



XVI Congreso Colombiano de Parasitología y Medicina Tropical

Trabajos libres

Tema 1

PARASITISMO INTESTINAL

1. Prevalencia de parasitosis intestinales y factores relacionados, en varias poblaciones del oriente antioqueño

Lina Marcela Ortiz¹, Isabel Cristina Ospina², María Victoria Peláez³, Astrid Milena Zapata⁴, Carolina Botero⁵, Sor Milena Gómez⁶, Jennifer Restrepo⁷, Sigifredo Ospina¹

¹Centros Especializados San Vicente Fundación, Medellín, Colombia

²E.S.E. Hospital San Juan de Dios, Sonsón, Colombia

³Clínica San Juan de Dios, La Ceja, Colombia

⁴E.S.E. Hospital San Juan de Dios, Rionegro, Colombia

⁵E.S.E. Hospital San Juan de Dios, Marinilla, Colombia

⁶E.S.E. Hospital San Juan de Dios, El Santuario, Colombia

⁷Unidad Médica Integral, Marinilla, Colombia

Introducción. Las infecciones parasitarias se consideran un problema de salud pública. En Colombia, desde hace muchos años no se hacen estudios de población de parasitosis intestinales, por lo que se consideró importante determinar la prevalencia de este tipo de microorganismos y factores relacionados, en pacientes del oriente antioqueño.

Materiales y métodos. Se trata de un estudio descriptivo en pacientes a quienes se les estudió para parasitosis intestinales en siete hospitales del oriente de Antioquia (Colombia) entre septiembre y noviembre de 2014. Se consideraron variables sociodemográficas y microbiológicas. Se calcularon medidas de tendencia central, y valores absolutos y relativos. Se utilizaron como pruebas estadísticas la de ji al cuadrado y la t de Student, para relacionar las parasitosis y los factores sociodemográficos. Se contó con el permiso de las instituciones.

Resultados. Se estudiaron 424 pacientes, 52,5 % de sexo femenino, con edad promedio de 29 años.

La prevalencia general de parasitosis fue de 30,4 % y la prevalencia de parásitos patógenos fue de 8,7 %. Los parásitos más frecuentes fueron *Endolimax nana* (14,4 %), *Blastocystis hominis* (10,6 %) y *Entamoeba histolytica dispar* (5,4 %). El 22 % de los pacientes presentó un solo parásito, el 6,4 %, dos, y el 2 %, tres o más. La mayor prevalencia de parasitosis se presentó en Rionegro (40 %), seguido de El Santuario (48,7 %) y Marinilla (32,6 %). El 80 % de los pacientes residía en el área urbana; el 45 % pertenecía al estrato dos. El 78 % tenía acueducto de empresas públicas, el 15 %, acueducto de la vereda, y el resto, agua de nacimiento o pozo. El 96 % hacía disposición de excrementos en el sanitario, y el resto en letrina o al aire libre. No se encontró relación entre la prevalencia de parásitos intestinales y los factores sociodemográficos.

Conclusiones. La prevalencia de parásitos intestinales es menor que las reportadas en otros estudios en el país. Sin embargo, este estudio refleja altos índices de contaminación fecal y una proporción importante de parásitos patógenos.

..... ☼ ☼ ☼

2. Parasitosis intestinal en niños de 0 a 5 años de edad, inscritos en centros de atención integral ubicados en las comunas sur y nororiental del municipio de Florencia, Caquetá (Colombia)

Jessica Álvarez, Lina Bedoya, Tarin Lucero-Garzón

Centro de Investigación para la Biodiversidad Andino Amazónica, Programa de Biología,
Universidad de la Amazonia, Florencia, Colombia

Introducción. En Colombia, los menores entre cero y cinco años de edad (primera infancia) conforman actualmente el grupo en el cual se enfoca la estrategia gubernamental de atención integral. El bienestar de este grupo etario se afronta desde el reconocimiento de sus derechos de identidad, educación, nutrición y salud; en este último aspecto, tiene gran relevancia la determinación de las parasitosis intestinales, ya que estas se relacionan con las condiciones socioeconómicas y sociales, es decir, son un indicador del bienestar de los niños. El objetivo de este trabajo fue determinar la prevalencia de parasitosis intestinal en niños escolarizados de 0 a 5 años de edad, de las comunas sur y nororiental de Florencia, Caquetá, inscritos en sus centros de atención.

Materiales y métodos. Este estudio descriptivo transversal incluyó 124 muestras fecales recolectadas de igual número de niños, previa firma de un consentimiento informado. La presencia de parásitos intestinales se evaluó mediante examen coprológico directo y después de su concentración con la técnica de Ritchie-Frick. Los coccidios se identificaron por medio de la coloración de Kinyoun y en el análisis estadístico se utilizó Epidat®.

Resultados. La prevalencia de parasitosis fue de 85 % y su mayor frecuencia fue para los protozoos: *Giardia intestinalis* (49,6 %), *Blastocystis* spp. (43,4 %), *Endolimax nana* (28,5 %), *Entamoeba histolytica dispar* (17,3 %), *Entamoeba coli* (11,1 %) e *Iodamoeba bustchlii* (6,2 %). Con respecto a los coccidios, la frecuencia fue: *Cryptosporidium* sp. (23,5 %) y *Cystoisospora belli* (3,7 %), y para los helmintos, *Ascaris lumbricoides* (12,4 %) y *Uncinaria* sp. (1 %). El poliparasitismo fue de 53 %, con promedio de dos parásitos por muestra. La estimación de *Blastocystis* spp. en todos los casos superó los 10 parásitos por campo microscópico. Las condiciones de las viviendas eran buenas y había acceso a los servicios de saneamiento básico.

Conclusiones. La alta prevalencia observada es un indicador de las condiciones de higiene o la presencia de factores de riesgo, por lo que es perentoria la intervención de las entidades de salud de orden municipal que deben garantizar la desparasitación y el control integral. La presencia estimada de *Blastocystis* spp. sugiere estudios moleculares para describir las especies presentes en la población.

..... ☸☸☸

3. Estudio de parasitismo intestinal causado por coccidios en la población infantil en edad preescolar y escolar de la zona urbana del municipio de Chaguaní, Cundinamarca

Elizabeth Gutiérrez, Julio César Giraldo, Laura Alejandra Ricaurte, Andrea Milena Guatibonza

Grupo de Investigación en Parasitología y Microbiología Tropical, GIPAMT,
Programa de Biología, Universidad Incca de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Los coccidios son agentes parasitarios relevantes en la salud pública de la población infantil en los países en desarrollo, dado su carácter patógeno y oportunista en personas con inmunocompromiso; se manifiestan principalmente por diarrea profusa que conduce a estados de mala nutrición.

Objetivo. Determinar la prevalencia de coccidios y las posibles variables asociadas con esta parasitosis.

Materiales y métodos. Se trata de un estudio descriptivo de corte transversal en niños en edad preescolar y escolar de la zona urbana del municipio de Chaguaní, Cundinamarca. Se incluyeron 69 niños, cuyos padres asintieron participar voluntariamente en el estudio con la firma de un consentimiento informado y el diligenciamiento de una ficha epidemiológica estructurada. Se recolectó una muestra de materia fecal de cada

niño, la cual se procesó por la técnica modificada del Ziehl-Neelsen y se examinó microscópicamente con lectura de doble ciego; las estructuras se midieron con un ocular calibrado con micrómetro.

Resultados. De las 69 muestras evaluadas, 48 (69 %) presentaron, al menos, un agente etiológico, identificándose ooquistes de 4 a 6 µm de diámetro de *Cryptosporidium* spp. (37; 54 %), de 8 a 10 µm de *Cyclospora cayetanensis* (10; 14 %) y con morfología elipsoidal, mayores de 18 µm de longitud de *Cystoisospora belli* (1; 1 %). Para el análisis estadístico se empleó el programa IBM SPSS®, versión 21, hallándose significancia y

posible asociación para las variables cobertura de sistema médico subsidiado y asistencia a consulta médica mensual, por presentar un valor de p de 0,05 o menor y una razón de momios (*odds ratio*, OR) mayor de uno.

Discusión. La coccidiosis en la población infantil en edad preescolar y escolar de la zona urbana del municipio de Chaguaní es prevalente. Las tres especies mencionadas son importantes por su carácter de emergentes, en especial, en aquellas comunidades donde se presentan condiciones insatisfechas básicas y de saneamiento ambiental y una relación de transmisión por vía oro-fecal.



4. Estado nutricional y parasitismo intestinal en preescolares de un hogar infantil estatal en Popayán, Cauca, 2013

Nelson Fernando Sotelo¹, Miguel Eduardo Palechor¹, Andrés Felipe Calderón¹, Richard Montoya¹, Julieta B. Montero², Fabiola E. González³, Doris González⁴, Nancy D. Marín⁴, Luis Reynel Vásquez³

¹ Programa de Medicina, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

² Grupo de Hematología, Departamento de Medicina Interna, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

³ Centro de Estudios en Microbiología y Parasitología (CEMPA), Departamento de Medicina Interna, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

⁴ Grupo de Inmunología, Departamento de Patología, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

Introducción. El estado nutricional de la población infantil se ve afectado por diversos factores: condiciones del entorno, nivel socioeconómico y educativo, bajo peso al nacer, sexo, edad, lactancia materna inadecuada, aporte insuficiente de alimentos, higiene y saneamiento deficientes, enfermedades crónicas y enfermedades infecciosas como las parasitosis intestinales. En Colombia, se ha investigado el efecto del parasitismo intestinal sobre el crecimiento y el desarrollo de los niños. Sin embargo, es poco lo aportado en este tipo de investigaciones.

Objetivo. Determinar el estado nutricional, la anemia y la prevalencia del parasitismo intestinal en preescolares de un jardín infantil estatal en Popayán.

Materiales y métodos. Se llevó a cabo un estudio descriptivo con población infantil de un hogar infantil estatal. Se solicitó el consentimiento informado para recolectar 3 ml de sangre para

un hemograma completo y se hizo una encuesta asociada a la toma de mediciones antropométricas para determinar el estado nutricional. Se determinó la prevalencia de parasitismo intestinal. Se utilizó el paquete estadístico SPSS® 19 para el análisis estadístico.

Resultados. Participaron 228 niños de ambos sexos, 89 % de la zona urbana y 8 % del régimen vinculado. El 34,2 % presentó algún parásito intestinal y no se encontraron helmintos; 10,5 % presentaron *Giardia lamblia* y, 19,7 %, *Blastocystis* sp. Tan solo 42 % tenía un peso normal para la edad y solo cinco infantes presentaron anemia.

Conclusiones. La situación nutricional en la población vinculada al estudio no es grave y pudiera verse afectada positivamente por la ausencia de helmintos intestinales. Las campañas de desparasitación escolar y de suplementos nutricionales deben fundamentarse en estudios previos.



5. Epidemiología molecular de *Blastocystis* sp. en niños en edad escolar y sus mascotas caninas en Popayán, Cauca

Luis Reynel Vásquez¹, Juan David Ramírez², Myriam Consuelo López³, Julio C. Giraldo⁴,
Lina María Muñoz¹, Fabiola E. González¹, Lorena Mendoza⁵, Lorena Buitrón¹

¹ Centro de Estudios en Microbiología y Parasitología (CEMPA), Departamento de Medicina Interna, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

² Unidad Clínico-Molecular de Enfermedades Infecciosas, UCMEI, Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C. Colombia

³ Laboratorio de Parasitología, Departamento de Salud Pública, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C. Colombia

⁴ Grupo de Investigación en Parasitología y Microbiología Tropical, Universidad INCCA de Colombia, Bogotá, D.C. Colombia

⁵ Grupo de Inmunología y Enfermedades Infecciosas, GINIIN, Departamento de Patología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

Introducción. La blastocistosis es causada por *Blastocystis* sp., protozoo intestinal que afecta varios huéspedes vertebrados. En la población infantil colombiana fluctúa de 1 a 62 %, basándose en la observación directa de heces, y hay un desconocimiento total de los genotipos que se encuentran circulando en el Cauca.

Objetivo. Caracterizar molecularmente los subtipos de *Blastocystis* en muestras de heces provenientes de niños y perros de una comunidad en Popayán, Cauca.

Materiales y métodos. Se trata de un estudio descriptivo que se está desarrollando con población infantil entre los 12 y los 54 meses de edad, de un hogar infantil de la comuna 8. Se solicitó el consentimiento informado para recolectar heces y se hizo una encuesta; también, se recolectaron muestras fecales de los perros mantenidos como mascotas. Se hizo el examen directo de heces, y se utilizó el método modificado de Ritchie-Frick y la técnica de Kato-Katz. Se utilizará la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para amplificar

la subunidad ribosómica del gen *18S ADN* de *Blastocystis* sp. Los productos de amplificación serán secuenciados y comparados con secuencias de subtipos reportados previamente para hacer la caracterización molecular. Asimismo, se determinarán los alelos circulantes en cada una de las muestras con el fin de determinar circuitos epidemiológicos de transmisión. Se utilizará el paquete estadístico SPSS® 19 para el análisis.

Resultados. Hasta el momento han participado 129 infantes y el 40 % ha presentado *Blastocystis* sp.; solo se han encontrado tres pacientes con *Giardia lamblia* y, ninguno, con helmintos. Se han procesado heces de nueve mascotas que resultaron negativas para *Blastocystis* sp. Se encuentra pendiente practicar la PCR en las muestras positivas, para determinar el genotipo.

Conclusiones. La frecuencia de *Blastocystis* sp. fluctúa en el rango hallado para Colombia por microscopía. En las mascotas no se ha encontrado el parásito. Con este estudio se espera determinar por primera vez el genotipo en Popayán, Cauca.



6. Implementation of a multi-parallel real time polymerase chain reaction for the detection of nine intestinal parasites in Colombia

Juan David Ramírez¹, Cielo M. León¹, Angie Sánchez¹, Carolina Hernández¹, Carolina Flórez²,
María C. Bernal³, Julio C. Giraldo^{3,4}, Patricia Reyes⁴

¹ Grupo de Investigaciones Microbiológicas (GIMUR), Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia.

² Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

³ Universidad INCCA de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Laboratorio de Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introduction. Intestinal parasites represent a serious problem of public health especially in developing countries where these infections are endemic. One of the big issues regarding the management of this problem is the absence of sensitive diagnostic tools for the detection of these pathogens. Herein, we implemented a multi-parallel real time PCR assay (qPCR) for the detection of nine intestinal parasites (*Ascaris lumbricoides*, *Cryptosporidium parvum/hominis*, *Necator americanus*, *Ancylostoma duodenale*, *Strongyloides stercoralis*, *Giardia duodenalis*, *Entamoeba histolytica*, *Trichuris trichiura* and *Blastocystis* spp.).

Materials and methods. Fecal samples were collected from nine locations across Colombia from asymptomatic children ranging from 5 to 14 years old. The provinces sampled were Puerto Inírida, Guamo, Coyaima, Calarcá, Armenia, Bogotá, Soacha, Fómeque and Paipa. The samples were DNA-extracted and submitted to

a multiparallel qPCR and microscopy test. The concordance between the tests was measured by kappa index.

Results. We analyzed 256 stool samples from nine geographical regions in Colombia. We were able to detect DNA from *A. lumbricoides*, *C. parvum/hominis*, *N. americanus*, *A. duodenale*, *S. stercoralis*, *G. duodenalis*, *E. histolytica*, *T. trichiura* and *Blastocystis* spp. The comparison between microscopy and PCR showed that in overall the PCR was 10% more sensitive than microscopy for the detection of the 9 intestinal parasites. Lastly, when kappa index was considered, there was a lack of concordance with microscopy due to the low sensitivity that microscopy shows for the diagnosis of intestinal parasites compared to qPCR.

Conclusions. The results suggest the need to start implementing molecular diagnosis in endemic areas as recommended by the WHO and to persuade the governmental authorities to apply these tools in vulnerable populations.



7. Prevalencia de parásitos intestinales y genotipos circulantes de *Giardia intestinalis* en Santa Marta, Magdalena

Vivian Villalba-Vizcaíno¹, José Sánchez¹, Denisse Medina¹, Lyda Castro¹, Simone Cacciò²

¹ Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

² Istituto Superiore di Sanità, Roma, Italia

Introducción. Las parasitosis intestinales representan un problema de salud pública a nivel mundial. *Giardia intestinalis* es un protozoo frecuente y con potencial zoonótico.

Objetivo. Determinar la frecuencia de parasitosis intestinales y los genotipos circulantes de *G. intestinalis* en Santa Marta, donde los datos epidemiológicos sobre las parasitosis intestinales son escasos.

Materiales y métodos. Se seleccionaron individuos en forma aleatoria, residentes en barrios de diferentes comunas de Santa Marta. Cada participante respondió un cuestionario y entregó una muestra de heces, previa firma del consentimiento informado. Las heces fueron concentradas con dietil-éter y examinadas con lugol. Las muestras positivas para *G. intestinalis* se sometieron a purificación con sacarosa, ruptura de quistes por choque térmico-acción enzimática-efecto mecánico. Se extrajo el ADN con un kit

comercial y se amplificó por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) de genes específicos. Los datos se almacenaron en el programa SPSS® 22.0. Se hicieron análisis de estadística descriptiva y prueba de χ^2 , además del análisis de regresión para buscar los factores influyentes.

Resultados. Se incluyeron 77 participantes, pertenecientes a seis comunas de Santa Marta. La mayoría de las muestras provenía de las comunas 1 y 5. El examen microscópico fue positivo en 72,7 %. Solo el 22,1 % de los participantes manifestó síntomas gastrointestinales, más frecuentemente, dolor abdominal y diarrea. El parásito más frecuente fue *G. intestinalis* (48,1 %). En 46,7 % de los casos, la parasitosis fue mixta. La presencia de parásitos estuvo relacionada con el factor de servicios públicos ($p=0,001$). El tipo de parásito y la comuna de residencia fueron factores influyentes para presentar síntomas gastrointestinales ($p<0,05$). El ensamble A de *G. intestinalis* fue el genotipo presente.

Conclusiones. Este estudio demostró una gran prevalencia de parásitos gastrointestinales, especialmente protozoos. Además, demostró una fuerte

presencia de parasitosis mixtas, siendo *G. intestinalis* y *Entamoeba* spp. los parásitos predominantes. El ensamble A fue el genotipo presente de *G. intestinalis*.



