crónicas que modificasen la dieta y/o realización de actividad física habitual de la mujer. Como fuentes de información se utilizaron la entrevista personal, historia clínica y documento de salud de la embarazada. Para recoger información sobre la dieta durante el año previo se utilizó el Cuestionario de Martín Moreno. Mediante el Índice de Trichopoulou (IT) se midió el grado de adherencia a un patrón de dieta mediterránea. El IT puede tomar valores entre 0 y 9, a mayor puntuación mayor adherencia. Para su cálculo se valoró el consumo de vegetales, frutas, legumbres, cereales, pescado, carne, lácteos, grasas monoinsaturadas y saturadas, y consumo de alcohol. Mediante regresión logística se calcularon OR crudas y ajustadas.

Resultados: La puntuación del IT se situó entre 0 y 8, no alcanzando ninguna mujer una adherencia máxima de 9. La mayor parte de las

embarazadas presentaron un grado de adherencia medio entre 3 y 5 puntos. En puntuaciones bajas es mayor la frecuencia de mujeres con DG, tendencia que se invierte a partir de los 3-5 puntos. Se observa que a mayor edad de la mujer mayor nivel de adherencia. Cuando se ajusta por potenciales factores de confusión la dieta mediterránea presenta un claro efecto protector sobre el riesgo de DG: OR = 0,67 en mujeres con un IT de 3-4 puntos, 0,61 (0,40-0,95) en mujeres con un IT de 5-6, y OR = 0,34 (0,16-0,72) cuando IT > 6 puntos.

Conclusiones: La adherencia a un patrón de dieta mediterránea disminuye el riesgo de DG. Deberían plantearse estrategias destinadas a su promoción, sobre todo cuando se observa una pérdida de este patrón en edades jóvenes de la vida.

Financiación: FIS 03/1207. Proyectos de Excelencia Junta de Andalucía 05/1962.

409. PATRONES DE DIETA Y ESTILOS DE VIDA EN UNA POBLACIÓN ADULTA JOVEN

E.M. Navarrete-Muñoz, N. Galiana, M. García de la Hera, D. Giménez, J. Vioque

Departamento de Salud Pública, Universidad Miguel Hernández; CIBERESP.

Antecedentes/Objetivos: Frente al enfoque reduccionista de evaluar el efecto de alimentos y nutrientes individuales, un enfoque global basado en patrones dietéticos puede ayudar a caracterizar mejor el efecto de la dieta. Por otra parte, los hábitos dietéticos adquiridos en la juventud pueden condicionar la dieta y el riesgo de enfermar en adultos. En este estudio identificamos los principales patrones dietéticos en una población joven universitaria y analizamos su relación a características personales y estilos de vida.

Métodos: Un total de 571 estudiantes universitarios de ciencias de la salud (408 mujeres) participaron en una encuesta nutricional entre 2006 y 2009. Se recogió información sobre variables sociodemográficas, estilos de vida y realizó examen antropométrico; la dieta se evaluó mediante cuestionario de frecuencia alimentaria (CFA) de 84 ítems. Para cada alimento se estimó su ingesta media diaria ajustada a mil calorías y se crearon 21 grupos de alimentos (ej. lácteos, verduras, carnes). Para la identificación de patrones dietéticos se utilizaron valores estandarizados de las variables (z -scores) y un análisis Cluster por conglomerados usando la opción de K-medias y fijando un máximo de 3 clusters.

Resultados: Se identificaron tres patrones dietéticos (clusters) bien definidos. Un primer patrón caracterizado por un mayor consumo de lácteos, pescado, verduras, frutas, legumbres, café y aceites vegetales, seguido por el 14,7% de los individuos. Un segundo patrón seguido por un 58,1% de los individuos caracterizado por un consumo homogéneo para la mayoría de grupos de alimentos. Un tercer patrón caracterizado por un mayor consumo de carnes, embutidos, frutos secos, cereales y pastas, patatas, pan, dulces, bebidas con y sin alcohol, grasas animales y platos preparados. Estos tres patrones coinciden con los denominados en otros estudios como patrón de dieta saludable, intermedia y occidental, respectivamente. Se observaron diferencias estadísticamente significativas para algunas características personales y estilos de vida entre los tres patrones. El patrón saludable presentó mayor proporción de mujeres (83,3%), menor consumo de tabaco (11,9%), de cualquier cantidad de alcohol (78,6%) y de 7 o más horas de TV a la semana (61,4%). El patrón occidental (menos saludable) se caracterizó por un mayor consumo de tabaco (25,3%), alcohol (89%) y televisión semanal (69%). El patrón intermedio presentó porcentajes intermedios de consumo de tabaco (21%), alcohol (80,1%) y un menor consumo de TV (58,5%).

