

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).

Esta información es de gran utilidad, no solamente para el control de las infecciones hospitalarias más frecuentes en este hospital paraguayo, sino también para los países vecinos ya que, tal como se ha visto, los patógenos responsables de las infecciones nosocomiales no reconocen fronteras y pueden aparecer en breve tiempo en otros países de la Región. Se debe mantener una especial atención sobre estas cepas de SARM, en particular sobre el clon conocido como cordobés/chileno, por la gran capacidad de diseminación que ha demostrado en Paraguay y otros países, donde ha desplazado a las cepas autóctonas. (Mayor L, Ortellado J, Menacho C, Lird G, Courtier C, Gardon C, et al. Molecular characterization of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolates collected in Asunción, Paraguay. *J Clin Microbiol.* 2007;45(7):2298–300.)

### Eficacia de la vacuna contra la gripe en adultos mayores que viven en la comunidad

La gripe continúa siendo una de las principales causas de morbilidad y mortalidad, especialmente entre los adultos mayores. Cada año, esta enfermedad y sus complicaciones son responsables de cerca de 186 000 ingresos hospitalarios por enfermedades respiratorias y cardiovasculares y de 44 000 muertes en este grupo de alto riesgo. Las vacunas contra la gripe son seguras y eficaces, y los adultos mayores se encuentran entre los grupos con mayor prioridad de vacunación.

Se necesitan estimados confiables de los beneficios de la vacunación para establecer políticas informadas de asignación de recursos para la vacunación y para identificar las necesidades de nuevas vacunas y de estrategias de prevención y control de la gripe en este grupo de la población. No obstante, la mayoría de los estudios que evalúan la eficacia de la vacunación contra la gripe en los adultos mayores se basan en una o unas pocas temporadas pico de gripe, por lo que sus resultados tienen un corto alcance. La gran variabilidad del virus de la gripe genera cambios en el comportamiento de la enfermedad y en la eficacia de las vacunas —ya sean favorables o desfavorables desde el punto de vista de la salud pública— y puede provocar que el cuadro derivado de esos estudios sea incompleto o totalmente desorientador a mediano y largo plazos. Además, la falta de consistencia en los resultados disponibles puede reducir las posibilidades de agruparlos apropiadamente en estudios aglutinadores.

En este estudio se examinaron los datos de eficacia de la vacunación contra la gripe entre 1990 y 2000 y se analizaron los posibles factores de sesgos y de confusión que pudieron afectar a los resultados.

Se agruparon los datos individuales de 18 cohortes de adultos mayores asociados con una organización de servicios de salud (HMO) de los Estados Unidos de América desde la temporada de 1990–1991 hasta la de 1999–2000 y de dos HMO desde la temporada de 1996–1997 hasta la de 1999–2000. Cada cohorte contempló los datos de más de 20 000 personas en cada una de las 10 temporadas estudiadas. Se empleó la regresión logística para estimar la eficacia de la vacunación en cuanto a evitar la hospitalización —por neumonía o gripe— y la muerte, después de ajustar por importantes covariables. Se analizaron los posibles sesgos y el efecto de factores residuales de confusión.

La observación abarcó un total de 713 872 personas-temporada. La mayoría de las enfermedades observadas tuvieron mayores prevalencias en el grupo vacunado que en el de personas sin vacunar. Se encontró una asociación significativa entre la vacunación contra la gripe y la reducción de 27% en el riesgo de hospitalización por neumonía o gripe (razón de posibilidades [*odds ratio*, OR] ajustada: 0,73; intervalo de confianza de 95% [IC95%]: 0,68 a 0,77) y de 48% en el riesgo de muerte (OR ajustada: 0,52; IC95%: 0,50 a 0,55). Los estimados se mantuvieron estables en todos los grupos de edad y subgrupos de riesgo. A pesar de la modelación del efecto de un hipotético factor de confusión no calculado, el análisis de sensibilidad reveló que no se observó una sobreestimación de los resultados obtenidos y se mantuvo la asociación significativa entre la vacunación y la reducción del riesgo de hospitalización y de muerte.

La cepa viral circulante que predominó en 6 de las 10 temporadas de gripe fue del tipo A/H3N2 (1991–1992, 1993–1994, 1996–1997, 1997–1998, 1998–1999 y 1999–2000), seguida de la cepa tipo B en una temporada (1990–1991), la combinación del tipo A/H3N2 y B en dos temporadas (1992–1993 y 1994–1995) y la combinación de los tipo A/H3N2 y A/H1N1 en una temporada (1995–1996). La correspondencia entre la cepa de vacunación y los tipos circulantes fue excelente en todas las temporadas, excepto en las de 1992–1993 y 1997–1998, cuando circularon variantes de la cepa A/H3N2.

En este estudio, la vacunación de adultos mayores que vivían en la comunidad contra la gripe durante 10 temporadas pico de esa enfermedad se asoció con una considerable reducción en el riesgo de hospitalización por neumonía o gripe y el riesgo de muerte. Estos resultados muestran una importante perspectiva de los beneficios de la vacunación de ese grupo de riesgo de la población, tomando en cuenta tanto la variabilidad anual observada como el comportamiento global a largo plazo.

El elevado número de personas analizadas permitió llegar a estimados de una elevada preci-