8. Detección de coccidios por esporulación en niños de una comuna urbano-marginal, Florencia, Caquetá

Yineth Cruz-Cuéllar, Tarín Lucero-Garzón

Centro de Investigación para la Biodiversidad Andino-Amazónica, Programa de Biología,
Universidad de la Amazonia, Florencia, Colombia

Introducción. La presencia de parásitos oportunistas en los niños se ha relacionado con las condiciones socioeconómicas de poblaciones vulnerables y, el riesgo de presentar sintomatología, con el estado del sistema inmunológico de los individuos. En el laboratorio clínico los coccidios se identifican por sus ooquistes, en muestras extendidas y coloreadas con Kinyoun.

Objetivo. Determinar la presencia de coccidios en muestras fecales de menores de 0 a 5 años de edad, de la comuna sur de Florencia, Caquetá. Se utilizó la coloración de Kinyoun en muestras recién recolectadas y en extendidos coloreados después de la técnica de esporulación.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio descriptivo transversal de 92 muestras fecales recolectadas de igual número de niños, previa firma del consentimiento informado. La presencia

de los coccidios se determinó por observación directa y 14 días después de la esporulación, con bicromato de potasio al 2,5 %. El análisis estadístico se hizo mediante Epidat®.

Resultados. La prevalencia en muestras frescas fue de 19,56 % (18) para *Cryptosporidium* spp. y de 3,26 % (3) para *Cystoisospora belli*. El examen después de la esporulación concordó con la primera prueba en los pacientes positivos y solo se encontró una lámina positiva entre aquellos inicialmente negativos, o sea, que la detección de *Cryptosporidium* spp. se incrementó a 20,65 %.

Conclusiones. Aunque el montaje de la técnica de esporulación no es práctica en términos de tiempo y recursos, y la diferencia entre los dos análisis no es significativa estadísticamente, para el paciente en particular sí lo es.



9. Concordancia entre microscopía y PCR en tiempo real en el diagnóstico de *Giardia duodenalis* en indígenas menores de 15 años del Amazonas, Colombia

Angie Sánchez^{1,2}, Laura Segura¹, Natalia Gómez¹, Juan Tabares¹, Ángela Salazar¹, Cristian Restrepo¹, Miguel Ruiz¹, Patricia Reyes¹, Myriam Consuelo López¹, Carolina Hernández², Juan David Ramírez²

¹Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

²Grupo de Investigaciones Microbiológicas (GIMUR), Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Los estudios mediante técnicas basadas en el análisis de ADN de los parásitos intestinales, han permitido caracterizar su diversidad genética entre especies que comparten entre sí características morfológicas similares. Su diferenciación con técnicas convencionales como la microscopía no siempre es posible, lo cual deja ver la importancia de técnicas

moleculares como la reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (PCRq), que permiten identificarlas.

Objetivo. Comparar la microscopía con la PCRq en la identificación de *Giardia duodenalis*.

Materiales y métodos. Se emplearon 254 muestras de heces de pacientes provenientes de los

corregimientos de Puerto Nariño, San Juan del Soco, Villa Andrea y Nuevo Paraíso del departamento del Amazonas, para la identificación mediante microscopía y PCR en tiempo real (sistema TaqMan dirigido al 18S). Como control positivo, se empleó la cepa WB de *G. duodenalis* y, como control negativo, muestras de pacientes de zonas no endémicas previamente reportadas como negativas por microscopía. En el análisis estadístico se calculó el índice kappa de Cohen entre los resultados.

Resultados. Del total de muestras analizadas, se obtuvieron 54 (21,25 %) muestras positivas mediante microscopía y 167 (65,74 %) mediante PCRq. El índice kappa fue de 0,2, con un intervalo de confianza del 95 %, lo cual indica que el grado

de concordancia entre las dos técnicas empleadas fue bajo.

Conclusiones. Se observó una diferencia entre las frecuencias positivas frente al total de muestras analizadas entre las dos técnicas, reflejo de la alta sensibilidad de la PCRq con mayores tasas de detección. El uso de técnicas basadas en el análisis de ADN parasitario permite obtener datos más precisos frente a muestras negativas presentes en zonas con baja prevalencia. Además, como la giardiasis es una enfermedad ocasionada por un patógeno entérico que parasita a humanos y a animales domésticos y de vida silvestre, se puede garantizar el correcto diagnóstico y brindar información útil para conocer el estado epidemiológico de este parásito en la población y su potencial zoonótico.

..... ☸☸☸

10. Estudio de parasitismo intestinal en perros domésticos de la zona urbana del municipio de Chaguaní, Cundinamarca, y posibles variables asociadas

Laura Alejandra Ricaurte, Julio César Giraldo, Elizabeth Gutiérrez, Andrea Milena Guatibonza

Grupo de Investigación en Parasitología y Microbiología Tropical, GIPAMT,
Programa de Biología, Universidad Incca de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. El parasitismo intestinal canino causa serios problemas en la salud pública animal y humana, en especial, aquellos agentes etiológicos con carácter zoonótico.

Objetivo. Determinar la prevalencia del parasitismo intestinal canino en la zona urbana del municipio de Chaguaní (Cundinamarca) y las posibles variables asociadas.

Metodología. Se hizo un estudio descriptivo de corte transversal que incluyó todos los perros domésticos del área urbana del municipio, cuyos propietarios asintieron participar voluntariamente firmando un consentimiento informado y diligenciando una encuesta epidemiológica estructurada. A 59 animales se les tomó muestra de materia fecal de 3 a 5 g, por palpación rectal, la que se preservó en reactivo de mertiolate, yodo y formol al 5 %; posteriormente, se procesó con la técnica de concentración de formol éter. El examen microscópico se hizo por triplicado y con doble ciego.

Resultados. El 54 % (32/59) de los animales incluidos en el estudio presentaron, al menos, un tipo de parásito y 30 % fueron helmintos. Se distribuyeron así: *Toxocara canis* 3 (5 %), *Uncinarias* spp. 10 (17 %), *Strongyloides* spp. 7 (12 %), *Dipylidium caninum* 4 (7 %), y 17 (29 %) protozoos, 6 *Giardia* spp. (10 %) y 13 *Entamoeba* spp. (22 %). En el análisis estadístico se empleó el programa IBM SPSS®, versión 21, hallándose significancia estadística y posible asociación para las variables raza, finalidad de tenencia, tipo de alimentación, desparasitación y esquema de vacunación ($p \leq 0,05$; $OR > 1$).

Discusión. El parasitismo intestinal canino del área urbana del municipio de Chaguaní es prevalente. Se debe tener en cuenta que los agentes identificados afectan la salud pública humana, en especial, aquellos de carácter zoonótico que pueden ser transmitidos a la población infantil, como *T. canis*, *Uncinaria* spp., *S. stercoralis* y *Giardia* spp., entre otras razones, por ser los cánidos animales de compañía.

..... ☸☸☸

11. Prevalencia de parásitos intestinales en perros domésticos (*Canis lupus familiaris*) en el área urbana del municipio de Coyaima (Tolima)

Andrés Camilo González, Julio César Giraldo

Grupo de Investigación en Microbiología y Parasitología Tropical, GIMPAT,
Programa de Biología, Universidad INCCA de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Las enfermedades parasitarias son un problema de salud pública, causadas por agentes patógenos que afectan animales domésticos, por medio de los cuales pueden infectar humanos, principalmente en países ubicados en áreas tropicales.

Objetivo. Identificar los parásitos intestinales que afectan a perros domésticos de la zona urbana del municipio de Coyaima, así como determinar la prevalencia y las variables asociadas al parasitismo en el área de estudio.

Materiales y métodos. Se hizo un estudio descriptivo de corte transversal de febrero del 2011 a marzo del 2012. Se recolectaron muestras de 175 perros de la zona urbana del municipio de Coyaima, las cuales se procesaron mediante la técnica de concentración formol-éter (Ritchie-Frick) para el análisis cualitativo de huevos de helmintos y quistes de protozoarios. Los datos se tabularon

y analizaron con el programa estadístico SPSS®, versión 20.

Resultados. La prevalencia encontrada para el parasitismo intestinal canino en la zona urbana del municipio de Coyaima fue de 53,1 %. Estos resultados concuerdan con los de estudios similares en otros países latinoamericanos.

Conclusiones. La población canina de la zona urbana del municipio de Coyaima se encuentra muy afectada por parásitos intestinales. Los más prevalentes son *Ancylostoma* spp. (20,6 %), *Toxocara canis* (8,6 %), *Strongyloides* spp. (2,9 %), *Entamoeba* spp. (21,1 %), *Blastocystis* spp. (18,3 %) y *Giardia* spp. (16 %). Se recomienda implementar campañas de educación en la población en general y ejecutar acciones de prevención por parte de los estamentos responsables de la salud animal, dada la relevancia de los agentes etiológicos hallados por su carácter zoonótico.

..... ¶¶¶

12. Estudios preliminares de suplemento mineral para el control de parasitosis en animales ovinos en el trópico colombiano de altura

R. D. Torres, J. J. Vargas, G. Afanador

Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La infección por *Eimeria* spp. se manifiesta por diarrea.

Objetivo. Analizar el efecto del suplemento de cinc sobre la infección por *Eimeria* spp. y el peso corporal de corderos de las razas criollo y Hampshire.

Metodología. Un total de 64 animales, 16 hembras de cada raza, se distribuyeron al azar para recibir cuatro tratamientos: control, maíz, óxido de cinc y cinc quelado, en dos ciclos (verano e invierno). Cada grupo recibió un suplemento de 60 mg de cinc por kg de materia seca, a partir del tercer mes de gestación y durante la lactancia. Se hicieron conteos con la técnica de McMaster a los 14, 28, 42 y 56 días de edad. El resultado se transformó a logaritmo decimal (número de ooquistes + 1).

Además, se registró el peso corporal. El análisis se hizo con SAS® 9.2, proc. Glimmix, con una significancia menor de 0,05.

Resultados. En la raza criolla, la interacción ciclo por tratamiento del conteo fue significativa en el ciclo 2 para maíz en *pellets* y óxido de cinc ($1,76 \pm 0,37$ Vs. $2,74 \pm 0,32$; $p < 0,05$). La interacción ciclo por día ($p < 0,05$) fue menor en el día 14 en ambos ciclos ($1,01 \pm 0,29$ Vs. $0,24 \pm 0,26$), comparada a los 42 y 56 días de edad en el ciclo 1 y 2, respectivamente ($3,86 \pm 0,35$; $3,51 \pm 0,29$). La raza Hampshire presentó una interacción ciclo por día con un menor conteo en el día 14 del ciclo 2, comparado con el ciclo 1 ($0,83 \pm 0,27$ Vs. $3,32 \pm 0,26$; $p < 0,05$). El peso corporal fue menor con óxido de cinc, en el ciclo 2 ($6,76 \pm 0,41$) en la raza criollo, mientras que en la raza Hampshire fue

mayor en el ciclo 2, tratamiento con cinc quelado ($11,01 \pm 0,74$).

Conclusiones. La dinámica de conteo en corderos lactantes varía entre razas y el ciclo de invierno

presentó una respuesta al conteo de ooquistes con suplemento de maíz: raza criolla, mientras que el cinc quelado estimuló el peso corporal de la raza Hampshire.



13. Identificación de parásitos gastrointestinales en primates *Cebus albifrons*, *Ateles hybridus* y *Alouatta seniculus* en un bosque fragmentado en San Juan del Carare, Colombia

Silvia Rondón-Robayo, Andrés Link-Ospina, Mario Iván Ortiz, Camila González

Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La fragmentación de los bosques permite un mayor contacto entre humanos y primates no humanos, lo cual aumenta la posibilidad de transmisión de parásitos.

Objetivo. Evaluar la diversidad de parásitos gastrointestinales en primates *Cebus albifrons*, *Ateles hybridus* y *Alouatta seniculus*, en condiciones de fragmentación y pérdida del hábitat, lo cual es relevante en el estudio y el seguimiento del estado de salud de dichos primates.

Materiales y métodos. El muestreo se hizo en San Juan del Carare (06°43'N, 74°09' W). Se recolectaron 5 muestras de *A. hybridus*, 15 de *C. albifrons* y 10 de *A. seniculus*, las cuales se recogieron del suelo inmediatamente después de que los individuos defecaban, y se conservaron en formol y etanol al 96 %. Se tomó un frotis fecal directo con solución salina (0,85 %) y lugol (1 %), identificando larvas y huevos con base en su morfología. Además, se extrajo ADN mediante el kit QIAamp DNA stool, reacción en

cadena de la polimerasa (PCR) y electroforesis, para identificar *Plasmodium* spp., *Giardia* spp. y *Blastocystis hominis*.

Resultados. El 92,8 % de las muestras analizadas mediante frotis fecal, resultaron positivas para parásitos gastrointestinales. Se identificaron seis familias de nematodos: *Trichuridae*, *Trichostrongylidae*, *Oxyuridae*, *Strongyloididae*, *Ancylostomatidae* y *Ascarididae*; una familia de protozoos, *Entamoebidae*, y huevos de trematodos y acantocéfalos. Mediante secuenciación, se identificó *B. hominis*.

Conclusiones. Se encontraron diferencias en la diversidad y la prevalencia de parásitos en las tres especies de primates examinadas, probablemente debido a diferencias en su dieta y comportamiento. *Cebus albifrons* y *A. seniculus* presentaron mayor diversidad de parásitos, en comparación con *A. hybridus*. El filo Nematoda se encontró en las tres especies de primates y presentó la mayor prevalencia.



14. Prevalencia de fasciolosis en bóvidos faenados de la planta de beneficio municipal de Pamplona, Norte de Santander

Yesmit Karina Ríos-Ramírez¹, Luisa María Noguera¹, Yesenia Alejandra Medina¹, Alfredo Yáñez²

¹ Universidad de Santander, Cúcuta, Colombia

² Instituto Colombiano Agropecuario, ICA, seccional Norte de Santander, Cúcuta, Colombia

Introducción. La fasciolosis es una zoonosis causada por *Fasciola hepatica*, que afecta principalmente ganado vacuno y ovino, produciendo pérdidas económicas relacionadas con el acortamiento de la vida productiva del animal, el decomiso de hígados en las

plantas de beneficio, la disminución de la producción de carne y leche, la reducción del índice de fecundidad, el menor aprovechamiento del alimento y el aumento de los gastos de producción debido a medidas terapéuticas para contrarrestarla.

Objetivo. Determinar la prevalencia de fasciolosis en bóvidos faenados de la planta de beneficio del municipio de Pamplona, mediante métodos directos e inmunoenzimáticos, ya que las zonas de donde provienen los bóvidos presentan las características ambientales adecuadas para favorecer el ciclo del parásito en la región.

Materiales y métodos. Se registraron el sexo, el lugar de procedencia, la raza y la edad de 94 bóvidos faenados de la planta de beneficio de Pamplona. Se obtuvieron muestras de heces para coproanálisis con la técnica de Dennis, además de sueros para detectar anticuerpos por ELISA SVANOVIR® *F. hepatica*-Ab. Se calculó la prevalencia a partir de ambas técnicas y se aplicó la prueba de ji al cuadrado y el test de exactitud de Fisher, para determinar diferencias

significativas entre variables y técnicas usando GraphPad Prism 6.

Resultados. Mediante coproanálisis, se obtuvo una prevalencia de 10,6 % (10/94), mientras que 56,4 % de las reses presentaron anticuerpos. El mayor número de bóvidos positivos correspondió a la raza criolla (62,2 %) y el lugar de procedencia con mayor frecuencia de reses positivos fue Chitagá (51,0 %). Se encontraron diferencias estadísticas entre ambas pruebas usadas por el test de exactitud de Fisher ($p < 0,0001$).

Conclusiones. La gran prevalencia de fasciolosis encontrada en el presente estudio, permitirá hacer seguimiento a los bóvidos de la región, que lleve a controlar e implementar medidas para evitar pérdidas en los hatos de donde provienen las reses infectadas.



15. Incidencia de parásitos intestinales en niños de 1 a 9 años de edad en el departamento de Sucre

Lisbeth Meza, Rosmery Noriega, Pedro Blanco

Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. En poblaciones urbanas y periurbanas, la presencia, la persistencia y la diseminación de los parásitos intestinales se relacionan con los servicios básicos sanitarios, las características geográficas, los factores socioeconómicos, la educación y la cultura higiénica, sin distinción de edad o sexo, lo cual hace difícil su control en la población. El diagnóstico y la determinación de factores de riesgo asociados a la parasitosis intestinal constituyen una herramienta importante en el diseño de sistemas de control y prevención de enfermedades parasitarias.

Objetivo. Determinar la incidencia y los factores de riesgo asociados a las parasitosis intestinales en niños de 1 a 9 años de edad del departamento de Sucre.

Materiales y métodos. Por microscopía, se observaron las formas y estructuras parasitarias en muestras de heces de niños de tres municipios del departamento de Sucre. Se diligenció un formato en forma de encuesta con los padres o tutores, para determinar posibles factores de

riesgo. Por medio del *software* estadístico Epi-Info 7, se establecieron las variables asociadas a las enfermedades parasitarias.

Resultados. Se recolectaron 1.634 muestras de heces de niños de 1 a 9 años de edad, que asistieron a las diferentes escuelas de tres municipios del departamento de Sucre. Del total, 888 muestras resultaron positivas y 746 negativas, para estructuras parasitarias. *Giardia lamblia* fue el protozoo más frecuente y *Ascaris lumbricoides* fue el helminto más común en la población infantil. Los factores de riesgo que se encontraron asociados a la parasitosis de la población infantil, fueron el consumo de agua cruda, el hacinamiento en la vivienda, los hábitos higiénicos inadecuados y la falta de educación de los padres.

Conclusiones. Los resultados demuestran una alta incidencia de parasitosis intestinal en niños de 1 a 9 años de edad del departamento de Sucre y existen múltiples factores de riesgo que pueden estar determinando la infección.



16. Condición de parasitismo intestinal y factores asociados en el municipio de Coyaima, Tolima

María Consuelo Bernal, Andrea del Pilar Hurtado, Mayra Alvarado

Universidad INCCA de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. El parasitismo intestinal es problema de salud pública con impacto clínico y económico. Afecta la población más vulnerable y la menor de 15 años.

Objetivo. Evaluar la prevalencia, la intensidad de la infestación y los factores asociados, en menores de 15 años del municipio.

Materiales y métodos. Se hizo un estudio transversal. Se recolectaron muestras de materia fecal de 208 niños del área urbana y rural, con consentimiento previo de los padres, y se hizo una encuesta epidemiológica. Se determinó la intensidad de la infestación mediante la técnica de Kato-Katz, y se utilizó la técnica de Ritchie-Frick y la tinción modificada de Ziehl-Neelsen. Además, se hizo el análisis parasitológico del suelo. Se hizo el análisis estadístico univariado y bivariado SPSS® 17.0, con la prueba de ji al cuadrado y la razón de momios (*odds ratio*).