Conclusiones: El análisis cluster puede ser útil para identificar patrones dietéticos en población joven relacionados a estilos de vidas bien diferenciados lo que puede ayudar a establecer relaciones dieta y enfermedad.

Financiación: Conselleria de Sanitat y FIS-FEDER 03-0314.

411. INGESTA DIETÉTICA Y SEGUIMIENTO DE RECOMENDACIONES DIETÉTICAS EN NIÑOS DE 4 AÑOS DE LA COHORTE INMA VALENCIA

M.N. Galiana, J. Vioque, E.M. Navarrete-Muñoz, D. Giménez, F. Ballester, M. Rebagliato, M.D. Climent, N. Galiana, A. Cases

Universidad Miguel Hernández; CIBERESP; Centro Superior de Investigación en Salud Pública (CSISP); Universitat de València.

Antecedentes/Objetivos: La dieta juega un papel muy importante en el crecimiento y desarrollo del niño. Los hábitos dietéticos en la infancia pueden persistir en la vida adulta y relacionarse al riesgo de enfermedades crónicas por lo que conocer la dieta a estas edades puede permitir una actuación sobre ella más eficaz. El objetivo de nuestro estudio ha sido describir la ingesta de nutrientes y alimentos a los 4 años de edad y analizar su adecuación a las recomendaciones existentes a esas edades.

Métodos: Se estudiaron los 592 niños a los 4 años de edad del estudio de cohorte prospectivo madre-hijo, INMA-Valencia. Se recogió información de la dieta de los niños mediante un cuestionario de frecuencia alimentaria (CFA) administrado a las madres. El CFA tiene estructura similar al de Harvard y ha sido adaptado a niños españoles usando alimentos y porciones comunes en ellos. El CFA está compuesto por 105 ítems con 9 posibles frecuencias de consumo entre nunca o < 1 vez/mes y 6+ veces/día. Se estimaron ingesta de nutrientes con la ayuda de las tablas de composición de alimentos americanas y españolas. Se realizó un análisis descriptivo de la ingesta de nutrientes y alimentos y grado de cumplimiento de las ingestas dietéticas recomendadas (IDR) para niños de 4-5 años españoles.

Resultados: La mediana estimada de ingesta diaria de energía fue de 1.781 (RIQ: 1.550-2.089) Kcal/día, siendo la recomendada de 1.700 kcal/d para 4 años. El aporte energético de proteínas, hidratos de carbono y grasas fue del 17,8, 46,2 y 36,0% respectivamente. Un 49,8% de los niños superó el objetivo nutricional del 35% de energía de las grasas. El porcentaje de niños que no alcanzó las IDR para folato, vitamina C, D y E, calcio y fibra fue del 69,4, 43,7, 90,0, 56,5, 18,2 y 91,3% respectivamente. El 83% no consumía la recomendación de 5 raciones diarias de frutas-verduras, el 5,5% no llegaba a las 2-4 raciones día de lácteos frente a un 51,4% que superaba las 4 raciones diarias.

Conclusiones: Pendientes de la validación del CFA, nuestros resultados sugieren una ingesta energética superior a la recomendada a los 4 años de edad. Aunque para muchos nutrientes se alcanzan las IDR, no ocurre así para otros nutrientes como folatos, vitaminas C, D y E y fibra, ni para el consumo de 5 frutas-verduras al día. Por otra parte, casi la mitad de los niños presentan un alto aporte energético proveniente de grasas.

Financiación: Instituto de Salud Carlos III (Red INMA G03/176, FIS-FEDER 03/1615, 04/1509, 04/1112, 04/1931, 06/1213, 07/0314 y 09/02647). Generalitat Valenciana. Fundació Roger Torné.

494. EXCESO DE PESO EN POBLACIÓN INFANTIL ESPAÑOLA Y SU RELACIÓN CON PERCEPCIÓN DE DISCRIMINACIÓN SOCIAL

R. Ramón, A. Fullana, L. Gimeno, M.L. Carpio, M.J. Redondo

DGSP, Conselleria de Sanitat, Comunitat Valenciana.

Antecedentes/Objetivos: La obesidad infantil tiene un carácter epidémico mundial y progresivo. El índice de masa corporal (IMC) es el parámetro utilizado para evaluar el exceso de peso (sobrepeso y obesidad) en la población, siendo necesario utilizar curvas de referencia estandarizadas por edad y sexo en la infancia. **Objetivos:** (1) Determinar la prevalencia de exceso de peso en población española de 2-15 años, utilizando dos referencias poblacionales diferentes (OMS y Cole). (2) Describir la relación entre la percepción de discriminación social y la obesidad infantil.

