

tud de los médicos y de otros profesionales de la salud es un factor crítico en ello y deben tener en cuenta que los pacientes con la diabetes controlada ven el automonitoreo más positivamente que los pacientes con signos de descompensación.

Las investigaciones futuras deben explorar la actitud de los profesionales de la salud con respecto al automonitoreo y examinar la información y las orientaciones que al respecto se dan a los pacientes en las consultas. Se debe hacer un especial énfasis en establecer las características que pueden ayudar a predecir cuáles pacientes pueden confundirse con este procedimiento y cuáles pueden sacar beneficios para mejorar su salud y su calidad de vida. La educación sobre el automonitoreo de la glucemia debe ser explícita y continua, y estar orientada a alcanzar sus objetivos concretos, particularizada según las características y necesidades de cada paciente. (Peel E, Douglas M, Lawton J. Self monitoring of blood glucose in type 2 diabetes: longitudinal qualitative study of patients' perspectives. *Br Med J*. 2007;335:493.)

¿Puede la transmisión de la gripe aviar A subtipo H5N1 de persona a persona provocar una epidemia?

El virus de la gripe aviar A de alta patogenicidad (IAAP) subtipo H5N1 ha traspasado en reiteradas ocasiones la barrera de la especie y ha afectado a personas. Desde diciembre de 2003 se han informado 291 casos de IAAP (H5N1) en personas, con un desenlace de 172 muertes (tasa de letalidad de 59,1%) en 12 países, principalmente del sudeste asiático. Entre esos casos se han documentado 31 conglomerados familiares, compuestos por 2–8 personas relacionadas por vínculos en el hogar. Hasta el momento no se ha establecido cuántos de esos casos se deben a una fuente aviar común o si ha habido también transmisión de persona a persona. Si alguna o algunas cepas de IAAP del subtipo H5N1 adquieren la capacidad de transmitirse sostenidamente de persona a persona, el brote resultante podría extenderse a todo el mundo —por la red de transporte internacional— a mayor velocidad de lo que tomaría desarrollar y distribuir una vacuna específica y efectiva contra la nueva variante viral.

En este trabajo se analizan los datos de dos de los mayores conglomerados familiares de gripe aviar del subtipo H5N1 con el objetivo de determinar si ha habido transmisión de persona a persona y, en caso positivo, el grado de transmisibilidad de esa cepa. Se estudiaron ocho casos que formaron un conglomerado familiar en el norte de Sumatra, Indonesia, entre abril y mayo de 2006 y otro conglomerado familiar de ocho casos confirmados de

H5N1, detectados en el distrito de Dogubayazit, en la región oriental de Turquía, entre el 18 de diciembre de 2005 y el 15 de enero de 2006.

Se encontró que el período de incubación en el brote de Indonesia fue posiblemente de 3–7 días y el período infeccioso más probable fue de 5–13 días. Se encontró evidencia de transmisión de persona a persona ($P = 0,009$). La tasa estimada de síndrome respiratorio agudo (SRA) en el hogar fue de 0,29 (intervalo de confianza de 95% [IC95%]: 0,15 a 0,51).

En el brote ocurrido en Turquía no se demostró que la infección se hubiera transmitido de persona a persona ($P = 0,114$) y la probabilidad diaria de infección a partir de una misma fuente fue de 0,011 (IC95%: 0,005 a 0,025).

De esta manera, se encontró respaldo estadístico para afirmar que hubo diseminación de la cepa de IAAP del subtipo H5N1 de persona a persona en el hogar estudiado en Sumatra, Indonesia, y que la tasa de SRA intrafamiliar (la probabilidad de que una persona infectada haya transmitido la infección a otro miembro del hogar) fue de 29%. Esta tasa es similar a los estimados estadísticos obtenidos para la gripe A interpandémica en los Estados Unidos de América (12,7%–30,6%). El tiempo promedio de incubación de esta cepa (aproximadamente 5 días) es el doble del observado en las cepas aisladas durante la última pandemia de gripe y la actual etapa interpandémica.

Sin embargo, aunque se haya demostrado que ocurrió la transmisión de persona a persona, no está claro que el virus pueda mantener una transmisión interpersonal sostenida. Además, es posible que para la transmisión de este virus se requiera un contacto muy estrecho con la persona infectada. Así, incluso sin intervención alguna, la probabilidad de que la transmisión de la infección a una única persona desencadene la diseminación del virus es solo de aproximadamente 12% con las cepas estudiadas. Sin embargo, es importante tomar en cuenta que el uso profiláctico de oseltamivir haya contribuido a limitar la diseminación de la infección y que, aunque no se obtuvo un respaldo estadístico de la transmisión de persona a persona en el caso estudiado de SRA intrafamiliar en Turquía, no se puede excluir la posibilidad de que haya ocurrido.

Mediante sistemas automatizados de simulación se ha podido demostrar que con el empleo dirigido de agentes antivirales se podría contener la diseminación de una cepa pandémica de gripe si se logra comenzar su aplicación en el transcurso de las tres semanas siguientes a la aparición del caso inicial en la comunidad y si el número reproductivo básico local (R_0) es menor de 18. Esta estrategia, conocida como profilaxis antiviral dirigida, consiste en el tratamiento de los casos índices iden-

tificados y de sus contactos, ya sean familiares, vecinos, compañeros de estudio o de trabajo, etc. Además, se recomienda la cuarentena voluntaria en el hogar de los contactos cercanos de los pacientes. Esta estrategia de profilaxis dirigida en el hogar y los hogares vecinos se aplicó en el brote estudiado en Sumatra.