Resultados. La prevalencia general de las parasitosis fue de 96 % y la de helmintos de 25 %: *Ascaris lumbricoides* (13,9 %), *Trichuris trichiura* (5,8 %) y *Uncinaria* spp. (5,6 %). La intensidad de infestación fue baja. Los protozoos más prevalentes fueron *Giardia duodenalis* (41 %), *Blastocystis* spp. (86 %) y *Entamoeba coli* (48 %). La prevalencia fue mayor en el área rural que en la urbana: helmintos, 30,9 % y 22,9 %; *G. duodenalis*, 49,1 % y 39,6 %;

E. coli, 74,5 % y 38,6 %; *Cryptosporidium* spp., 23,6 % y 17 %, respectivamente.

En el análisis parasitológico de suelo se encontró 30 % de *Ascaris* sp. El 74,5 % de la población pertenecía al cabildo indígena. El saneamiento ambiental era deficiente, había excremento a campo abierto (27,4 %), aguas contaminadas cerca de las casas (59,6 %) y basuras cerca de las casas (57,7 %). En el área rural, el 96 % de la población obtenía agua mediante aljibe y se carecía de alcantarillado. Para tratar las parasitosis, el 12 % consumía productos naturales y predominaba el consumo de bencimidazoles. Se encontró asociación entre infestación por *G. duodenalis* y deficiente escolaridad de la madre ($p<0,05$) (OR=1,83) (IC_{95%} 1,049-3,2), e ingresos familiares inferiores a un salario mínimo legal ($p<0,05$) (OR=2,58) (IC_{95%} 1,19-5,62); además, asociación entre infestación por helmintos y piso de tierra ($p<0,05$) (OR=2,45) (IC_{95%} 1,082-5,56).

Conclusiones. La prevalencia de infestación por protozoos patógenos es mayor en el área rural. El helminto más prevalente fue *A. lumbricoides* (13,9 %).

Se requiere un diagnóstico específico para brindar un tratamiento adecuado y dotar de servicios públicos de calidad como política gubernamental y lograr procesos con participación comunitaria para mejorar las condiciones higiénicas y de saneamiento ambiental.

..... ☸☸☸

Tema 2

MICROBIOLOGÍA MÉDICA (BACTERIANA, FÚNGICA, PARASITARIA O VIRAL)

17. Uso del minisenekjie para el aislamiento de *Leishmania* spp. en muestras con bajas cargas parasitarias

Jimena Jojoa, Carlos Daza, María Adelaida Gómez

Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, CIDEIM, Cali, Colombia

Introducción. El aislamiento y la propagación de *Leishmania* spp. a partir de muestras con bajas cargas parasitarias, son poco eficientes. Se han desarrollado métodos de minicultivo basados en ambientes microaerófilos, bajas concentraciones de CO₂, concentración de nutrientes y suplementos.

Objetivo. Estandarizar un método de aislamiento y propagación de *Leishmania* spp. *in vitro* para usar en muestras con potenciales bajas cargas parasitarias.

Materiales y métodos. Se infectaron macrófagos de la línea celular THP-1 con *Leishmania* (V.) *panamensis* por 24 horas, a dosis infectivas de 50 a 50.000 promastigotes por 10⁶ macrófagos. Para la recuperación del parásito, los macrófagos fueron 'lisados' mecánicamente u osmóticamente y el producto se inoculó en minicultivo líquido RPMI-1640 15 % SFB, minisenekjie y cultivo convencional (medio bifásico Senekjie 3 ml). Se evaluó el desempeño del minisenekjie en muestras de lesiones de pacientes con leishmaniasis cutánea crónica (n=5), recurrente (n=3) o con fracaso terapéutico (n=2). Todos los cultivos fueron observados durante cuatro semanas y la propagación parasitaria se evaluó y registró por un sistema de cruces.

Resultados. La lisis osmótica y el cultivo en RPMI no favorecieron el crecimiento a partir de infecciones experimentales. La lisis mecánica y el medio minisenekjie permitieron el aislamiento de parásitos con infecciones de 50 parásitos por 10⁶ macrófagos, en ocho días, mostrando una propagación de crecimiento de dos y tres cruces, superior al cultivo convencional. Además, el cultivo minisenekjie mostró mayor eficiencia en la recuperación de cepas de pacientes crónicos (3/5), recurrentes (2/3) o con fracaso terapéutico (1/2), comparado con el cultivo convencional.

Conclusiones. Se desarrolló una estrategia de aislamiento y propagación de parásitos a partir de muestras con bajas cargas parasitarias, con una sensibilidad de 50 parásitos por 10⁶ macrófagos. El aislamiento de cepas a partir de pacientes con bajas cargas parasitarias es importante, ya que potencia la capacidad diagnóstica, permite acceder a poblaciones de parásitos asociadas a manifestaciones clínicas de difícil manejo y favorece la reducción de costos.

Financiado por Colciencias, contratos 252-2010 y 0234-2014.

..... ☙☙☙

18. Detección simultánea de virus del dengue y chikungunya por RT-PCR en pacientes con síndrome febril

Eliana P. Calvo, Jaime E. Castellanos

Laboratorio de Virología, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. El virus del dengue (DENV) y el virus del chikungunya (CHIKV) son los arbovirus que actualmente tienen mayor impacto en salud pública en Colombia. Los dos son transmitidos por los mismos vectores, lo cual permite su

cocirculación y coinfección. Los síntomas típicos de las infecciones son clínicamente indistinguibles; sin embargo, su resultado es diferente: la fiebre del chikungunya rara vez es fatal, aunque puede dejar secuelas articulares, principalmente, mientras que

el dengue es potencialmente fatal. Hoy en día, en el país no se hace un diagnóstico diferencial de estas infecciones, por lo que es necesario implementar un método de detección que permita identificar con precisión el agente causante de la enfermedad.

Objetivo. Implementar una prueba molecular para la detección simultánea de DENV y CHIKV en muestras clínicas.

Métodos. El ARN se extrajo a partir de 140 µl de plasma con el sistema QIAmp Viral RNA (Qiagen). A partir de 5 µl del ARN extraído y 0,2 µM de oligos específicos (DENV_{CM} y CHIKV_{E1.1}), se llevó a cabo la reacción de transcripción inversa y amplificación. Finalizada esta reacción, se tomaron 2 µl del amplicón como plantilla para una segunda ronda

de PCR con oligos específicos: DENV_C y CHIKV_{E1.2}. Los productos de la reacción se analizaron por electroforesis en gel de agarosa.

Resultados. Para estandarizar el protocolo, se utilizaron ocho muestras clínicas positivas para DENV (2 para cada serotipo), 8 positivas para CHIKV y 8 mezclas DENV-CHIKV. Una vez implementado, el protocolo se probó con 50 muestras clínicas de pacientes con síndrome febril, en las que se detectaron mono infecciones y coinfecciones.

Conclusión. El protocolo implementado permite la detección simultánea de los dos virus en una misma reacción de RT-PCR, con lo cual se puede hacer un diagnóstico diferencial en muestras clínicas de pacientes con síndrome febril.



19. Detección de un brote de casos asintomáticos de dengue en una muestra de voluntarios sanos de un municipio endémico de Colombia

Jaime E. Castellanos^{1,3}, Eliana Calvo^{1,3}, Carolina Coronel-Ruiz^{1,3}, Shirley Parra-Álvarez^{1,3}, María Goretti Castilla¹, Myriam Arévalo^{2,3}, Myriam Velandia-Romero

¹ Grupo de Virología, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C., Colombia

² Centro de Investigación Científica Cauceseco, Cali, Colombia

³ Red de Investigación Multidisciplinaria para la Prevención y Control de Enfermedades Transmitidas por Vectores

Introducción. El dengue es la enfermedad viral transmitida por mosquitos más importante en el mundo. Se caracteriza por presentarse con un amplio espectro de manifestaciones clínicas, desde infecciones asintomáticas hasta casos fatales. El diagnóstico y la notificación de los casos de dengue, se hacen en individuos que asisten a las instituciones de salud, pero los casos asintomáticos no se identifican ni se reportan al sistema de vigilancia epidemiológica.

Objetivo. Identificar casos asintomáticos de dengue en una muestra de voluntarios de un municipio endémico de Colombia.

Materiales y métodos. Es un estudio de corte transversal. Se incluyeron 55 individuos asintomáticos del grupo indígena woonan residentes en Villanueva (Quibdó), que aceptaron participar en el estudio “Seroprevalencia de malaria y dengue en Colombia”, a los que se les hizo el diagnóstico por serología (IgM, IgG indirecta, IgG de captura), detección de NS1, ARN de DENV e identificación del serotipo por RT-PCR.

Resultados. Los porcentajes de muestras positivas fueron: IgM (23,6 %), IgG indirecta (47,3 %) e IgG de captura (10,9 %). No se detectaron muestras positivas para NS1. El 49,1 % (n=26) resultaron positivas por RT-PCR, en las cuales se identificaron los serotipos DENV-2 (42,3 %) y DENV-3 (7,7 %), y el 50 % presentó coinfección, así: DENV-1/DENV-2 (11,5 %), DENV-3/DENV-4 (30,7 %), DENV-1/DENV-3/DENV-4 (3,8 %) y DENV-2/DENV-3/DENV-4 (3,8 %). El análisis exhaustivo de laboratorio permitió establecer el diagnóstico y clasificar las infecciones. De los 32 individuos en los que se encontró infección reciente o activa, 9,4 % presentaba infección primaria reciente, en 50 % se confirmó infección primaria en fase de viremia, en 9,4 %, infección secundaria reciente y, en 31,3 %, infección secundaria en fase de viremia.

Conclusiones. Este es el primer estudio en Colombia en el que se identifican infecciones y coinfecciones por DENV en población asintomática. Estas personas actúan como reservorios y favorecen la transmisión de la infección. Se requiere estudiar si existe resistencia natural a la enfermedad en este grupo de población.

20. Novedosa metodología de evaluación de viabilidad de *Mycobacterium leprae* en muestras de pacientes multibacilares tratados con TMD-OMS en el Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta de Bogotá, Colombia

Martha Inírida Guerrero, Claudia Lucía Colorado, Sandra Muvdi, Clara Inés León

Instituto Nacional de Dermatología "Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta", Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. *Mycobacterium leprae* se caracteriza por no poderse cultivar *in vitro*, lo cual es el mayor obstáculo para determinar la efectividad de los esquemas quimioterapéuticos. El desarrollo de fluorocromos que marcan diferencialmente bacterias viables y no viables, junto con la disponibilidad de herramientas automatizadas como la citometría de flujo, han posibilitado conocer la acción bactericida de los esquemas antileproso.

Objetivo. Cuantificar la viabilidad de *M. leprae* presente en muestras de linfa de pacientes multibacilares tratados con 12 y 24 dosis de TMD-OMS.

Materiales y métodos. Se hizo un estudio observacional analítico de corte transversal. Se incluyeron 21 pacientes que recibieron 12 dosis de TMD y 30 que recibieron 24 dosis en forma regular. A partir de muestras de líquido intersticial, se cuantificó el índice bacilar y la viabilidad de *M. leprae*, utilizando el estuche comercial LIVE/DEAD®BactLigth™ combinado con citometría de flujo, previa estandarización de todos los parámetros.

Resultados. Todos los pacientes que recibieron 12 dosis continuaron con índice bacilar positivo y 85,7 % de estos continuaron con bacilos viables; 14,3 % tenía bacilos no viables a pesar de que su baciloscopia continuaba positiva. El 80 % de los tratados con 24 dosis, continuaron con índice bacilar positivo y solo 56,7 % de ellos tenían bacilos viables. El 43,3 % tenía bacilos no viables, a pesar de que su baciloscopia continuaba positiva. Mediante análisis de diferencia de medias, se encontró que la viabilidad después de 12 y 24 dosis de TMD-OMS era diferente a favor del tratamiento de 24 dosis. La prueba t para diferencia de medias con un $p < 0,05$, fue significativa.

Conclusiones. La cuantificación de la viabilidad de los bacilos directamente en muestras de pacientes, nunca antes realizado, es una medida más objetiva que el índice bacilar para evaluar la eficacia del TMD-OMS, tomar decisiones sobre el tratamiento, finalizarlo o cambiar de esquema.



21. Circulación de bacterias del género *Rickettsia*, grupo de las fiebres manchadas, en el departamento de Sucre

Margaret Paternina-Gómez¹, Luis E. Paternina¹, Juan D. Rodas², Eduar Bejarano¹

¹ Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

² Grupo Centauro, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. No existen pruebas diagnósticas de fácil acceso durante la fase aguda de las fiebres manchadas, lo cual se convierte en un serio problema si se considera que la fiebre manchada causada por *Rickettsia rickettsii* puede ser fatal si no es tratada a tiempo. La sospecha clínica basada en la epidemiología se convierte en la mejor estrategia para un diagnóstico oportuno.

Objetivo. Establecer la seroprevalencia de *Rickettsia* spp. en poblaciones humanas de zonas rurales del departamento de Sucre, considerando lo anterior y que en este departamento son endémicas algunas enfermedades con sintomatología similar a la de las fiebres manchadas.

Materiales y métodos. El estudio se llevó a cabo en los municipios Sampués, Toluviéjo, Corozal, Sincelejo y San Marcos. Se tomó una muestra sanguínea a cada individuo, previo consentimiento informado, para practicar las pruebas serológicas de IFI y ELISA. A las muestras positivas, por cualquiera de las anteriores pruebas, se les extrajo el ADN y se hizo una reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para la detección y secuenciación de segmentos del genoma de *Rickettsia* spp. Se entrevistaron los participantes con el fin de recolectar datos demográficos e identificar factores asociados a la seropositividad. Finalmente, se evaluó el nivel de concordancia entre las pruebas ELISA e IFI mediante la prueba kappa.

Resultados. De 320 muestras evaluadas, 21 (6,6 %) fueron seropositivas por IFI y, 14 (4,3 %), por ELISA. Las pruebas presentaron un grado de concordancia bajo (0,126). Las personas seropositivas fueron, principalmente, adultos mayores ($p < 0,05$) que se dedicaban a la agricultura. Los ensayos moleculares permitieron amplificar un segmento del gen 17KDa de *Rickettsia* spp., en

una de las muestras. La secuenciación indicó que la bacteria infecciosa pertenecía al grupo de las fiebres manchadas.

Conclusiones. Se confirma la circulación de *Rickettsia* spp., grupo de las fiebres manchadas, en población humana de zonas rurales del departamento de Sucre.

..... ☞☞☞

22. Papel del diagnóstico por laboratorio en la confirmación de casos de dengue en individuos con síndrome febril

Carolina Coronel-Ruiz^{1,2}, Jaime E. Castellanos^{1,2}, Eliana Calvo^{1,2}, Sigrid Camacho^{1,2}, Shirley Parra^{1,2}, Jorge Hurtado¹, Syrley Velasco-Álvarez³, Myriam Velandia-Romero^{1,2}

¹Grupo de Virología, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C., Colombia

²Red de Investigación Multidisciplinaria para la Prevención y Control de Enfermedades Transmitidas por Vectores-Colciencias, Bogotá, D.C., Colombia

³Hospital Universitario de La Samaritana, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La confirmación por laboratorio de los casos de dengue en Colombia, se dificulta en las instituciones de salud, debido a que tradicionalmente se ha basado únicamente en el diagnóstico clínico y en la detección de anticuerpos IgM, mientras que las pruebas serológicas y virológicas solo se aplican en investigación.

Objetivo. Evaluar un algoritmo para el diagnóstico de laboratorio, que permita la detección y la clasificación de la infección por DENV.

Materiales y métodos. Se analizaron 469 muestras de suero de pacientes con síndrome febril, atendidos entre marzo y diciembre de 2014, en Girardot, Cundinamarca. Se hizo la evaluación clínica de los pacientes y se les tomó una muestra de sangre para el diagnóstico de la infección por DENV por inmunocromatografía (IgM/IgG Duo, Dengue Early Rapid), ELISA para detección de IgM, IgG (de captura e indirecta), NS1 y RT-PCR para la detección de ARN viral.

Resultados. Los hallazgos clínicos más frecuentes fueron: dolor a la palpación abdominal (59,4 %),

hepatomegalia (12,9 %), edema (10,9), alteraciones cardiopulmonares (9,9), ascitis (9,0) y alteración neurológica (5,2%). Los porcentajes de muestras positivas fueron: IgM (IC) 62,2 %, IgG (IC) 65,5 %, NS1 (IC) 31,9 %, IgM 61,6 %, IgG captura 50,7 %, NS1 38,6 %, y RT-PCR 45,4 %. Los serotipos identificados en las infecciones fueron: DENV-2 (65,2 %), DENV-1 (12,9 %), DENV-3 (5,2 %), DENV-4 (4,8 %) y coinfecciones (11,9 %). La información obtenida en el laboratorio se analizó en conjunto con la información clínica, estableciendo la confirmación de caso y clasificación según los criterios de la Organización Mundial de la Salud (OMS). Se confirmó el 85,7 % de los casos, correspondientes a dengue sin signos de alarma (24,7 %), dengue con signos de alarma (48,4 %) y dengue grave (12,6 %). El 14,3% fueron casos no confirmados (síndrome febril).

Conclusión. Los resultados obtenidos sugieren que el algoritmo evaluado aumenta el porcentaje de casos confirmados en el municipio de estudio. Se requiere evaluar su reproducibilidad en diferentes zonas geográficas para fortalecer el diagnóstico en Colombia.

..... ☞☞☞

23. Identificación de anticuerpos específicos contra los polimorfismos de los péptidos procedentes de proteínas ROP y derivados recombinantes de la proteína GRA6 de *Toxoplasma gondii* en pacientes con toxoplasmosis ocular y asintomática

Mónica Liliana Rincón, Néstor Iván Cardona, Jorge Enrique Gómez-Marín

Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

Introducción. *Toxoplasma gondii* es un parásito intracelular obligado que se encuentra en la mayoría de los animales de sangre caliente. El ser humano se infecta por consumo de agua contaminada, vegetales mal lavados y carne mal cocida, y desarrolla enfermedades de importancia clínica, como las oculares. Se cree que el tipo de cepa y su virulencia juegan un papel en la gravedad de esta enfermedad.

Objetivo. Identificar anticuerpos específicos contra los polimorfismos de los péptidos procedentes de proteínas ROP y los derivados recombinantes de la proteína GRA6 de *T. gondii*, en pacientes con toxoplasmosis ocular y asintomática.