Métodos: Población infantil de 1 a 15 años incluida en la Encuesta Nacional de Salud (ENS 2006), representativa de población española. Se analizó una muestra de 6425 niños/as con variables peso y talla disponibles para calcular el IMC. Para la comparación de las dos referencias poblacionales se analizaron los niños/as de 2 a 15 años de edad (n = 5.991). El peso y talla fueron referidos por el informante del niño/a. Se clasificó como sobrepeso un IMC superior al percentil 85 e inferior al 97 y como obesidad un IMC superior o igual al percentil 97 de las curvas de la OMS y Cole según edad y sexo. Se realizó un análisis descriptivo y multivariante mediante regresión logística.

Resultados: La prevalencia de sobrepeso fue similar, indistintamente de la referencia utilizada (OMS o Cole), con un 20,6% (IC95%: 19,6-21,6) y un 20,3% (IC95%: 19,28-21,31) respectivamente, mientras que se detectó un 8,3% más de obesidad utilizando las tablas de la OMS con un 18,3% (IC95%: 17,3-19,3) vs un 10,0% (IC95%: 9,3-10,8). Por género, la prevalencia de exceso de peso fue significativamente superior en los niños (p < 0,001). La prevalencia de obesidad fue superior en el grupo de 1 a 5 años mientras que la de sobrepeso lo fue en el de 11 o más años (p < 0,001). En el 3,3% de la población infantil hubo percepción de discriminación social, siendo el grupo etario más afectado el de 11 años o más. La prevalencia de obesidad en este grupo de edad fue de 19,7% en los que referían discriminación vs un 9,6% en los que no (p = 0,04). Los niños/as que perciben discriminación tienen un 90% más de riesgo de tener obesidad (Odds Ratio 1,9, IC95%: 1,4-2,6), independientemente del sexo y la edad.

Conclusiones: Se observa una elevada prevalencia de exceso de peso en la población infantil española, con una prevalencia superior de obesidad cuando se utilizan los estándares de la OMS. La obesidad afecta principalmente a los niños y al grupo de menor edad, lo que refuerza la necesidad de intervenir precozmente en la etapa prenatal y primera infancia. La mayor percepción de discriminación en el grupo de pre y adolescentes que presentan obesidad merece ser estudiada con mayor profundidad por su posible repercusión en la salud mental.

511. PREVALENCIA DE SOBREPESO Y OBESIDAD Y FACTORES ASOCIADOS, EN NIÑOS DE 4 AÑOS

J. Hajkova, E.M. Navarrete Muñoz, J. Vioque, N. Galiana, D. Giménez, F. Ballester, M. Rebagliato, A. Cases, C. Iñiguez

Universidad Miguel Hernández; Centro Superior de Investigación en Salud Pública; CIBERESP; Centro Superior de Investigación en Salud Pública (CSISP); Universitat de València.

Antecedentes/Objetivos: El sobrepeso infantil representa un problema creciente de salud pública ya que es un precursor de obesidad en la vida adulta y por tanto un mayor riesgo de enfermedades cardiovasculares y metabólicas en esa etapa. Nuestro objetivo fue estimar la prevalencia del sobrepeso y obesidad y analizar los factores asociados al sobrepeso en niños de 4 años del estudio INMA-Valencia.

Métodos: Participaron 591 niños pertenecientes al estudio de cohortes prospectivo INMA-Valencia a la edad de 4 años entre 2008-2010. Se recogió información de variables sociodemográficas y antropométricas de los padres, de la madre durante embarazo y datos mediante una exploración antropométrica del niño a los 4 años. Para definir sobrepeso y obesidad en niños se utilizaron los puntos de corte para el índice de masa corporal (IMC = kg/m²), publicados para la edad de 4,5 años y cada sexo (Cole, 2000). Se estimó prevalencia de sobrepeso y obesidad y mediante regresión logística múltiple se exploran factores asociados a cualquier exceso de peso (sobrepeso + obesidad, variable dependiente).

Resultados: La prevalencia de sobrepeso fue 14,0% (11,8% niños y 16,5% niñas) y de obesidad fue 5,9% (5,4% niños y 6,5% niñas), siendo la prevalencia de cualquier exceso de peso del 19,9%. En el modelo multivariante, los factores asociados positivamente a un exceso de peso fueron el ser niña, OR = 1,78 (IC95%: 1,14-2,77); una ganancia de peso de la madre durante el embarazo superior a la recomendada, OR = 1,92 (1,15-3,19); un mayor IMC preconcepcional de la madre, OR = 1,65

(0,97-2,79) para madres en sobrepeso, OR = 4,33 (2,19-8,58) para madres con obesidad; y un mayor IMC del padre, OR = 1,20 (0,74-1,94) para sobrepeso, OR = 2,22 (1,16-4,26) para padres obesos. Un retardo de crecimiento fetal se asoció de forma marginalmente significativa a un menor riesgo de exceso de peso a los 4 años, OR = 0,40 (0,16-1,01). Otras variables como duración de la lactancia materna, clase social, país de origen, edad del padre y madre no se asociaron sobrepeso/obesidad.

