

## CI05

### Rol del auto muestreo para el diagnóstico del virus del papiloma humano Role of self samplig for the diagnosis of human papiloma virus

**Autoría:** Bernardo Vega<sup>1\*</sup>, Vivian Alejandra Neira<sup>1</sup>, María Elena Espinoza<sup>2</sup>, Diana López<sup>3</sup>, José Ortíz<sup>1</sup>, Jorge Mejía<sup>1</sup>, Lorena Mora<sup>1</sup>, Lourdes Viñanzaca<sup>1</sup>, Santiago Dávila<sup>1</sup>, María Angélica Morales<sup>1</sup>, Tesifón Parrón<sup>4</sup>, Veronique Verhoeven<sup>5</sup>

<sup>1</sup> Universidad de Cuenca

<sup>2</sup> Universidad Técnica Particular de Loja

<sup>3</sup> Universidad del Azuay

<sup>4</sup> Universidad de Almería

<sup>5</sup> Universidad de Amberes

**\*Autor de correspondencia:** bernardo.vegac@ucuenca.edu.ec

**DOI:** 10.5867/Medwave.2022.S1.CI05

**Palabras clave:** Auto toma, VPH sensibilidad, especificidad, aceptabilidad

**Tema:** Ciencias de la vida.

**Introducción:** Durante el año 2020, se reportaron 604127 nuevos casos de cáncer de cuello uterino (CC) y 341831 muertes por ésta causa a nivel mundial. En el mismo año, se identificaron 1534 nuevos casos y 813 muertes por CC en Ecuador.

El programa nacional de prevención del CC, centra sus esfuerzos principalmente en la citología vaginal y la vacunación para adolescentes en el sistema de atención primaria, sin embargo, solamente el 58,4% de las mujeres en edad reproductiva se ha realizado una prueba de tamizaje a lo largo de su vida en el país. Se han identificado diferentes barreras para el acceso al tamizaje del CC, entre ellas: tiempos de espera prolongados, dolor, vergüenza, desconocimiento y falta de percepción de riesgo entre las más importantes. Las técnicas de auto muestreo, han incrementado las coberturas y han alcanzando a mujeres que tradicionalmente no accedían a las pruebas de detección precoz.

**Objetivos:** Identificar la aceptabilidad de las pruebas de auto muestreo en mujeres de zona rural. Comparar la sensibilidad, especificidad de las pruebas de orina y auto toma con la toma tradicional con espéculo, para el diagnóstico de el VPH.

**Método:** La presenta investigación forma parte del proyecto “Haciendo accesible la detección del cáncer de cuello uterino a través del auto muestreo: un paso hacia la igualdad en salud mediante el empoderamiento de las mujeres en un contexto intercultural, financiado por el VLIR UOS” (CAMIE). En su fase cualitativa realizo un estudio, fenomenológico, mediante grupos focales de discusión (GFD) con mujeres de zona rural de la parroquial El Valle del cantón Cuenca. Los grupos focales fueron grabados y transcritos, su análisis se realizó utilizando en programa Nvivo.

En su fase cuantitativa, se realizó una invitación a participar en el estudio, a las mujeres que acudían al servicio de salud, mismas que luego de firmar el consentimiento informado, procedieron a la recolección de orina, muestreo por auto toma y toma tradicional con espéculo. Las muestras fueron procesadas en el departamento de biología molecular de la Universidad de Cuenca.

**Principales resultados:** Cualitativos: Un total de 47 mujeres participaron en 7 GFD. La participantes consideran la técnica de

toma de Papanicolaou es dolorosa, invasiva y vergonzosa; en tanto que los métodos de auto toma, tienen ventajas como la privacidad, ahorran tiempo de espera, son más cómodos y menos dolorosos. Cuantitativos: Se procesaron las muestras de orina, auto toma y toma normal para el diagnóstico de VPH de 120 participantes. La toma con espéculo, fue usada como prueba de oro. La sensibilidad y especificidad fue de 89% y 95% para la prueba de orina; 94% y 92% para la prueba de auto toma.

**Conclusiones:** Las pruebas de auto muestreo, constituyen una estrategia válida y aceptada para el tamizaje primario del VPH a nivel comunitario. La aplicación de estas técnicas sumadas a estrategias educativas permitirá romper barreras en el acceso a la detección oportuna del CC.

---

## CI06

### Estudio de expresión génica de factores de virulencia de Staphylococcus aureus causantes de bacteremia Gene expression of virulence factors in clinical isolates of Staphylococcus aureus causing bacteremia

**Autoría:** Kirsty Ximena Noboa Carrasco<sup>1\*</sup>, Rodrigo Marcelo Grijalva Silva<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE

**\*Autor de correspondencia:**

kxnoboa@espe.edu.ec

**DOI:** 10.5867/Medwave.2022.S1.CI06

**Palabras clave:** Staphylococcus aureus, Factores de virulencia, Genes de referencia, PCR en tiempo real, Susceptibilidad a antibióticos

**Tema:** Ciencias de la vida.

**Introducción:** Staphylococcus aureus es uno de los principales causantes de infecciones diseminadas a través del torrente sanguíneo, infecciones que están asociadas con alta morbilidad y mortalidad. Las bacteremias asociadas a S. aureus (SABs) pueden ser complicadas, como aquellas que provocan complicaciones tromboembólicas. Existen múltiples enfoques para el análisis de cepas virulentas, incluyendo genotipificación MLST y estudios de genoma completo. Sin embargo, los genes involucrados in vivo en la transición desde una bacteria posiblemente inocua a un patógeno altamente virulento no están definidos y se requieren más estudios para entender la patogénesis y posiblemente identificar cepas virulentas en estadios tempranos de infección, así como establecer medidas para prevenir dichas infecciones.

**Objetivos:** Estudiar la expresión de factores de virulencia de aislados clínicos de S. aureus causantes de SABs provenientes de dos hospitales de referencia de Quito, Ecuador.

**Método:** En primer lugar los aislados fueron estudiados para su susceptibilidad a los antibióticos como S. aureus sensibles (MSSA) o resistentes a la metilina (MRSA) mediante un ensayo de reacción en cadena de la polimerasa múltiple (PCR). El estudio de expresión de factores de virulencia se realizó por reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (qPCR). Los genes analizados fueron, factores de virulencia fhuD, fnbA, hla, sstD descritos en modelos in vitro y murino, junto con un gen asociado a la resistencia a fluoroquinolonas, gyr. Conjuntamente, se desarrolló el programa de qPCR, normalizando los factores de