Materiales y métodos. Los péptidos se identificaron a partir de proteínas descargadas de la base ToxoDB. Allí se hizo un BLAST con todas las cepas de *T. gondii* para las proteínas ROP1, ROP5 y ROP17. Posteriormente, se alinearon las secuencias usando MUSCLE y se identificaron las regiones polimorfas. Se determinaron las regiones proteicas que exhibían epítomos B, utilizando los factores predictores BCPRED Y BEPIPRED. A las regiones que eran polimorfas y que, además, fueran epítomos B, se les hizo un análisis con la matriz PAM250, y los polimorfismos que representaran el cambio más significativo se tuvieron en cuenta para determinar la región que se consideraría como péptido. Finalmente, se hizo un BLAST restringido

a *T. gondii* para saber si los péptidos seleccionados estaban presentes en otras proteínas del parásito. Los péptidos identificados y que cumplan con los parámetros metodológicos, serán sintetizados para hacer experimentos con muestras humanas; estos mismos ensayos se harán con los derivados recombinantes de la proteína GRA6 de *T. gondii*.

Resultados. Se han identificado dos péptidos polimorfos para la proteína ROP1 y en uno de ellos se evidenció una delección presente en las cepas ARI, ME49, VEG, COUG y CATPRC2, cinco péptidos de la proteína ROP5 y uno de la proteína ROP17. Los análisis con la matriz PAM250 demostraron que no todos los polimorfismos encontrados son significativos. Los péptidos encontrados hasta el momento no cumplen con los requisitos metodológicos, los cuales son: que los péptidos presenten polimorfismos que permitan diferenciar entre cepas de *T. gondii* y que estos sean epítomos B; que presenten valores negativos para la matriz PAM250; que las secuencias no presenten homología con otras proteínas de *T. gondii* que pudieran tener los mismos epítomos B, y que tengan un tamaño mínimo de seis aminoácidos.

Conclusión. La metodología bioinformática propuesta permitió determinar que las proteínas ROP: ROP1, ROP5 Y ROP17, no son adecuadas para diferenciar entre cepas de *T. gondii*.

..... ☙☙☙

24. Prevalencia de parásitos gastrointestinales en perros (*Canis familiaris*) de la vereda Barcelona, Villavicencio, Meta

Camilo López-Jiménez, Mónica Barrera-Beltrán, José Fernández-Manrique

Programa de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Escuela de Ciencias Animales, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales, Universidad de los Llanos, Villavicencio, Colombia

Introducción. Los perros son animales domésticos que las familias en las zonas urbanas y rurales vienen utilizando como mascotas, para trabajo o para diversión. Los helmintos y protozoos son parásitos gastrointestinales que afectan la sanidad de los cánidos; *Ancylostoma caninum* y *Toxocara*

canis son de importancia en salud pública dado su carácter zoonótico.

Materiales y métodos. La vereda Barcelona se ubica a 4° 04' 44.30" N, 73° 35' 19.44" W. A 467 msnm, con una temperatura media de 27 °C y humedad relativa de 80 %. Se hicieron una encuesta

y un censo canino, y previo consentimiento de los propietarios, se procedió a hacer el examen clínico. Las variables de sexo, raza, edad, alimentación, condición corporal y actividad, se consignaron en una ficha epidemiológica. Posteriormente, se tomaron del recto de los animales 50 g de materia fecal en un recipiente debidamente rotulado y refrigerado, y se trasladaron al Laboratorio de Parasitología de Unillanos. Se hizo el examen coprológico mediante la técnica de flotación de Sloss, y los huevos, quistes o larvas se identificaron morfológicamente. Las variables se analizaron mediante la estadística descriptiva y se utilizó la prueba χ^2 , para establecer la relación entre las variables.

Resultados. Se encontró en la vereda una población de 128 perros, 54 % machos y 46 % hembras, de los cuales se tomó una muestra de

36 perros. El 69,4 % eran machos y el 30,5 %, hembras. El 66,6 % estaba en un rango de 13 a 84 meses de edad, el 27,85 %, entre 1 y 12 meses, y el 5,55 %, de 85 meses en adelante. En el análisis parasitológico de las muestras tomadas (41,6 %), se presentaron una o varias especies de parásitos gastrointestinales. Se identificó *Uncinaria stenocephala* en 46,6 % de los casos, *Ancylostoma caninum*, en 46,6 %, y *Toxocara* spp., en 6,8 %.

Conclusiones. La tenencia de perros en la vereda Barcelona es un riesgo potencial para la comunidad desde el punto de vista de la salud pública, dada la presencia de parásitos como *A. caninum* y *T. canis*, a pesar de las frecuentes campañas de desparasitación realizadas por la Universidad en la zona, por lo cual se hace necesario revisar los planes de prevención y control.

..... ☸☸☸

25. Determinación de ectoparásitos en murciélagos (Mamalia: Chiroptera) de la Universidad de los Llanos, Villavicencio, Meta

Joseph Gil-Ayala, Johan Sebastián Bernal-Lizarazo, José Fernández-Manrique

Programa de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Escuela de Ciencias Animales, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales, Universidad de Los Llanos, Villavicencio, Colombia

Introducción. Los murciélagos se consideran el segundo orden de mamíferos más diverso. En Colombia, se han reportado alrededor de 134 especies en nueve familias. Son los únicos mamíferos voladores de importancia en la dinámica de los ecosistemas del trópico, por su papel en la dispersión de semillas.

Materiales y métodos. La vereda Barcelona se ubica a 4° 04' 44.30" N, 73° 35' 19.44" W. A 467 msnm, con una temperatura media de 27 °C y humedad relativa del 80 %. El régimen de precipitación en el municipio se caracteriza por presentar un período lluvioso entre los meses de abril a noviembre y un período seco entre los meses de diciembre a marzo. En el área de estudio se instalaron cuatro estaciones de muestreo compuestas por cuatro mallas de niebla, en un horario de 5 p.m. a 10 p.m. Las mallas se revisaron cada 20 minutos. Los especímenes atrapados fueron restringidos en bolsa de tela y trasladados al Laboratorio de Parasitología, en donde se realizó

restricción física manual, biometría y revisión externa. Se tomaron muestras de ectoparásitos, las cuales se introdujeron en viales con alcohol al 70 %, para su clasificación mediante claves taxonómicas. Se elaboró una base de datos en Excel y las variables se analizaron mediante la estadística descriptiva.

Resultados. Se capturaron 33 individuos pertenecientes a cinco géneros y tres especies. El género más abundante fue *Artibeus* (43 %), seguido de *Carollia* (40 %), *Sturnira* (7%), *Phyllostomus* (7%) y *Myotis* (3%). Se identificaron 15 especies de dípteros, con predominio de *Trichobius joblingi* (27%) y *Trichobius parasiticus* (18%), y una especie de ácaro, correspondiente a *Neonyssus columbae* (9%).

Conclusiones. Los quirópteros más frecuentes en la vereda Barcelona pertenecen al género *Carollia*, de importancia en la dispersión de material genético vegetal para el piedemonte llanero.

..... ☸☸☸

26. Endoparásitos en murciélagos (Mamalia: Chiroptera) de la Universidad de los Llanos, Villavicencio, Meta

Johan Sebastián Bernal-Lizarazo, Joseph Gil-Ayala, José Fernández-Manrique

Programa de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Escuela de Ciencias Animales, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales, Universidad de Los Llanos, Villavicencio, Colombia

Introducción. Los murciélagos juegan un papel importante en la dinámica de los ecosistemas debido a sus diversos hábitos alimentarios. En Colombia, se han reportado alrededor de 134 especies en nueve familias. Son los únicos mamíferos voladores que contribuyen en la dispersión de semillas y material genético vegetal.

Materiales y métodos. La vereda Barcelona se ubica a 4° 04' 44.30" N, 73° 35' 19.44" W. A 467 msnm, con una temperatura media de 27 °C y humedad relativa del 80 %, El régimen de precipitación en el municipio se caracteriza por presentar un período lluvioso entre los meses de abril a noviembre y un período seco entre los meses de diciembre a marzo. En el área de estudio se instalaron cuatro estaciones de muestreo compuestas por cuatro mallas de niebla, en un horario de 5 p.m. a 10 p.m. Las mallas se revisaron cada 20 minutos. Los especímenes atrapados fueron restringidos en bolsa de tela y trasladados al Laboratorio de Parasitología, en donde se realizó restricción física

manual, biometría y revisión externa. Se tomaron muestras de materia fecal en viales con formol en tampón y, posteriormente, se hizo un frotis para observar al microscopio huevos, quistes o larvas y su clasificación morfológica. Se elaboró una base de datos en Excel y las variables se analizaron mediante la estadística descriptiva.

Resultados. Se capturaron 33 individuos pertenecientes a cinco géneros y tres especies. El género más abundante fue *Artibeus* (43 %), seguido de *Carollia* (40 %), *Sturnira* (7 %), *Phyllostomus* (7 %) y *Myotis* (3 %). Se identificaron huevos de *Ancylostoma* spp. en el 23 % de los especímenes analizados y huevos de ácaros en 13 % de las muestras analizadas.

Conclusiones. Los quirópteros más frecuentes en la vereda Barcelona pertenecen al género *Carollia*, de importancia en la dispersión de material genético vegetal y como indicadores de biodiversidad para el piedemonte llanero.



27. Reporte preliminar de hemoparásitos en babillas (*Caiman crocodilus crocodilus*) (Linnaeus, 1758) de la Universidad de los Llanos

Julián Felipe Rodríguez, Nicolás Leguizamón-Rincón, Camilo Andrés Villamil-Gómez, Ricardo Murillo-Pacheco, José Fernández-Manrique

Programa de Medicina Veterinaria, Escuela de Ciencias Animales, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de los Llanos, Villavicencio, Colombia

Introducción. La babilla (*Caiman crocodilus crocodilus*) es una de las especies más pequeñas y abundantes del orden Crocodylia en Suramérica y, en especial, en la Orinoquia colombiana. Vive en ambientes acuáticos de aguas tranquilas o corrientes lentas por debajo de los 1.000 msnm. La Universidad de los Llanos cuenta con un sistema de dos humedales y varios estanques para cría de cachamas (*Colossoma macropomun*) y tilapias (*Oreochromis* sp.), donde esta especie encuentra el ecosistema y el alimento para subsistir y desarrollarse.

Objetivo. Describir los hemoparásitos presentes en dos babillas (*Caiman crocodilus crocodilus*) en la Universidad de los Llanos.

Materiales y métodos. La Universidad de los Llanos se encuentra en la vereda Barcelona del municipio de Villavicencio, a 467 msnm, con un clima cálido húmedo, con una temperatura promedio de 32 °C, precipitación de 4.300 mm al año y una humedad relativa del 80 %. Se utilizaron siete babillas, cinco atrapadas en los estanques de la Universidad y dos suministradas por Cormacarena para el curso de profundización

en especies silvestres dentro del Convenio Unillanos-Cormacarena. Se les practicó examen clínico y morfometría; mediante restricción física, los especímenes fueron valorados, y sus variables y medidas se consignaron en la historia clínica individual. Se tomaron 5 ml de sangre para hemograma y se estudió un frotis con tinción de Wright.

Resultados. La población de babillas estudiada incluyó seis hembras y un macho, que se encontraron en un estado sanitario aceptable y

dentro de los parámetros establecidos para la especie. En las muestras de frotis de sangre de una hembra y un macho, se observaron gamontes de *Hepatozoon caimani*.

Conclusiones. Se documentó la presencia de *H. caimani* en dos babillas (*Caiman crocodilus crocodilus*) de Villavicencio (Meta), igualmente reportado en otros países, como Perú y Costa Rica, de importancia para la sanidad animal en los zoológicos, zocriaderos y centros de rehabilitación de fauna silvestre en Colombia.

..... ☸☸☸

28. Infección por hantavirus en pacientes de Villavicencio, Colombia

Liliana Sánchez¹, Salim Máttar², Islay Rodríguez³, Derly Rodríguez¹, Vaneza Tique²

¹ Universidad Cooperativa de Colombia, Villavicencio, Colombia

² Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

³ Instituto de Medicina Tropical “Pedro Kouri”, La Habana, Cuba

Introducción. Los hantavirus son un gran grupo de virus ARN pertenecientes a la familia Bunyaviridae. Los reservorios son roedores que son asintomáticos y que excretan los virus en su orina, saliva y heces. Existen cerca de 22 especies de hantavirus patógenos para el ser humano, que pueden causar fiebre hemorrágica con síndrome renal, observada en Asia, Europa y África, y el síndrome pulmonar, observado en América. El síndrome pulmonar por hantavirus fue identificado por primera vez en 1993, durante un brote del virus “sin nombre” en Estados Unidos. Los síntomas de la enfermedad están caracterizados por los efectos directos del virus en el endotelio, así como por la inmunopatología causada por la activación del sistema inmunológico. Los síntomas más comunes del síndrome pulmonar por hantavirus son: infiltrados intersticiales pulmonares, tos, compromiso cardiorrespiratorio, fiebre, escalofríos, dolor muscular, cefalalgia y dificultad respiratoria, acompañados de trombocitopenia.

Materiales y métodos. Con el fin de conocer la incidencia de la infección por hantavirus en el municipio de Villavicencio, se llevó a cabo un estudio de tipo descriptivo prospectivo. Se recolectaron 100 sueros pareados de mayo de 2013 a junio de 2014, de pacientes que acudieron al Hospital Departamental con fiebre de 38 °C o más por un máximo de siete días, acompañada de alguno de los siguientes signos y síntomas: dolor de cabeza, mialgias, artralgias, dolor abdominal, dolor ocular, náuseas, vómito, disnea o exantema. A todos los sueros se les practicaron las pruebas de microaglutinación para *Leptospira* spp., ELISA IgG e IgM para dengue, gota gruesa para malaria y ELISA IgG para hantavirus.

Resultados. Tres pacientes presentaron seroconversión de IgG, confirmándose serológicamente los casos de infección por hantavirus.

Conclusión. Este es el primer reporte de infección por hantavirus en el municipio de Villavicencio, información de gran importancia para la salud pública colombiana y el personal médico.

..... ☸☸☸

29. Detección molecular de *Trypanosoma cruzi* en armadillos de cuatro departamentos de Colombia

Cándida Díaz¹, Yizeth Bogotá¹, Susana Caballero², Mariana Renzo², Felipe Guhl¹

¹ Centro de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Tropical, CIMPAT, Universidad de los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

² Laboratorio de Ecología Molecular de Vertebrados Acuáticos, Universidad de los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. *Trypanosoma cruzi* es el agente etiológico de la enfermedad de Chagas, una antroponosis sistémica distribuida en Latinoamérica, que afecta actualmente a más de 10 millones de personas y que representa un problema de salud pública. El ciclo doméstico comprende humanos, mamíferos domésticos y triatomínicos domiciliados, mientras que el ciclo silvestre incluye triatomínicos y mamíferos silvestres. Los armadillos han sido reportados como reservorios de *T. cruzi* y, por tanto, constituyen un riesgo importante para la infección humana. Estos animales son cazados por comunidades indígenas de la Orinoquia colombiana, que los utilizan como fuente alimentaria, para aprovechamiento de sus partes y con fines medicinales.

Objetivo. Detección de *T. cruzi* en armadillos de cuatro departamentos de Colombia (Casanare, Vichada, Meta y Guaviare).

Materiales y métodos. El ADN se extrajo a partir de alícuotas de 25 g de muestra de tejido, mediante el UltraClean Tissue & Cells DNA Isolation Kit[®], y

300 µl de muestras de sangre con solución de lisis, mediante el High Pure PCR Template Preparation Kit[®]. Mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), se amplificó por duplicado la región del minicírculo del cinetoplasto de *T. cruzi*, obteniéndose un fragmento de 330 pb, utilizando los iniciadores 121/122. Los productos de la PCR se analizaron por electroforesis en gel de agarosa al 2 % y se visualizaron con GelRed[™].

Resultados. Se analizaron 104 muestras, de las cuales el 16,3 % presentaba infección por *T. cruzi*. Los porcentajes de infección, por departamento, fueron: 22,5 % en Casanare, 21 % en Vichada, 13,3 % en Meta y 8,6 % en Guaviare.

Conclusiones. Se corroboraron las tasas de infección de armadillos de otros reportes de América Latina. Esto supone un riesgo para la infección humana, tanto por la infección de triatomínicos de zonas domésticas, como por el contacto directo de las comunidades indígenas con estos reservorios, lo que contribuye a la transmisión oral del parásito.



30. Evaluación bibliométrica de la producción científica de la literatura sobre la infección por el virus Mayaro

Alfonso J. Rodríguez-Morales, Jaime A. Cardona-Ospina, Juan E. Bedoya-Arias, Andrés Mauricio Patiño-Barbosa

Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

Introducción. El virus Mayaro (MAYV) es un arbovirus de la familia Togavirus, transmitido principalmente por mosquitos *Haemagogus* en ciclos selváticos y, también, por *Aedes* en ciclos rurales, suburbanos y particularmente en áreas urbanas. Actualmente, el virus está nuevamente emergiendo, particularmente en la región amazónica de Brasil, y diversos estudios sobre la detección molecular de MAYV sugieren que algunas arbovirosis pueden circular silenciosamente durante los brotes de

dengue. A pesar de esto, la investigación sobre MAYV no ha sido significativamente grande durante más de medio siglo, desde su descubrimiento.

Materiales y métodos. Se hizo un estudio bibliométrico en tres bases de datos: Medline, Scopus y Science Citation Index (SCI), caracterizando la producción científica sobre el virus Mayaro en el mundo. Se determinaron la cantidad, la calidad (número de citaciones) y los tipos de estudios

elaborados por cada país, caracterizándolos por años, cooperación internacional, ciudad e institución de origen de la publicación, revista de publicación y autores (con su H-index) y grupos con mayor contribución.

Resultados. Usando SCI, se recuperaron 113 artículos, hasta junio de 2015: 52,21 % de Brasil, 20,35 % de los Estados Unidos, y 7,96 % de Perú. En Scopus, se encontraron 351 artículos (28,49 % de los EE.UU., 26,78 % de Brasil y 9,97 % de Francia). En Medline se recuperaron 121 artículos (44,63 % de Brasil, 14,05 % de los

Estados Unidos, y 4,13 % de Australia). Aunque MAYV fue descrito en Trinidad y Tobago, solo 3,99 % de los artículos en Scopus y 0,83 % en Medline son de este país.

Discusión. De esta manera, con los estudios bibliométricos en enfermedades infecciosas de importancia en salud pública, no solo se correlacionan las necesidades de investigación en ciertas condiciones, como la infección por MAYV, sino que, también, se proporciona una visión general precisa de la producción científica en el tiempo y su impacto futuro.