Conclusiones: Se ha detectado una alta prevalencia de sobrepeso y obesidad a los 4 años de edad. Entre los múltiples factores asociados, la existencia de obesidad de la madre y en menor medida del padre son los factores que parecen ejercer una mayor influencia en el riesgo de padecer sobrepeso-obesidad del niño. Estos resultados justificarían la planificación de intervenciones preventivas contra obesidad infantil.

Financiación: Instituto de Salud Carlos III (Red INMA G03/176, FIS-FEDER 03/1615, 04/1509, 04/1112, 04/1931, 06/1213, 07/0314 y 09/02647). Generalitat Valenciana. Fundació Roger Torné.

518. TENSIÓN ARTERIAL ELEVADA E ÍNDICE DE MASA CORPORAL EN NIÑOS DE 4 AÑOS EN VALENCIA

M.N. Galiana, E.M. Navarrete Muñoz, J. Vioque, M.D. Climent, D. Giménez, F. Ballester, M. Rebagliato, C. Iñíguez, M. Murcia

Universidad Miguel Hernández; CIBERESP; Centro Superior de Investigación en Salud Pública (CSISP); Universitat de València.

Antecedentes/Objetivos: La hipertensión arterial (HTA) es un importante factor de riesgo cardiovascular en la vida adulta que se asocia a mayor mortalidad, y una tensión arterial (TA) elevada temprana se relaciona con HTA en adultos. El aumento de TA en la infancia se ha asociado a obesidad infantil. En este estudio, hemos estimado la prevalencia de una TA elevada a los 4 años y explorado su relación con el índice de masa corporal (IMC).

Métodos: Se estudiaron 567 niños de 4 años del estudio de cohortes INMA de Valencia. Se recogió información sobre antropometría de la madre y del niño al nacer y a los 4 años, y otras variables de interés. La TA se midió mediante OMRON M4-I con manguito adaptado y tras reposo de 5 min (3 tomas), utilizando la media tras descartar valores extremos. Se definió TA elevada ajustada por edad, sexo y altura según el IV informe del grupo de estudio de la HTA infantil EEUU (Pediatrics, 2004). Los niños con TA sistólica (TA-s) y diastólica (TA-d) inferior al percentil 90 se clasificaron como normotensos: valores de TA-s ≥ 107 y TA-d ≥ 65 mmHg en niños, y ≥ 111 s/66d en niñas se consideraron elevados. El sobrepeso y obesidad se definieron según valores de IMC aceptados para niños de 4 años (Cole, 200). Estimamos la prevalencia de TA-s y TA-d elevada, y evaluamos la relación entre la TA elevada (TA-s y/o TA-d elevada) y el IMC mediante regresión logística multivariante.

Resultados: La prevalencia de TA elevada fue del 40,2%. La prevalencia de TA-s elevada fue de 25,0% y de TA-d elevada de 34,2%, no encontrándose diferencias significativas por sexo. La prevalencia de TA elevada según IMC fue de 37,9% en normopeso, 44,6% en sobrepeso y 60,6% en niños obesos. En el análisis multivariante ajustando por varias variables se encontró una asociación positiva significativa entre IMC y el riesgo de TA elevada: los niños con sobrepeso (OR = 1,38; IC: 0,86-2,24) y obesidad (OR = 2,51; IC: 1,20-5,21) presentaron mayor riesgo que los normopeso. El riesgo de TA-s elevada fue de 1,63 y 2,32 en sobrepeso y obesos respectivamente, y para TA-d el efecto fue algo menor, 1,12 y 1,94 respectivamente.

Conclusiones: Hemos encontrado una alta prevalencia de TA elevada en niños a la edad de 4 años aunque puede influir el uso de un criterio estricto. Asimismo, hemos encontrado una alta prevalencia de sobrepeso y obesidad que se asocia estrechamente a un mayor riesgo de TA elevada.

Financiación: Instituto de Salud Carlos III (Red INMA G03/176, FIS-FEDER 03/1615, 04/1509, 04/1112, 04/1931, 06/1213, 07/0314 y 09/02647). Generalitat Valenciana. Fundació Roger Torné.