Es muy importante determinar si las posibles cepas pandémicas de gripe son capaces de mantener la transmisión de persona a persona y estimar los parámetros clave de esa transmisión. Es necesario contar con mayor información epidemiológica de la comunidad para poder estimar otros parámetros, además de la tasa de SRA en el hogar. Entre otros datos, se necesita hacer un censo exhaustivo de las personas expuestas en el hogar y en la zona de posible transmisión de la infección, tanto de fuentes animales como humanas. Estos datos permitirían estimar los parámetros de una manera más precisa, entre ellos valores de R_0 más exactos.

Los autores desarrollaron un software, TRANSTAT, para realizar estos análisis. Esta aplicación permite la entrada, el almacenamiento y el análisis de los datos de brotes de enfermedades infecciosas agudas. Los métodos estadísticos que utiliza pueden aplicarse en combinación con varias herramientas epidemiológicas convencionales. Esta aplicación permite hacer el análisis en tiempo real y evaluar las medidas de control aplicadas durante un brote, aunque se debe cuidar de introducir tanto los datos de los pacientes como de los contactos. Este sistema está disponible y puede solicitarse directamente a Ira M. Longini, Jr, Program in Biostatistics and Biomathematics, Fred Hutchinson Cancer Research Center, Seattle, WA 98109-1024, USA; correo electrónico: longini@sharp.org. (Yang Y, Halloran ME, Sugimoto JD, Longini IM. Detecting human-to-human transmission of avian influenza A (H5N1). *Emerg Infect Dis.* 2007;13(9):1348-53.)

Caracterización molecular de aislamientos de *Staphylococcus aureus* resistentes a la meticilina en Asunción, Paraguay

La resistencia de bacterias patógenas a diversos antibióticos es un tema de la mayor importancia para la salud pública debido a la creciente incidencia de infecciones que no ceden al tratamiento habitual con antibióticos. Esta situación se hace aun más crítica cuando se trata de bacterias grampositivas de alta virulencia, como *Staphylococcus aureus*, una de las bacterias patógenas más frecuentemente involucradas en la etiología de diversos procesos infecciosos, que van desde infecciones superficiales de la piel hasta infecciones generalizadas graves que pueden poner en peligro la vida.

En estudios de genética poblacional de cepas de *S. aureus* resistente a la meticilina (SARM) se han identificado cinco grupos principales de clones que conforman cinco complejos clonales (CC), designados CC5, CC8, CC22, CC30 y CC45. Cada CC está compuesto por aislamientos de SARM con tipos relacionados de secuencias de múltiples locus. Entre los de mayor prevalencia se encuentran los clones arcaico (CC8), ibérico (CC8), brasileño (CC8), pediátrico (CC5) y el clon de New York/Japón (CC5). Estos clones se han caracterizado genéticamente según el polimorfismo de la proteína A del gen *spa* y los diferentes tipos del casete cromosómico *mec* del estafilococo (SCC*mec*), que codifica la resistencia a la meticilina. Las cepas de SARM se han diseminado en los hospitales de todo el mundo. Su prevalencia varía de un país a otro, así como también de un hospital a otro dentro de un mismo país.

En este trabajo se colectaron 96 aislamientos de *S. aureus* de 81 pacientes ingresados en el Hospital de Clínicas, en Asunción, Paraguay, entre abril y octubre de 2005. De esos aislamientos, 42 (43,8%) eran resistentes a la meticilina. Todos los aislamientos estaban asociados con infecciones intrahospitalarias. De los aislamientos de SARM (uno por paciente), 34 (81,0%) se caracterizaron por métodos microbiológicos y se determinó la presencia del gen de la toxina y el grupo de alelo de su gen regulador (*agr*) mediante la reacción en cadena de la polimerasa. Se obtuvieron los 34 patrones de electroforesis de campo pulsante en gel (ECPG), los que se agruparon en seis tipos de patrones (AS1-AS6), según el porcentaje de similitud (> 80%). Se caracterizó el perfil de resistencia a antibióticos de cada patrón de ECPG.

Los 27 aislamientos de tres de los patrones de ECPG (AS1-AS3) pertenecían al mismo clon de SARM, CC5, más relacionado por sus características con el clon cordobés/chileno (de origen argentino). Este clon comenzó a desplazar al clon brasileño en los hospitales paraguayos en 1999 y dos años después era el predominante.

Los seis aislamientos pertenecientes a los tipos AS5 y AS6 pertenecían a un mismo clon de SARM, esta vez del grupo CC8, relacionado con el clon brasileño. Por su parte, un aislamiento clasificado como AS4 por su patrón en ECPG, se consideró como SARM esporádico, ya que presentaba resistencia variable a la meticilina.

Se concluyó que los aislamientos de SARM en el Hospital de Clínicas de Asunción, Paraguay, pertenecían principalmente al clon cordobés/chileno (grupo CC5). Este clon está relacionado genéticamente con la cepa EMRSA-3 del Reino Unido, por lo que puede tener un ancestro común con el clon pediátrico y con el clon de New York/Japón. El segundo clon más frecuente fue el brasileño (grupo CC8).