..... ☸☸☸

31. Reporte de caso de *Prosthenoorchis* sp. en un mono ardilla *Saimiri sciureus* (Linnaeus, 1758) en Villavicencio, Meta

Camilo Andrés Díaz-Arias, Jorge Andrés Cuan-Barrera, Ricardo Murillo-Pacheco, José Fernández-Manrique

Programa de Medicina Veterinaria, Escuela de Ciencias Animales, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de los Llanos, Villavicencio, Colombia

Introducción. El mono ardilla *Saimiri sciureus* (Linnaeus, 1758) es un primate silvestre que viene siendo utilizado por la comunidad como mascota. Se encuentra distribuido en las regiones de las selvas tropicales de Sudamérica, está incluido en el Apéndice II de CITES y su estado de amenaza es de preocupación menor IUCN, 2013.

Objetivo. Describir un caso de *Prosthenoorchis* sp. en un mono ardilla *Saimiri sciureus* (Linnaeus, 1758) atendido en la línea de profundización de medicina de especies silvestres del programa de Medicina Veterinaria de la Universidad de los Llanos.

Materiales y métodos. La reseña del animal se registró en la historia clínica; se practicaron el examen físico y la toma de muestras de sangre por venopunción, y se obtuvo muestra de materia fecal para examen coproparasitológico y radiografía de la parte caudal de la cola. En la necropsia se tomaron muestras de tejidos para estudio de histopatología.

Resultados. El caso corresponde a un ejemplar de *S. sciureus* (Linnaeus, 1758) que ingresó al

grupo, entregado voluntariamente por su cuidador. Al examen clínico llamaba la atención su mal estado general, la debilidad, el comportamiento 'improntado' (sic.), la necrosis de la piel y la posterior mutilación del tercio posterior de la cola. Presentaba deshidratación, anemia y choque séptico, y murió. En el examen coprológico se observaron huevos de parásitos que morfológicamente correspondían a *Prosthenoorchis* sp. En el examen macroscópico de la necropsia se encontraron nódulos granulomatosos en el pulmón y en la mucosa del ciego; igualmente, se extrajo un parásito de 5 cm de longitud, el cual se clasificó por su morfología como un acantocéfalo perteneciente al género *Prosthenoorchis* sp.

Conclusiones. Se documentó la presencia del acantocéfalo *Prosthenoorchis* sp. en el mono ardilla *S. sciureus* (Linnaeus, 1758) en Villavicencio (Meta). Esta especie se ha reportado en varias partes del país y es de importancia para la sanidad animal de los primates en los zoológicos y los centros de rehabilitación de fauna silvestre en Colombia.

..... ☸☸☸

32. Caracterización taxonómica y limnológica de caracoles huéspedes de trematodos de importancia en salud pública, en el municipio de Silvia, Cauca, Colombia

Ninfa A. Fernandez¹, Luis Reynel Vásquez¹, Hildier Zamora², Luz Elena Velázquez³

¹ Centro de Estudios en Microbiología y Parasitología (CEMPA), Departamento de Medicina Interna, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

² Grupo de Estudios en Recursos Hidrobiológicos Continentales, Instituto de Postgrado, Facultad Ciencias Naturales, Exactas y de la Educación, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

³ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET), Laboratorio de Moluscos Vectores, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. En Colombia, son pocos los estudios ecológicos sobre las poblaciones de moluscos de importancia médico-veterinaria, con énfasis en las especies huéspedes de trematodos.

Objetivo. Determinar las especies de moluscos de importancia en salud pública presentes en los ecosistemas dulceacuícolas.

Materiales y métodos. En Silvia, Cauca, se muestrearon tres cuerpos de agua dulce, dos estaciones por sitio y dos muestreos por año, que abarcaron tanto el período de máximas y mínimas lluvias, utilizando el método de captura por unidad de esfuerzo para recolecta de los moluscos. Su identificación se basó en las características morfológicas y en técnicas moleculares en algunos ejemplares. El análisis se hizo con SPSS 15®.

Resultados. Se identificaron seis especies de moluscos. En la época de menor precipitación, hubo mayor cantidad de ejemplares que se recolectaron en los sitios Manchay y Michambe. En Agoyán se presentó un patrón diferente, con mayor abundancia de las especies *L. columella* y *Aroapyrgus colombiensis* en el período de máximas lluvias. Las especies huéspedes intermediarias de fasciolosis se hallaron en los tres sitios de muestreo, y *Lymnaea* sp. estuvo presente solo en Michambe. En los tres sitios, la especie que predominó fue *Physa acuta*.

Conclusiones. Silvia (Cauca) posee poca diversidad y riqueza de moluscos dulceacuícolas, de los cuales tres son huéspedes intermediarios y potenciales para la transmisión de trematodos de importancia en salud pública, como *Fasciola hepatica* y *Paragonimus* spp. Existe una estrecha relación entre la malacofauna fluvial y los microhábitats.



33. Primera descripción de *Candida nivariensis* en Latinoamérica, utilidad de métodos bioquímicos, proteómicos y moleculares en la identificación de las especies crípticas del complejo *Candida glabrata*

Soraya Morales-López¹, Constanza Taverna¹, María Bosco-Borgeat¹, Ivanna Maldonado², Guillermo García-Effron³, Susana Córdoba¹

¹ Departamento de Micología, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas –INEI “Dr. Carlos G. Malbrán”, Buenos Aires, Argentina

² Laboratorio Domecq y Lafage, Buenos Aires, Argentina

³ Laboratorio de Micología y Diagnóstico Molecular, Universidad Nacional del Litoral, Santa Fe, Argentina

Introducción. *Candida nivariensis* y *C. bracarensis* son especies crípticas de *C. glabrata*, no identificables por la mayoría de los métodos fenotípicos..

Objetivo. Evaluar la utilidad del CHROMagar *Candida*, pruebas bioquímicas, MALDI-TOF y PCR, para la identificación de estas especies crípticas.

Metodología. Se incluyeron 117 cepas identificadas fenotípicamente como *C. glabrata*, ingresadas de 1984 a 2013 al Departamento Micología

del INEI “Dr. C. Malbrán”. La identificación fenotípica se hizo mediante CHROMagar y macrométodo de pruebas bioquímicas. La identificación por espectrometría de masas se hizo por extracción en placa con ácido fórmico al 70 % (MALDI-TOF Bruker Microflex LT, Biotyper 3.1). Por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) se amplificó el gen *RPL31*, que permite discriminar entre las especies crípticas según el tamaño del amplicón.

Resultados. Tres cepas presentaron colonias blancas en CHROMagar y, 114, colonias lila. Todas las cepas se identificaron como *C. glabrata* por el método bioquímico. Por PCR y MALDI-TOF, se identificaron 114 cepas como *C. glabrata* y tres como *C. nivariensis*. Para confirmar la identificación de *C. nivariensis*, se secuenciaron las regiones ITS1-5.8S-ITS2 y los dominios D1/D2 del segmento 28S.

Conclusiones. La PCR y la espectrometría de masas permitieron identificar *C. nivariensis*,

mientras que esto no fue posible con las pruebas bioquímicas. Las cepas blancas en CHROMagar identificadas como *C. glabrata*, coincidieron con las identificadas como *C. nivariensis* por los otros métodos, lo cual demuestra que el CHROMagar puede ser utilizado para tamización. Estos resultados demuestran la circulación de *C. nivariensis* en Argentina. Dos cepas de 1996 (distintos pacientes) son, en nuestro conocimiento, los primeros aislamientos de esta especie en Latinoamérica.

..... ☞☞☞

Tema 3

SISTEMAS DE SALUD Y ATENCIÓN DE ENFERMEDADES TROPICALES

34. Resultados de intervenciones integradas para reducir el ausentismo escolar por diarrea y dengue en escuelas rurales del municipio de Apulo, Cundinamarca

Sandra Lucía Vargas^{1,2}, Laura Cabezas¹, Juan Felipe Jaramillo¹, Víctor Alberto Olano¹

¹ Instituto de Salud y Ambiente, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C., Colombia

² Facultad de Medicina, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La diarrea y el dengue son problemas de salud pública. Tienen en común las prácticas inadecuadas en el almacenamiento de agua para el consumo, que pueden ser un factor de riesgo para ambas enfermedades, por la contaminación microbiológica del agua y por proporcionar criaderos del mosquito transmisor del dengue.

Objetivo. Determinar si un conjunto de intervenciones integradas implementadas en las instituciones educativas rurales del municipio de Apulo, reducían las tasas de ausentismo escolar global, por enfermedad y por diarrea antes y después de la intervención.

Materiales y métodos. Es un estudio cuasiexperimental, antes y después de la intervención, en el cual participaron 350 estudiantes de 14 instituciones rurales. Se implementó un conjunto de intervenciones para la prevención de las dos enfermedades, diarrea y dengue: para la diarrea, instalación de filtros, lavado y tapado de tanques de agua para consumo y prácticas de higiene; para el dengue, tapado de tanques y albercas y manejo de los residuos sólidos. Se registró el ausentismo escolar por cualquier motivo, por enfermedad y por diarrea.

Resultados. Después de las intervenciones, se observó una reducción significativa en las tasas de episodios de ausentismo escolar global: episodios por niño por año, antes, 11,9 Vs. después, 3,9 ($p=0,0000$); por enfermedad, episodios por niño por año, antes, 3,8 Vs. Después, 2,6 ($p=0,0000$); y por diarrea, (episodios por niño por año: antes, 0,33 Vs. Después, 0,16) ($p=0,021$). No hubo diferencias significativas en las tasas de ausentismo por dengue.

Conclusiones. En este estudio se evaluó un paquete de intervenciones integradas para la prevención de la diarrea y el dengue, observándose una reducción significativa en las tasas de ausentismo por diarrea después de las intervenciones. Sin embargo, no se pueden establecer asociaciones causales por limitaciones del tipo de estudio experimental sin grupo control. Se recomienda continuar evaluando intervenciones integrales, pero con diseños experimentales más sólidos.

Este estudio fue financiado por la Universidad El Bosque y la Fundación Lazos de Calandaima, con el apoyo de la alcaldía de Apulo.

..... ☸☸☸

35. Evaluación de las estructuras y procesos aplicados en la vigilancia de la leptospirosis humana en Barranquilla en el periodo 2007-2010

Pedro Arango^{1,2}, Martha Peñuela¹, Claudia M. Romero-Vivas²

¹ Grupo de Investigación Proyecto Uni-Barranquilla, Departamento de Salud Pública, Universidad del Norte, Barranquilla, Colombia

² Grupo de Investigaciones en Enfermedades Tropicales, Departamento de Medicina, Universidad del Norte, Barranquilla, Colombia

Introducción. La leptospirosis es una enfermedad zoonótica presente en Colombia y endémica

en Barranquilla. Esta enfermedad está dentro del Sistema Nacional de Vigilancia de Salud

Pública, que orienta la toma de decisiones para la prevención, el seguimiento y la evaluación de las intervenciones que tienden a la protección de la salud individual y colectiva de la población.

Materiales y métodos. Para evaluar la vigilancia de la leptospirosis humana en Barranquilla, se combinó el modelo de Donabedian para la evaluación de estructuras y procesos, con el modelo de evaluación de los sistemas de vigilancia del Departamento de Servicios Humanos y de Salud de los Estados Unidos, mediante el uso de encuestas y grupos focales.

Resultados. En la estructura de las Unidades Primarias Generadoras de Datos (UPDG), la responsabilidad de vigilancia de la enfermedad la tiene el personal de enfermería (75 %), 65 % del cual pertenece a la planta de las administradoras de salud. El 82 % de las UPDG tienen instalado el

software Sivigila. Para el cuatrienio 2007-2010, la notificación alcanzó un incremento de alrededor de cinco veces (5,3 %, 6,9 %, 15,2 % y 23,6 % para cada año, respectivamente). La oportunidad en la notificación en la mayoría de las UPDG es baja (6 %). Menos de la mitad de las UPDG hacen control de calidad a las pruebas de laboratorio (47,1 %) o acciones de búsqueda activa institucional de casos probables (47,2 %). El 100 % de los laboratorios no hacen prueba confirmatoria de la enfermedad. Existe la necesidad sentida de capacitación por parte de los sectores de vigilancia.

Conclusión. La política pública en salud establecida en los lineamientos nacionales, no se cumple por parte de los entes involucrados en su ejecución, seguimiento y evaluación, lo cual repercute en la deficiencia del seguimiento de protocolos de manejo y diagnósticos del Instituto Nacional de Salud.



36. Estrategias para mejorar la calidad de atención de pacientes con dengue o chikungunya en el departamento de Arauca

Lizeth Johana Pérez, Ludwin Andrés Cuervo, Rosalba Bastos, Edgar Contreras

Unidad Administrativa Especial de Salud de Arauca, Arauca, Colombia

Introducción. El departamento de Arauca es endémico para enfermedades transmitidas por vectores. Presenta transmisión hiperendémica y mesoendémica de dengue y chikungunya. Además, presenta frecuente rotación de profesionales de la salud, lo cual constituye un riesgo en el abordaje integral de estas enfermedades; esta situación puede derivarse de los escasos conocimientos adquiridos durante su proceso de formación y experiencia. Por lo anterior, el departamento de Arauca inició un proceso de fortalecimiento de la atención de casos, de la inteligencia epidemiológica y de la gestión de conocimiento, para generar estrategias que mejoren el conocimiento y el desempeño de los profesionales.

Materiales y métodos. Desde 2013, se viene realizando un proceso de inducción y capacitación de los profesionales de la salud del departamento y de los que ingresan al servicio social obligatorio, que incluye una evaluación, y que permite identificar el nivel de conocimientos de estos profesionales. A partir de estos resultados, se diseñó una serie de estrategias dirigidas a mejorar la atención integral de los pacientes.

Resultados. El grupo de profesionales de la salud del departamento presentó un nivel de conocimientos de 69,5 %, en comparación con 50,5 % de los profesionales de la salud que ingresan al servicio social obligatorio; se evidenció falta de conocimientos sobre la historia natural de la enfermedad, la clasificación de los casos, el manejo terapéutico y la notificación al sistema de vigilancia.

Conclusiones. Según estos resultados, se sugiere ajustes de contenidos e intensidad en los procesos de formación de profesionales de la salud en enfermedades tropicales. Se deben desarrollar estrategias que permitan mejorar la atención integral de casos, reducir la letalidad y fortalecer la vigilancia epidemiológica, mediante estrategias como plan de medios para trabajadores en salud, aplicaciones móviles, investigaciones *E-health*, desarrollo de una plataforma *E-learning* e implementación del talonario de seguimiento a pacientes con síndrome febril agudo, las cuales se vienen desarrollando en el departamento de Arauca.



37. Evaluación de una regla de predicción operada con telefonía móvil para la detección oportuna y la remisión precoz de casos de leishmaniasis cutánea en comunidades rurales de Colombia

Mabel Castillo¹, Lina Hurtado², Álvaro Martínez³, Luisa Rubiano⁴, Carlos A. Rojas², Elena del Corral²

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM), Cali, Colombia

² Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³ Universidad ICESI, Cali, Colombia

⁴ Instituto Departamental de Salud de Nariño, Pasto, Colombia

Introducción. El control de la leishmaniasis cutánea en Colombia está limitado a la detección pasiva de casos. Las poblaciones de áreas rurales tienen poco o ningún acceso a la atención médica. Los dispositivos móviles ofrecen oportunidades para la adaptación de herramientas que facilitan procesos en entornos complejos, ofreciendo soluciones para dificultades en diferentes áreas. La regla de predicción clínica, como herramienta de diagnóstico presuntivo validada en los años 90, permite aproximar al examinador a un diagnóstico de leishmaniasis cutánea, con seis variables sencillas. La fusión de una regla de predicción clínica en una aplicación de teléfono celular, permitiría un mejoramiento en el diagnóstico de esta enfermedad en áreas rurales, con una buena sensibilidad.

Materiales y métodos. Se hizo una adaptación de la regla de predicción clínica a teléfonos móviles, para ser usada por líderes de la comunidad y personal de salud de las áreas endémicas. Se evaluó la detección de nuevos casos por los líderes y la certeza diagnóstica. Se determinó el comportamiento de las variables evaluadas, las cuales fueron validadas en investigaciones anteriores.

Resultados. Se han evaluado, hasta el momento, 80 pacientes con lesiones sugestivas de leishmaniasis con la regla de predicción clínica adaptada al dispositivo móvil, por seis líderes comunitarios de tres zonas rurales de Tumaco y cuatro personas del equipo clínico de CIDEIM (Tumaco). Después de cinco meses de trabajo, el 95 % (76/80) ya tuvo acceso a exámenes diagnósticos y a 85,5 % (65/76) se les confirmó parasitológicamente el diagnóstico de leishmaniasis cutánea. Los pacientes verdaderos negativos (11/76) tendrán la posibilidad de ser evaluados por vía de la telemedicina por médicos dermatólogos, para tener un diagnóstico definitivo. El uso por parte de líderes comunitarios y de personal de salud, ha sido fácil, y el entendimiento del concepto de predicción, diagnóstico y comportamiento de la enfermedad, muy bien captado.

Conclusiones. El uso de herramientas móviles, combinado con reglas clínicas sencillas y validadas, tiene una gran oportunidad de ser evaluado en entornos comunitarios rurales, para mejorar la detección de casos de leishmaniasis cutánea y el acceso al tratamiento en forma oportuna.

Financiado por Colciencias, código-222956934763.

..... ☸☸☸

38. Utilidad del examen citoquímico de orina en el diagnóstico y la atención del paciente con malaria

Alberto Tobón-Castaño, Sebastián Barrera, Cecilia Giraldo

Universidad de Antioquia, Facultad de Medicina, Grupo Malaria, Medellín, Colombia

Introducción. El diagnóstico de las complicaciones clínicas de la malaria requiere exámenes de laboratorio que demoran la adecuada atención. El examen citoquímico de orina puede guiar el diagnóstico.

Objetivo. Analizar la utilidad del examen citoquímico de orina en función del estado clínico y explorar su utilidad en la identificación de lesión grave.

Materiales y métodos. Se analizó la información clínica y de laboratorio de pacientes con malaria, obtenida en estudios analíticos. Se empleó la tirilla para análisis de orina Multistix Bayer® y el estado clínico se valoró según los criterios de la Organización Mundial de la Salud (OMS) y del Ministerio de Salud de Colombia para malaria complicada. Se hizo el análisis estadístico descriptivo, incluyendo

las pruebas de normalidad, la de ji al cuadrado de Pearson para proporciones y la U de Mann-Whitney para comparación de medianas.

Resultados. Se analizó el examen citoquímico de orina de 620 pacientes con malaria, procedentes del Urabá antioqueño (42 %), del Pacífico (51 %), del Bajo Cauca (4 %), del Urabá chocoano (1,0 %) y del Alto Sinú (2 %); la infección fue por *Plasmodium falciparum* en 419 (68 %), por *P. vivax* en 187 (30 %) y mixta en 14 (2 %). Las anormalidades en el examen citoquímico incluyeron: nitritos (3,4 %) y leucocitos (6,9 %); 96,6 % tuvo pH normal (pH 4,8-7,4) y, 3,4%, pH básico (mayor de 7,4). Hubo bilirrubinurias en 22,7 %; urobilinógeno en 16,7 %; cetonas en 9 %; glucosa en 14 pacientes, de los

cuales 9 presentaron algún criterio de malaria grave (OR=4,4; IC_{95%} 1,4-13,2); proteínas en 39,1 %; y hemoglobinuria o hematuria en 30,2 %. La densidad específica estaba aumentada en 2 %.

Conclusiones. Las alteraciones más frecuentes fueron presencia de bilirrubina, urobilinógeno o proteínas y el aumento de la densidad; se asociaron con compromiso hepático, renal, trombocitopenia grave y alteración neurológica.

El examen citoquímico de orina es de gran utilidad para reconocer lesiones orgánicas y sus alteraciones se asocian con malaria complicada, lo que lo convierten en una herramienta útil para la valoración clínica.

..... ☸ ☸ ☸

39. Riesgo de infección con *Trypanosoma cruzi* en donaciones de sangre en Colombia entre 1995 y 2010

Maritza Berrío-Pérez^{1,2}, Marlly Rojas-Ortiz², María Isabel Bermúdez-Forero^{1,2}, Gina Gómez-Ochoa^{1,2}, Paula Andrea Gardeazábal-Acuña^{1,2}, Liliana Hilarión-Gaitán^{1,2}, Mauricio Beltrán-Durán^{1,2}

¹ Coordinación Red Nacional de Bancos de Sangre y Servicios de Transfusión, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

² Red Chagas Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La enfermedad de Chagas es un importante problema de salud pública y de gran interés en casos de transfusión sanguínea. Por esta razón, desde 1995 se hizo obligatoria la tamización para detectar anticuerpos contra *Trypanosoma cruzi* en las unidades de sangre obtenidas en nuestro país (Resolución 1738).

Objetivo. Determinar el riesgo de infección por no hacer la tamización para anticuerpos contra *T. cruzi* en las donaciones de sangre.

Materiales y métodos. Se desarrolló un estudio observacional descriptivo retrospectivo para determinar el riesgo de infectividad por la falta de tamización de anticuerpos contra *T. cruzi* en donaciones de sangre, discriminado por departamento y año, entre 1995 y 2010. Se analizó la información remitida al sistema de información de la Red Nacional de Bancos de Sangre, por los bancos de sangre y los laboratorios departamentales de salud pública.

Resultados. En Colombia, se recolectaron 7'961.711 unidades de sangre en el periodo analizado; de estas, 7'758.368 (97,4 %) fueron tamizadas para detectar anticuerpos contra *T. cruzi* y 47,543 (0,61 %) resultaron reactivas. Las restantes 203.343 unidades no fueron tamizadas. En Casanare, se hizo tamización en todas las unidades captadas en el periodo; en los demás departamentos se tamizaron entre el 93,3 % y el 99,9 %. El menor porcentaje de tamización se presentó en los departamentos de Boyacá (93,30 %), Risaralda (95,85 %) y Nariño (95,55 %). A nivel nacional, la proporción de capacidad acumulada de infección por 10.000 donaciones no tamizadas, fue de 31,3. Los departamentos de Boyacá (83,0), Meta (70,8) y Magdalena (62,3) cuentan con las tasas de infección más altas.

Conclusiones. De acuerdo con los hallazgos obtenidos, se ratifica la importancia de la tamización universal para *T. cruzi* en el país, con el fin de disminuir el riesgo de infección por transfusiones.

..... ☸ ☸ ☸

Tema 4

CIENCIAS SOCIALES Y SALUD

40. Acercamiento y análisis etnográfico de los conocimientos, actitudes y prácticas en un foco endémico de leishmaniasis cutánea, en cuatro municipios del departamento de Caldas

Sandra Patiño, Horacio Cadena, Iván Darío Vélez

Universidad de Antioquia, Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET), Medellín, Colombia

Introducción. En Colombia, la leishmaniasis se considera un problema de salud pública. Durante décadas se han implementado programas de control que, frecuentemente, no han contemplado características socioculturales, económicas y socio-demográficas. El estudio se hace en el marco de un proyecto de corte epidemiológico, en convenio con Isagén. Se presentan resultados parciales sobre los conocimientos, actitudes y prácticas frente a la leishmaniasis, en la zona rural de Norcasia, Marquetalia, Victoria y Samaná, en Caldas.

Materiales y métodos. Se utilizaron herramientas cualitativas con enfoque etnográfico: 47 entrevistas semiestructuradas, tres conversaciones informales, guía de observación y cuantitativa, y 66 encuestas domiciliarias. Se siguió el protocolo de ética para la recolección de datos: consentimiento informado, grabación de audios y anonimato.

Resultados. Aunque las veredas son cercanas geográfica y culturalmente, hay diferencias respecto a las prácticas de autocuidado frente al vector (como uso del toldillo), los tratamientos alternativos (como curandería) y los remedios caseros con plantas locales o químicos (ácido de batería, amoniaco).

Sin embargo, hay similitudes en el desconocimiento del vector, pues saben que la enfermedad es transmitida por un “mosquito llamado pito”, pero no lo conocen y lo asocian con aguas acumuladas. Coinciden en señalar la relación entre el embalse y el aumento de la presencia del vector, sustentados en el conocimiento local sobre el vínculo entre el agua y el insecto. Finalmente, las oleadas de violencia y el desplazamiento generaron deterioros infraestructurales de viviendas o construcciones en precarias condiciones, facilitándose mayor exposición al vector.

Conclusiones. Hay factores de riesgo que hacen más vulnerables a estas poblaciones, destacándose los socioculturales y económicos: bajos ingresos salariales, deficiencias infraestructurales de viviendas asociadas a problemas de violencia y pobreza, bajo nivel de escolaridad y uso de tratamientos alternativos. Los principales factores estructurales radican en la poca presencia estatal y el desplazamiento forzado, lo que amplía la brecha en el acceso a la atención en salud, haciendo aún más complejo el contexto de la enfermedad en las poblaciones vulnerables.



41. Estudio etnobotánico de plantas medicinales con potencial actividad antimicrobiana comercializadas en mercados populares de Bogotá

María Consuelo Bernal, Sara Emilia Giraldo, Adriana Morales

Universidad Nacional Abierta y a Distancia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. En nuestras comunidades, las plazas de mercado promueven un conocimiento etnobotánico que puede generar fuentes naturales con potencial

terapéutico. Se ha demostrado el uso tradicional de plantas medicinales promisorias para el tratamiento de enfermedades infecciosas y parasitarias.

Objetivo. Describir el uso tradicional de nueve plantas en los mercados populares de Bogotá y, además, reconocer posibles prácticas inadecuadas de su uso.

Materiales y métodos. Es un estudio descriptivo de corte transversal, exploratorio y participativo. Se visitaron ocho plazas de mercado de Bogotá. La información se recopiló mediante entrevista semiestructurada aplicada a 22 informantes, y se obtuvieron variables demográficas e información etnobotánica sobre el uso tradicional antimicrobiano de nueve plantas medicinales seleccionadas de un estudio exploratorio preliminar.

Resultados. Entre los usos tradicionales como antimicrobianos, se destacaron los siguientes: el paico (*Dysphania ambrosioides* L.), para “lombrices” (77,0 %); la sanguinaria, para “diarrea y lombrices” (36,0 %); la hierbabuena (*Mentha piperita* L.) (27,0%) y el toronjil (*Melissa officinalis* L.) (23,0 %), para “diarrea”; la flor de Jamaica (*Hibiscus sabdariffa* L.), para “diarrea, sarpullido y gripa” (27,0 %); la caléndula (*Calendula officinalis* L.), para “sarpullido” (23,0 %), y la albahaca (*Ocimum*

americanum L.), para “fiebre, dolor de garganta y gripa” (23,0 %). Resalta el valor del uso tradicional que hace la comunidad del paico, la sanguinaria y la flor de Jamaica, por no encontrarse en el “Vademécum colombiano de plantas medicinales”. Para las restantes plantas medicinales, los usos otorgados por su actividad antimicrobiana no son aún reconocidos en el vademécum dentro de sus indicaciones farmacológicas. Como posibles prácticas inadecuadas durante su consumo, se destacan las siguientes contraindicaciones y precauciones: embarazo y lactancia para la hierbabuena, la albahaca y el anamú (*Petiveria alliacea*); el consumo con alcohol para el toronjil. Entre los efectos adversos, se anotan irritación e hipersensibilidad por el uso externo de la caléndula.

Conclusiones. Se describió el uso etnobotánico de nueve plantas medicinales en los mercados populares de Bogotá, resaltándose el uso tradicional antimicrobiano de *D. ambrosioides*, *M. piperita* y “sanguinaria”. Deben considerarse las contraindicaciones, las precauciones y los efectos adversos, para su uso adecuado en la comunidad.

..... ☸ ☸ ☸

Tema 5

SISTEMAS DE INFORMACIÓN GEOGRÁFICA EN EL ESTUDIO Y EN EL CONTROL DE LAS ENFERMEDADES TROPICALES

42. Potential distribution of Chagas' disease vectors (Hemiptera: Reduviidae: Triatominae) in Colombia, based on ecological niche modeling

Laura Suárez, Sebastián González, Gabriel Parra-Henao

Red Chagas Colombia, Jardín Botánico de Medellín y Universidad CES, Medellín, Colombia

Introduction. Studies aimed at modeling ecological niche allow to establish the risk of transmission of *Trypanosoma cruzi* and provide recommendations on the prevention, control and monitoring by health authorities.

Materials and methods. We estimated geographical distribution of triatomine species in Colombia and identified the relationship between landscape structure and climatic factors influencing their occurrence. A total of 2,451 records of 4 triatomine species were analyzed: *Panstrongylus geniculatus*, *Rhodnius pallescens*, *Rhodnius prolixus*

and *Triatoma maculata*. The ecologic niche was modeled in MaxEnt.

Results. The variables that provide more information to the models were those related with precipitation, altitude and temperature. We found that the species with the broadest potential geographic distribution were *P. geniculatus* and *R. pallescens*.

Conclusions. In general, the models predicted a highest occurrence probability in the eastern and western slopes of the eastern Andes and towards the northern region of Magdalena valley.



43. Geographical and ecological distribution of *Triatoma dimidiata* (Latreille, 1811) in Colombia

Gabriel Parra-Henao, Nicolás Jaramillo, Lisardo Osorio, Víctor Angulo

Red Chagas Colombia, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introduction. *Triatoma dimidiata* is the second most important vector of Chagas' disease in Colombia. It is found in different environments, including urban and periurban areas.

Objective. To determine the geographical and ecological distribution and house infestation indexes of *T. dimidiata* over its range and hence Chagas' disease transmission risk.

Materials and methods. From November, 2006, to June, 2008, we carried out field work in 8 departments, 18 municipalities and 44 rural villages covering most of known distribution of *T. dimidiata* and all of its ecological zones in the country.

Results. In Colombia *T. dimidiata* is a species that occupies a wide variety of ecosystems, from

transformed ecosystems in the Andean biome with shrub and xerofitic vegetation to very dense forests in the humid tropical forests in the Sierra Nevada of Santa Marta.

Conclusions. According to genetic and ecological criteria, at least two *T. dimidiata* populations of this species are present in the country, the population of the east region (Andean mountains) presents a complex distributional pattern including sylvatic, peridomestic and domiciliated ecotopes, and occupying a great variety of life zones and due to his frequent intrusions to houses is of epidemiological importance due to the demonstrated migration and genetic flow between individuals of the three habitats. Control of this population must take into account its enormous variation and the diversity of its habitat.

44. Distribución espacial de áreas con posibilidades de propagación del vector *Aedes*, transmisor del virus del dengue y del chikungunya en el departamento de Nariño, 2015

Franco Montenegro-Coral, Nadia Vallejo

Universidad Cooperativa de Colombia y Universidad de Nariño, Pasto, Colombia

Introducción. Las enfermedades febriles virales transmitidas por vectores continúan siendo un reto global para la salud pública. El dengue es la enfermedad arboviral más importante del planeta, con más de 390 millones de personas infectadas y unas 20.000 muertes anuales, y el chikungunya está ocasionando una gran epidemia en las Américas, con más de dos millones de casos en lo corrido del 2015.

Objetivo. Determinar la distribución espacial de áreas con posibilidades de propagación del vector *Aedes*, transmisor del virus del dengue y del chikungunya en el departamento de Nariño, mediante la aplicación de herramientas de sistemas de información geográfica.

Materiales y métodos. Se utilizó el modelado cartográfico para analizar simultáneamente las características espaciales y temáticas de la información geoespacial, mediante un cruce de información geoespacial de las variables ambientales y epidemiológicas con la localización geográfica, utilizando las herramientas de geoprocetamiento y de análisis espacial del

software ArcGis 10.2, obteniéndose un mapa de la distribución espacial de áreas con posibilidades de propagación del vector *Aedes*.

Resultados. Veintinueve municipios ubicados a menos de 2.200 msnm presentaron afectación por el vector; de ellos, aquellos con porcentajes de afectación muy altos (superiores a 80 %), fueron: El Charco, Olaya Herrera, La Tola, Mosquera y Santa Bárbara, en la subregión Sanquianga; Tumaco y Francisco Pizarro, en la subregión Pacífico sur; Barbacoas, Roberto Payán y Magui Payán, en la subregión Telembí; Los Andes, Leiva, El Rosario, Policarpa y Cumbitara, en la subregión cordillera.

Conclusiones. Se estableció que los municipios situados en altitudes inferiores a 2.200 msnm tienen un área estimada de 1'793.478 m² que equivale al 59,60 % del departamento de Nariño, donde más de la mitad del territorio está expuesto a una posible propagación del vector del dengue y del chikungunya, debido a las favorables condiciones ambientales (temperatura, precipitación y humedad relativa), que determinan en alto grado la distribución espacial del vector en el departamento.

..... ☸☸☸

Tema 6

MEDIO AMBIENTE Y SALUD

45. Contaminación ambiental por parásitos de importancia sanitaria en la arena de playas turísticas de Cartagena, Bolívar, 2012-2014

Marina Morales¹, Venancio Esquivia², Irina Tirado-Ballestas³

¹ Universidad de San Buenaventura, Cartagena, Colombia

² Universidad del Sinú, Cartagena, Colombia

³ Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia

Introducción. El contacto con la arena de playa contaminada constituye un factor de riesgo potencial para la transmisión de infestaciones por parásitos helmintos.

Objetivo. Valorar la contaminación ambiental por parásitos de importancia sanitaria en la arena de las playas turísticas de Cartagena.

Materiales y métodos. Se hizo una investigación descriptiva de corte longitudinal. Se recolectaron 138 muestras de arena en seis puntos de la ciudad: dos en Bocagrande (B1-B2), uno en Punta Arena y tres en La Boquilla (Bo1-Bo2-Bo3), de acuerdo con los criterios de la *Foundation for Environmental Education*. La periodicidad de los muestreos fue mensual durante 21 meses, recogiendo 200 g de arena a una profundidad de 10 cm, en la mañana y la tarde. Las muestras se procesaron empleando la técnica de Sloss. Los resultados se analizaron empleando estadística descriptiva, calculando frecuencias absolutas y relativas con el *software* Excel, y el análisis de los datos, con

Epi-Info, versión 7.0. Se utilizó la prueba de χ^2 para comparar la frecuencia de los géneros de parásitos por playa. Un valor de p menor de 0,05 se consideró estadísticamente significativo, con un nivel de confianza del 95 %.

Resultados. Se encontró una elevada frecuencia de *Toxocara* sp. (50,21 %; 122 parásitos), seguido de *Ancylostoma* sp. (25,51 %; 62 parásitos) y *Strongyloides* sp. (24,28 %; 59 parásitos). El sector más contaminado fue Bo1 (45,9 %), seguido de Bo2 (35,2 %), y los parásitos más frecuentes fueron *Toxocara* sp. y *Strongyloides* sp., respectivamente. En Punta Arena se encontró mayor frecuencia de *Strongyloides* sp. (58,3 %), en comparación con La Boquilla (25,8 %) y Bocagrande (15,3 %).

Conclusiones. La elevada frecuencia de parásitos identificados indica que las playas podrían constituir un factor de riesgo para el desarrollo de enfermedades parasitarias zoonóticas, de gran relevancia en la salud pública en Cartagena.

..... ☸☸☸

46. Aspectos ecológicos de los simúlidos (Diptera: Simuliidae) en fuentes hídricas de la cuenca alta del río Bogotá durante el periodo de 2012 a 2015

Aura Isabel Sotelo-Londoño¹, Alexandra Buitrago-Guacaneme¹,
Luz Angélica Cuadrado², Ligia Moncada¹, Gabriel Pinilla²

¹ Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

² Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Los simúlidos son organismos importantes en la fauna bentónica de corrientes de agua con concentraciones altas de oxígeno disuelto.

Objetivo. Asociar factores fisicoquímicos con la presencia de simúlidos de quebradas que conforman la cuenca alta del río Bogotá, para contribuir

en su conservación y aumentar el conocimiento de la diversidad de esta familia.

Materiales y métodos. Se realizaron diversos muestreos en el curso superior de la quebrada La Vieja, el Chorro de Padilla, el río Arzobispo, el río Fucha y el páramo de Guacheneque, durante diferentes periodos en los años 2012, 2014 y 2015. Se determinaron taxonómicamente a nivel de especies, los estadios inmaduros de los simúlidos presentes. Se tomaron algunos datos fisicoquímicos y con estos datos se calcularon los índices de abundancia y riqueza, y se correlacionaron con las especies encontradas.

Resultados. Se encontraron cuatro especies del género *Simulium* y cinco del género *Gigantodax*. La especie más abundante fue *Simulium muiscorum*

Bueno, Moncada, Muñoz de Hoyos, 1979. Las corrientes presentan un índice de diversidad bajo, lo que puede asociarse a diferentes factores antrópicos, a pesar de que las medidas de Chao 1, Chao 2 y la curva de acumulación de especies está muy cercana a lo esperado, se supone que la diversidad de este grupo puede ser mayor de lo que se sabe actualmente. El pH y el oxígeno disuelto fueron directamente proporcionales y se correlacionaron con algunas especies de simúlidos, lo cual indica una relación entre su presencia y la calidad del agua.

Conclusiones. Es necesario resaltar la importancia de los estudios a nivel de especie para ampliar el conocimiento de esta familia y su papel en la bioindicación de la calidad del agua.



47. Impacto potencial de la variabilidad climática en la epidemiología del dengue en el eje cafetero, Colombia, 2007-2013

Alfonso J. Rodríguez-Morales, Jaime A. Cardona-Ospina, Diego A. Medina, Valeria Ramírez-Jaramillo, Juan E. Bedoya-Arias, John A. Rico-Gallego, Lisette L. Quintero-Herrera, Edwin A. Guerrero-Matituy

Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

Introducción. El dengue es la enfermedad viral transmitida por vectores, más común alrededor del mundo. Su incidencia puede estar condicionada por los cambios climáticos experimentados en diferentes regiones.

Objetivo. Determinar la relación existente entre la variabilidad climática y la incidencia del dengue en el eje cafetero colombiano, región sobre la cual solo existe un estudio previo.

Materiales y métodos. Es un estudio ecológico en el cual se recolectaron datos epidemiológicos (número de casos anuales) del período 2007-2013, y posteriormente, se calcularon las tasas de incidencia con la población oficial (casos por 100.000 habitantes), en los 53 municipios del eje cafetero (Caldas, Quindío y Risaralda); las fuentes de datos fueron Sivigila-SISPRO, DANE y NASA (ONI). Se corrieron modelos de regresión no lineales.

Resultados. Las variación mensual en tasas de dengue fue de 0 a 684,90 casos por 100.000

habitantes (Montenegro, Quindío, 2010). En las regresiones simples no lineales, se observaron asociaciones significativas entre el ONI y las tasas de incidencia a nivel de los municipios de Quindío: Calarcá ($r^2=0,7177$; $p<0,0001$), Armenia ($r^2=0,6287$; $p<0,0001$), La Tebaida ($r^2=0,6084$; $p<0,0001$), Montenegro ($r^2=0,4945$; $p<0,0001$) y Quimbaya ($r^2=0,4725$; $p<0,0001$); de Caldas: Chinchiná ($r^2=0,6834$, $p<0,0001$) y La Dorada ($r^2=0,6140$; $p<0,0001$); de Risaralda: Pereira ($r^2=0,6245$; $p<0,0001$), Dosquebradas ($r^2=0,5678$; $p<0,0001$) y La Virginia ($r^2=0,5654$; $p<0,0001$).

Discusión. Tal y como se había reportado para Risaralda analizando la influencia del clima sobre el comportamiento del dengue en 2010-2011, en los municipios endémicos del eje cafetero de los tres departamentos se observó una asociación significativa entre la variación macroclimática y la incidencia de dengue, confirmando así la importancia de dicha relación y su estudio.



48. Factores de riesgo del entorno domiciliario en la transmisión de la leishmaniasis cutánea en cuatro municipios del oriente del departamento de Caldas

Horacio Cadena¹, Jorge Alvar-Beltrán¹, Andrés Vélez-Mira¹, Esteban Marín¹, Sandra Patiño¹, Víctor Ignacio López², Juan Carlos Salazar², Iván Darío Vélez¹

¹ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Escuela de Estadística, Universidad Nacional de Colombia, Medellín, Colombia

Introducción. Las estrategias de protección al humano en los focos activos de leishmaniasis cutánea, se han centrado en el tratamiento de las personas afectadas, el rociamiento con insecticidas y la protección con toldillos impregnados.

Objetivo. Determinar los factores de riesgo del peridomicilio que facilitan la transmisión de la leishmaniasis cutánea en áreas endémicas del departamento de Caldas.

Materiales y métodos. Se hizo una encuesta sociodemográfica que incluyó el registro del tipo de vivienda, los mamíferos domésticos y la vegetación asociada al entorno del peridomicilio. Además, se instalaron trampas CDC en el intradomicilio y el peridomicilio. Los datos se ajustaron a un modelo de regresión de Poisson.

Resultados. Se encuestaron 64 viviendas. Se evidenció la presencia de vectores de leishmaniasis, como *Lutzomyia trapidoi*, *Lu. gomezi*, *Lu. hartmani* y *Lu. yuilli*. Se registraron 732 y 170 *Lutzomyias* spp. en el peridomicilio y el intradomicilio, respectivamente. Las variables que mostraron relación estadísticamente significativa con el número de *Lutzomyia* capturadas, fueron: distancia al bosque ($p=0,001$), tipo de pared de adobe, ($p=0,001$), cultivos y arbustos ($p=0,001$), y la presencia de animales domésticos en el intradomicilio ($p=0,042$).

Conclusiones. Estos hallazgos plantean la inclusión en los programas de control y prevención de la leishmaniasis, de las condiciones medioambientales del entorno de la vivienda y los factores socioculturales que se constituyen en factores predictores de riesgo en áreas rurales, de transmisión de la enfermedad en Colombia.

..... ☙☙☙

49. Parásitos gastrointestinales en chigüiros (*Hydrochoerus hydrochaeris*) en una población silvestre del municipio de Arauca, Colombia

Arlex Rodríguez-Durán¹, Linda Blanco², Ricardo Peña¹

¹ Universidad Cooperativa de Colombia, Villavicencio, Colombia

² Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Villavicencio, Colombia

Introducción. El chigüiro es el roedor más grande del mundo y habita desde las tierras bajas de Panamá hasta el norte de Argentina.

Objetivo. Identificar los principales parásitos gastrointestinales que afectan a esta especie en el municipio de Arauca, mediante el análisis de materia fecal de una población silvestre.

Materiales y métodos. Se tomaron al azar 360 muestras fecales frescas, durante las épocas de verano e invierno. El examen macroscópico se hizo mediante la observación directa, mientras que, para el análisis microscópico, se empleó el método modificado de sedimentación de Telemann. Los datos obtenidos se analizaron aplicando estadística descriptiva, hallando la frecuencia de

aparición; así mismo, se establecieron diferencias estadísticas significativas con un valor de p menor de 0,05, respecto a la aparición de cada género parasitario en cada época, para lo cual se empleó el programa estadístico SPSS®.

Resultados. La frecuencia de aparición de los múltiples parásitos fue de 97,7 % y se identificaron 16 especies de parásitos gastrointestinales del chigüiro, de las cuales, las especies *Paraspidodera uncinata*, *Ancylostoma* spp., *Nippostrongylus brasiliensis* y *Paramphistomum* spp., no habían sido registradas en la literatura científica como agentes infecciosos de este mamífero silvestre.

Conclusiones. Se identificaron las especies de protozoarios *Cycloposthium hydrochoeri*,

C. incurvum, *C. minutum*, *C. lenticularis* y *C. compressum*; además, de las especies de helmintos *Strongyloides* spp., *Trichostrongylus axei* y *Trichuris* spp., parásitos que se caracterizan como propios del tubo digestivo del chigüiro. Sin embargo, las especies *Sarcocystis* spp., *Eimeria*

spp., *Giardia* spp. y *Taenia* spp., se describen como no frecuentes en *C. hydrochaeris*. La presencia de los anteriores endoparásitos puede constituir una fuente de zoonosis, debido a que el consumo de carne de este animal es alto en la región.



50. INVAWET, red iberoamericana sobre especies invasoras en humedales y su efecto en el desarrollo de vectores de enfermedades

Aracelly Caselles¹, Eloy Bécares²

¹ Universidad del Atlántico, Barranquilla, Colombia

² Departamento de Biodiversidad, Facultad de Ciencias, Universidad de León, León, España

La relación entre especies invasoras en medios acuáticos y su relación con el desarrollo de vectores de enfermedades, es un tema escasamente abordado en la literatura científica. Los importantes brotes epidémicos de dengue en los últimos años en Centroamérica y Suramérica, están favorecidos por los cambios en las comunidades de humedales naturales, asociados a procesos de contaminación orgánica.

La producción de transmisores de enfermedades asociados a las comunidades de especies invasoras, principalmente macrófitas, es un tema relevante que debe abordarse desde diferentes disciplinas y, principalmente, en las zonas rurales donde las poblaciones se desarrollan alrededor de cuerpos de agua, con características naturales para la producción de vectores de enfermedades. Las macrófitas flotantes, sumergidas o enraizadas emergentes, son sistemas naturales que se desarrollan bajo diferentes condiciones, proporcionando características al agua para el desarrollo de mosquitos causantes de enfermedades.

La red temática INVAWET, formada por 11 socios de siete países de Iberoamérica, es la oportunidad

para trabajar en equipo desde una perspectiva local hacia una meta global adaptada a cada país. La Red propone un enfoque práctico de investigación y de actuación, mediante diferentes estrategias, como: producción de información científico-técnica; intercambio y conocimiento de normativas locales, nacionales e internacionales; aplicación de metodologías de investigación consensuadas; identificación de sectores o regiones de interés; capacitación del talento humano; intercambio de experiencias, y formación de participantes de la red.

Todas estas actividades están enfocadas en la interrelación entre la dinámica de los ecosistemas de humedales, el desarrollo de especies invasoras, principalmente plantas acuáticas, la producción de vectores de enfermedades, y su control y mitigación.

Los resultados del trabajo conjunto serán de gran relevancia para los organismos que toman decisiones de mitigación de impactos sobre la salud, las instituciones que producen información científica, las empresas que comercializan o prestan servicios en saneamiento básico, y por supuesto, las comunidades directamente beneficiadas.



51. Presencia de *Giardia* spp. y *Cryptosporidium* spp. en agua de consumo humano en el barrio Ternerera de Cartagena, Bolívar

Piedad Franco-Anaya^{1,2}, Marina Morales^{1,2}, Katherine Oliva¹, Yesenia Sánchez¹, Diana Utria¹, Mauricio Orozco-Ugarriza^{1,2}

¹ Universidad de San Buenaventura, Cartagena, Colombia

² Grupo de Investigación en Microbiología y Ambiente (GIMA), Cartagena, Colombia

Introducción. Las parasitosis intestinales causadas por protozoarios y nematodos por medio del

agua, representan un problema de salud pública a nivel mundial y se estima que la mortalidad

asociada al consumo de agua contaminada con parásitos alcanza una frecuencia entre 3 y 5 %, por lo que el total de estas muertes en el mundo se deben a problemas relacionados con el manejo de desagües e higiene.

Objetivo. Evaluar la presencia de *Cryptosporidium* spp. y *Giardia* spp. en el agua potable que consumen los habitantes del barrio Ternera de Cartagena, Bolívar.

Materiales y métodos. Se hizo un estudio de tipo descriptivo, de corte transversal. En 28 viviendas elegidas aleatoriamente, se recolectaron 10 litros de agua potable de grifo en recipientes plásticos estériles. Las muestras se procesaron mediante la técnica de concentración por sedimentación con formol-éter. La observación e identificación se hicieron mediante observación microscópica de las muestras frescas con solución salina,

coloración temporal con lugol para la observación de *Giardia intestinalis* y la coloración de Kinyoun para *Cryptosporidium* spp.

Resultados. De las 28 muestras analizadas, 46,4 % fueron positivas para *Cryptosporidium* spp. y 0% para *Giardia* spp.; además, se pudieron observar estructuras microscópicas con morfología bacteriana, levaduras, hifas y micelios, que se supone contribuyen a la contaminación de este recurso.

Conclusiones. *Cryptosporidium* spp. es un microorganismo oportunista, capaz de afectar al ser humano; los grupos más sensibles a este parásito son los niños menores de cinco años, los adultos mayores de 70 años y las personas con un estado inmunológico comprometido o alguna enfermedad de base, lo que hace aún más preocupante la exposición que tiene la comunidad a estos protozoarios.



52. Frecuencia de enteroparásitos en frutas y hortalizas de los establecimientos públicos y privados de Cartagena, Bolívar

Piedad Franco-Anaya^{1,2}, Marina Morales^{1,2}, Jennifer Vásquez^{1,2}, Mauricio Orozco-Ugarriza^{1,2}

¹ Universidad de San Buenaventura, Cartagena, Colombia

² Grupo de investigación en Microbiología y Ambiente (GIMA), Cartagena, Colombia

Introducción. Los productos hortofrutícolas son un vehículo para la transmisión de enteroparásitos, debido a que están expuestos al suelo y aguas contaminadas; por tanto, al consumirse sin previo tratamiento, representan un riesgo para la salud del consumidor.

Objetivo. Determinar la frecuencia de parásitos intestinales presentes en frutas y hortalizas expendidas en mercados públicos y privados de Cartagena.

Materiales y métodos. Se hizo un estudio observacional descriptivo, de corte transversal, en el cual se analizaron 24 frutas y 24 hortalizas provenientes de ocho expendios (cuatro públicos y cuatro privados). Se tomaron tres frutas: mango, mora y guayaba dulce, y tres hortalizas, lechuga, apio y cilantro. Las muestras se procesaron mediante la técnica modificada de concentración por sedimentación. El procesamiento de los sedimentos se hizo mediante microscopía en montaje fresco con solución salina y coloración temporal con lugol.

Resultados. Se obtuvo 52 % (25 muestras) de contaminación por enteroparásitos, correspondientes

a 29,1 % frutas y 22,9 % hortalizas. Los productos hortofrutícolas que presentaron mayor frecuencia de muestras contaminadas por enteroparásitos, fueron el mango, la mora, el apio y el cilantro. La frecuencia de enteroparásitos detectados en las muestras, presentó la siguiente distribución: *Blastocystis hominis* (20,8 %), *Strongyloides stercoralis* (14,5 %), *Entamoeba coli* (12,5 %), *Toxocara canis* (8,3 %), *Ascaris lumbricoides* (8,3 %), *Entamoeba histolytica/E. dispar* (4,1 %), *Ancylostoma duodenale* (4,1 %), *Endolimax nana* (2,0 %), *Retortomonas intestinalis* (2,0 %), *Taenia solium* (2,0 %), *Trichuris trichiura* (2,0 %) e *Hymenolepis nana* (2,0 %). En cuanto al índice parasitario, se destaca la presencia de 114 larvas de *S. stercoralis* en cilantro, y 18 y 15 quistes de *B. hominis* en mango y mora, respectivamente.

Conclusiones. La contaminación y la diversidad de parásitos en las muestras, demuestran la necesidad de promover e intensificar las buenas prácticas agrícolas y de manufactura, y, asimismo, de promover medidas preventivas antes de su consumo.

53. Parásitos en simúlidos (Diptera: Simuliidae) de la quebrada La Vieja, río Arzobispo, río Fucha, río Bogotá y páramo de Guacheneque

Aura Isabel Sotelo-Londoño¹, Alexandra Buitrago-Guacaneme¹,
Luz Angélica Cuadrado², Ligia Moncada¹, Gabriel Pinilla²

¹ Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

² Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Los adultos de simúlidos son importantes por ser vectores de agentes patógenos para el hombre, otros mamíferos y aves. Los estados prerreproductivos de simúlidos se crían en aguas corrientes en las secciones con mayor oxígeno disuelto. En los sitios de cría juegan un papel importante en las cadenas tróficas, porque los estadios prerreproductivos son fuente de alimento y porque, además, convierten el material en partículas en productos del tamaño adecuado para el consumo de otros macroinvertebrados y vertebrados acuáticos.

Materiales y métodos. *Área de estudio:* se tomaron muestras en la quebrada La Vieja, y en los ríos Arzobispo, San Francisco y Fucha, afluentes del río Bogotá, y en el páramo de Guacheneque, cerca al nacimiento del río Bogotá. Se hicieron tres muestreos en cada uno de los cuerpos de agua. Se recolectaron con pinzas suaves estadios

inmaduros (larvas y pupas) en 2012, 2014 y 2015, los cuales se conservaron en etanol al 80 % y carnoy. Se determinaron las especies con claves y descripciones de las especies.

Resultado. Se encontraron cuatro especies del género *Simulium* y cinco del género *Gigantodax*. Se encontraron larvas infectadas por nematodos y por microsporidios. Se observó la presencia de especies de Chironomidae como predadores de pupas de *S. muiscorum*. Hay una tendencia a encontrar mayor frecuencia de infección en las corrientes con mayor intervención antrópica. Por otro lado, se observó una tendencia estacional.

Conclusiones. Es importante el conocimiento de los agentes patógenos para los simúlidos porque pueden convertirse en controladores biológicos y, además, pueden ser indicadores de la intervención de las corrientes de agua.

..... ☸☸☸

Tema 7

BIOLOGÍA BÁSICA Y MOLECULAR DE PATÓGENOS

54. El género *Amblyomma* (Acari: Ixodidae) en algunas regiones de Colombia y su evaluación por microscopía electrónica de barrido y marcadores moleculares

F. A. Rivera^{1,3}, M. I. Camargo-Mathias¹, M. B. Labruna², T. F. Martins²,
B. R. Sampieri¹, P. A. Ossa³, R. Silva¹, L. A. Cuervo⁴

¹Departamento de Biología, Instituto de Biociências, UNESP, Rio Claro, SP, Brasil

²Departamento de Medicina Veterinária Preventiva e Saúde Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, USP, São Paulo, SP, Brasil

³Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Caldas, Manizales, Caldas, Colombia

⁴Programa de ETV, Unidad Administrativa Especial de Salud de Arauca, Arauca, Colombia

Introducción. Las especies del género *Amblyomma* son importantes ectoparásitos vectores de patógenos que generan pérdidas económicas en la producción de leche, carne y cuero. Tradicionalmente, su identificación se basa en la taxonomía clásica, la cual resulta difícil por la plasticidad fenotípica, su amplia distribución geográfica y la presencia de especies crípticas, haciendo necesario utilizar herramientas complementarias para su evaluación en cada país.

Materiales y métodos. Se recolectaron garrapatas de caballos (*Equus caballus*), bóvidos (*Bos taurus*) y perros (*Canis lupus familiaris*) en Ibagué y Saldaña (Tolima), Arauca (Arauca), y Nunchía y Yopal (Casanare). Los machos y hembras se identificaron a nivel de especie, utilizando estereomicroscopio y microscopio electrónico de barrido. El ADN se extrajo con el kit DNeasy Blood and Tissue (Qiagen), amplificando por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) los genes *ITS2*, *16S* y *COI*. La secuenciación se realizó por MacroGen Advancing Through Genomics, Corea del Sur, y la calidad de secuencias se evaluó en el programa Geneious Trial, versión 8.14. Los alineamientos se hicieron con el programa ClustalW incluido en

Mega 6 y la identificación de especies se hizo mediante similitud, utilizando el parámetro de distancia Kimura-2 entre las secuencias obtenidas y las depositadas en el GenBank y BOLD. *Amblyomma sculptum* (SP-Brasil) fue el control positivo y *Dermacentor nitens* el *outgroup*.

Resultados. Se encontraron las especies *A. mixtum*, *A. maculatum* y *A. ovale* en Colombia, registrando algunas variaciones morfológicas confrontadas con las claves utilizadas para especies del neotrópico, pero validando su identidad con las divergencias genéticas intraespecíficas e interespecíficas, así como las distancias con el *outgroup* de los diferentes marcadores moleculares, que diferencian claramente el complejo *Amblyomma cajennense*, así como las demás especies del género *Amblyomma* y los géneros de la familia Ixodidae.

Conclusiones. Se ratificó la utilidad de las herramientas complementarias en los estudios taxonómicos del género *Amblyomma*, importante en la vigilancia y el control de enfermedades transmitidas por garrapatas, así como sucede en las interacciones entre *Rickettsia* spp. y las especies del complejo *A. cajennense*. Financiación: AUIP, CNPq.

..... ☞☞☞

55. Estrategia racional de búsqueda para epítomos inmunogénicos que inducen respuesta de IFN- γ en células humanas contra *Toxoplasma gondii*

Néstor Cardona, Diego Moncada, Jorge Enrique Gómez-Marín

GEPAMOL, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

Introducción. La vacuna ideal para prevenir la toxoplasmosis en humanos sería aquella compuesta por antígenos que estimulen la activación de una respuesta protectora citotóxica dependiente de células T-CD8⁺ de memoria. Hasta la fecha, se han reportado epítomos inmunogénicos con gran afinidad por diferentes haplotipos del HLA, tales como HLA-A*02, HLA-A*03, HLA-A*11, HLA-B*07 y HLA-B*0702, que inducen una buena respuesta de IFN- γ en células mononucleares de sangre periférica. Sin embargo, la selección de las proteínas para los antígenos inmunogénicos no se basa en una estrategia racional de búsqueda.

Objetivo. Reportar el uso de una tubería bioinformática para la selección de péptidos que estimulan una fuerte respuesta de IFN- γ en células humanas mononucleares de sangre periférica.

Materiales y métodos. Se obtuvieron secuencias de péptidos de *Toxoplasma* spp. que previamente fueron reportados como inductores de IFN- γ en células humanas mononucleares de sangre periférica, de la base de datos IEDB. Para el alineamiento de las secuencias y para la búsqueda de aminoácidos conservados y sus frecuencias, se utilizaron los servidores MUSCLE y WebLogo. ToxoDB y la herramienta Protein-

Motif-Pattern se usaron para encontrar proteínas con un patrón específico de búsqueda. El servidor NetMHCcons1.0 se utilizó para generar péptidos de nueve residuos con gran afinidad por el haplotipo HLA-A*02 y, por último, se utilizó MAPP para predecir el corte por proteosoma. Para medir la inducción de IFN- γ estimulada por los péptidos seleccionados, se utilizó ELISPOT con células humanas mononucleares de sangre periférica.

Resultados. Con la estrategia de búsqueda aquí reportada, se encontraron 65 genes, de los cuales se seleccionaron 9 péptidos derivados de las proteínas PIGP, ABCt, RON8, DAGK, Ter1p, Got1, LMBR1, VPTA, PLA2. Se observaron residuos hidrofóbicos y alifáticos conservados en posiciones 2 y 9, y particularmente, en la posición 6 de cada epítomo. Los péptidos de nueve residuos seleccionados presentaron afinidades de 2 a 21 nM, los cuales fueron probados por ELISPOT. Se encontraron cuatro péptidos que inducen niveles elevados de IFN- γ en un rango de 252 a 1763 SFC/1e6.

Conclusiones. Estos resultados sugieren que nuestra estrategia racional de búsqueda de epítomos inmunogénicos, podría ser utilizada para la selección de péptidos candidatos para una vacuna contra la toxoplasmosis.

..... ☸☸☸

56. Aspectos ecológicos asociados a la distribución y abundancia de las poblaciones de triatominos silvestres en el Caribe colombiano

Melisa Eyes¹, Juan Venegas², Luz Silvera¹

¹ Programa de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad del Atlántico, Barranquilla, Colombia

² Programa de Biología Celular y Molecular, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile

Introducción. Se analizaron los datos de riqueza, distribución y abundancia de las poblaciones de triatominos silvestres de distintas áreas geográficas del Caribe colombiano con sus características ecológicas asociadas.

Objetivo. Establecer los aspectos ecológicos que favorecen el establecimiento y la distribución de las poblaciones de triatominos silvestres.

Materiales y métodos. Se hicieron salidas de campo a cuatro localidades del Caribe colombiano.

Los triatominos se recolectaron por medio de trampa modificada de luz y búsqueda activa en el ecótopo terrestre y arbóreo. Los análisis estadísticos de la población se hicieron considerando abundancias, frecuencias absolutas y relativas, análisis de similitud y varianza, mediante el programa PAS y R.

Resultados. Se recolectaron las especies *Rhodnius pallescens*, *Rhodnius prolixus*, *Panstrongylus geniculatus* y *Triatoma dimidiata*. La especie más

abundante fue *R. palecens* (65,2 %) del total de los individuos recolectados, seguida de la especie *R. prolixus* (23,6 %). No se observaron diferencias significativas entre las especies (KW; H=3,231, HC=3,527; p=0,1988). En relación con la caracterización del hábitat en el que se distribuyen los triatominos, el 90 % de los triatominos se

recolectaron en el ecótopo arbóreo y el 10 % se recolectó en el ecótopo terrestre.

Conclusiones. Los resultados de esta investigación proveen información relevante sobre las características que favorecen y condicionan la presencia de distintas especies de triatominos en condiciones ecológicas distintas en el Caribe colombiano.



57. Caracterización funcional de una proteína de unión al ARN de *Trypanosoma cruzi*

Andrés Díez, Paola García, Omar Triana, Ana María Mejía

Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas, BCEI, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. Las proteínas de unión al ARN se han asociado a la regulación posterior a la transcripción en eucariontes como *Trypanosoma cruzi*. Mediante análisis del transcriptoma y del proteoma, se encontró una proteína de unión al ARN diferencialmente regulada en parásitos resistentes al benznidazol, con respecto a los sensibles, lo cual indica que esta proteína podría tener un papel en el mecanismo de acción del medicamento, al regular transcritos de genes relacionados con su metabolismo.

Materiales y métodos. La proteína de unión al ARN fue clonada y sobreexpresada en parásitos *T. cruzi* sensibles al benznidazol. La sobreexpresión se verificó mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en tiempo real, así como el nivel de expresión de algunos ARNm que codifican para proteínas mitocondriales, como NTRI, aldol reductasa (AKR), lipoamida deshidrogenasa (Lipdh), superóxido dismutasa (SODA), alcohol deshidrogenasa (ADH), triparredoxín peroxidasa mitocondrial (MPX) y la enzima amarilla (tc.

OYE). Finalmente, se determinó el efecto de la sobreexpresión frente al reto con benznidazol y algunos de sus derivados tóxicos, como H₂O₂ y glioxal, mediante curvas de supervivencia.

Resultados. Los parásitos *T. cruzi* que tenían sobreexpresión de la proteína de unión al ARN, presentaron una disminución del crecimiento y un aumento en el tiempo de duplicación con respecto a los parásitos control. Además, se evidenció que la sensibilidad a benznidazol, H₂O₂ y glioxal, aumentó 2,3, 3,8 y 2,1 veces, respectivamente, comparados con los parásitos control. Finalmente, se encontró que estos parásitos tenían alterada la expresión de algunos ARNm que codifican para proteínas mitocondriales, como NTRI, AKR, Lipdh y SODA.

Conclusiones. La proteína de unión al ARN regula la expresión de genes relacionados con el metabolismo del benznidazol, como NTRI y genes implicados en la desintoxicación de sus productos tóxicos, como AKR, Lipdh y SODA. Esta proteína se propone como clave en el mecanismo de acción del benznidazol.



58. Aislamiento y tipificación de una cepa de *Leishmania (Viannia) braziliensis* a partir de *Lutzomyia evansi* en el municipio de Colosó, Sucre

Alveiro Pérez, Luis Romero, Lily Martínez, Matilde Rivero, Eduar Bejarano

Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. En Colombia, desde que se logró el primer aislamiento de *Leishmania panamensis* a partir de una hembra *Lutzomyia trapidoi* capturada en Mariquita (Tolima), hasta el aislamiento de *L. colombiensis* de *Lu. hartmanni* en El Carmen

(Norte de Santander), pocas cepas se han aislado de insectos, probablemente, porque en los últimos años el conocimiento que aportan estos estudios se ha generado empleando técnicas de biología molecular.

Objetivo. Retomar las técnicas de búsqueda microscópica de infección natural, y describir el hallazgo y el aislamiento de una cepa del género *Leishmania* a partir de *Lutzomyia evansi*.

Materiales y métodos. En un muestreo de vigilancia entomológica en el centro poblado del municipio de Colosó, se recolectaron hembras del género *Lutzomyia* usando una trampa de luz de tipo Shannon. Los insectos fueron disecados, y se hicieron la identificación taxonómica y la búsqueda microscópica. Los parásitos encontrados fueron depositados en medio NNN y mantenidos a 26 °C; a partir de estos, se determinó el perfil isoenzimático, y se amplificó y se secuenció el gen nuclear *HSP70*.

Resultados. Se disecaron 11 de 16 hembras de *Lu. evansi* capturadas y se encontró una hembra

infectada con parásitos flagelados diseminados en el tubo digestivo. En el intestino medio se observaron promastigotes leptomonados, algunos anclados al epitelio, al igual que en la válvula estomoidal; los promastigotes procíclicos fueron la forma predominante en el colon y el triángulo pilórico. El perfil isoenzimático obtenido es indicativo de *L. (Viannia) braziliensis*, aunque presenta variante electroforética para la enzima SOD. Los análisis genéticos de la secuencia del gen *HSP70* son coherentes con estos resultados.

Conclusiones. La cepa aislada a partir de *Lu. evansi* corresponde a *L. (V.) braziliensis*, lo que constituye el primer aislamiento de esta especie en un flebotomino de la región y confirma el potencial vectorial de esta especie.

..... ☸☸☸

59. Primer hallazgo de *Leishmania guyanensis* y *Leishmania braziliensis* en perros asintomáticos del foco urbano de leishmaniasis del municipio de Ovejas, Sucre

Matilde Elena Rivero, Jorge Rodríguez, Eduardo Meza, Alveiro Pérez-Doria, Eduar Elías Bejarano

Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. El municipio de Ovejas es un foco mixto de leishmaniasis, con presencia de casos autóctonos en el área urbana; por lo tanto, es importante identificar las especies de animales que actúan como reservorios del parásito.

Objetivo. Detectar y hacer la genotipificación de *Leishmania* spp. en un grupo de perros del área urbana de Ovejas, Sucre.

Materiales y métodos. El muestreo se hizo en 12 barrios del perímetro urbano del municipio. Después de obtener el consentimiento informado, se recolectaron 74 muestras de sangre de perro, de las cuales se extrajo el ADN por alta concentración de sales. La detección se hizo por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) convencional, con

cebadores que amplifican un segmento de 1.460 pb del gen nuclear *HSP70*, que posteriormente fue secuenciado, en ambos sentidos, para identificar la especie infecciosa.

Resultados. Se obtuvo una tasa de infección natural con *Leishmania* spp. de 20,2 % (n=15/74). *Leishmania braziliensis* y *L. guyanensis* se identificaron en 9,46 % (n=7/74) y 6,75 % (n=5/74) de los perros evaluados, respectivamente.

Conclusiones. Teniendo en cuenta el hallazgo de perros infectados con las mismas especies del parásito aisladas de humanos y flebotominos de la zona, *Canis familiaris* podría estar actuando como reservorio en el ciclo doméstico urbano de la enfermedad.

..... ☸☸☸

60. Validación de nuevos marcadores moleculares para la identificación de especies causantes de la leishmaniasis cutánea en Colombia

Johana Marín¹, Daniel Urrea^{1,2}, Ronald Pelaéz¹, Omar Triana¹, Ana María Mejía¹

¹ Biología y Control de Enfermedades Infecciosas (BCEI), Universidad de Antioquía, Medellín, Colombia

² Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

Introducción. La leishmaniasis es un grupo de zoonosis que afectan a una gran parte de

la población humana que habita en regiones tropicales y subtropicales. Esta enfermedad es

causada por diferentes especies de parásitos del género *Leishmania* spp., lo que dificulta el diagnóstico clínico y la identificación de las especies. Así, aunque los métodos de diagnóstico y la tipificación de las especies son variados, la mayoría son insuficientes, ya que se necesita más de una técnica molecular para lograr los dos objetivos. Es por esto, que en la actualidad se hace necesaria la validación de nuevos marcadores moleculares para el diagnóstico y la tipificación de estas especies.

Materiales y métodos. Se compararon los genomas de diferentes especies de *Leishmania* spp., con el fin de obtener regiones especie-específicas. Posteriormente, se diseñaron 23 pares de oligos, con los que se hicieron diferentes ensayos de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para seleccionar los iniciadores que fueran específicos.

Finalmente, se hicieron pruebas de límite de detección para determinar la menor cantidad de parásitos que la PCR podía detectar con cada juego de oligos seleccionados.

Resultados. De los 20 pares de oligos seleccionados para las diferentes especies, solo tres presentaron amplificación específica, mientras que los 17 restantes mostraron amplificación cruzada con alguna especie de *Leishmania* spp. o de otro tripanosomátido. El ensayo de límite de detección para cada uno de los marcadores seleccionados, mostró una detección mínima de tres parásitos.

Conclusiones. El análisis genómico comparativo permitió identificar regiones especie-específicas que fueron validadas como nuevos marcadores moleculares con utilidad para el diagnóstico y la tipificación de especies *Leishmania* spp. causantes de la leishmaniasis cutánea.

..... ☼☼☼

61. Detección de potenciales cinasas blanco de medicamentos en *Leishmania* spp. por medio de herramientas computacionales

Rodrigo Ochoa, Carlos Muskus

Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET,
Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La leishmaniasis es una enfermedad tropical presente en 99 países y actualmente su tratamiento presenta diversos inconvenientes. Una estrategia para solucionarlos ha sido mediante la identificación de blancos promisorios, como las cinasas, debido a su esencialidad en diversos procesos moleculares.

Objetivo. Utilizar información reportada de interacciones entre compuestos y cinasas con el fin de diseñar y ejecutar un modelo computacional capaz de inferir potenciales blancos de esta naturaleza en *Leishmania* spp.

Materiales y métodos. A partir de tres bases de datos, DrugBank, TTD y ChEMBL, se recopiló información de la bioactividad de medicamentos y compuestos sobre diferentes cinasas humanas y de otras especies. Posteriormente, se construyó un modelo de aprendizaje, el cual fue entrenado por medio de patrones extraídos de la secuencia de aminoácidos y la composición de los dominios presentes en cada cinasa analizada. A partir de las predicciones, se infirieron potenciales cinasas blanco en *Leishmania* spp., las cuales

fueron sometidas a filtros adicionales basados en la búsqueda de ortólogos en el huésped, y esencialidad de las proteínas en rutas metabólicas y redes de interacción proteína-proteína entre proteínas en el parásito.

Resultados. Se logró detectar ocho potenciales cinasas blanco en diferentes especies de *Leishmania*. Entre las cinasas seleccionadas, se destacan algunas cinasas MAP, cinasas caseína, y otras específicas del parásito reportadas en la base de datos UniProtKB. Algunas de ellas están relacionadas con el proceso de infección del parásito y su interacción con el macrófago, dirigidas por rutas de señalización importantes para inhibir o modular la capacidad infectiva del parásito.

Conclusión. Este estudio demuestra la aplicabilidad de nuevas herramientas computacionales para la búsqueda de alternativas terapéuticas en enfermedades desatendidas, como la leishmaniasis, seleccionando nuevos blancos moleculares a los cuales se les pueda diseñar racionalmente compuestos inhibidores de su actividad.

..... ☼☼☼

62. Búsqueda de actividad antileishmania como segundo uso de medicamentos ya existentes y potenciales fármacos nuevos, usando criterios farmacocinéticos y farmacodinámicos

Christian Bustamante¹, Rodrigo Ochoa¹, Elkin Galeano², Carlos Muskus¹

¹ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Grupo de Investigación Productos Naturales Marinos, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La leishmaniasis es una enfermedad tropical que se presenta en Colombia principalmente en forma cutánea y es causada por parásitos del género *Leishmania* spp. Los fármacos más usados en nuestro país para el tratamiento son antimoniales pentavalentes, pentamidina y miltefosina. Sin embargo, estos se asocian con múltiples efectos secundarios que pueden llegar a ser graves. Por esta razón, es necesario buscar nuevos tratamientos efectivos contra el parásito y más seguros para el paciente.

Objetivo. Seleccionar compuestos con potencial acción leishmanicida, con base en criterios farmacocinéticos y farmacodinámicos.

Materiales y métodos. Se utilizaron dos enfoques computacionales. En el primero, por medio de alineamientos, se buscaba homología molecular entre las proteínas del parásito y los blancos farmacológicos de los medicamentos, con lo cual se puede presumir una actividad leishmanicida como segundo uso. Luego, a los medicamentos filtrados, se les hace una simulación farmacocinética de población. El segundo enfoque es predecir propiedades fisicoquímicas, farmacocinéticas y toxicológicas

para 100 compuestos experimentales, seleccionados previamente por el método de *docking* molecular. Con los parámetros obtenidos se filtra una primera lista de medicamentos para ensayos *in vitro*.

Resultados. Por el método de homología molecular se encontraron 32 medicamentos aprobados para uso en humanos con posible actividad leishmanicida; además, por medio de las simulaciones se obtuvo información del comportamiento de la concentración plasmática tras administrar una dosis del fármaco. Para los 100 compuestos experimentales, se hizo la predicción de 136 parámetros fisicoquímicos, farmacocinéticos y toxicológicos, usando el programa ADMET Predictor; con esta información se seleccionaron los compuestos con mayor probabilidad de ser efectivos en ensayos *in vivo*.

Conclusiones. Los métodos utilizados resultaron adecuados en la búsqueda de compuestos con actividad leishmanicida. Con toda esta información fue posible hacer una selección racional de estos compuestos y medicamentos, para aumentar la probabilidad de tener éxito en el trabajo experimental.

..... ☞☞☞

63. Determinación del papel fisiológico de la cinasa de colina/etanolamina en *Leishmania* spp.: un acercamiento a las rutas clásicas de síntesis de fosfolípidos

María F. Florez¹, Sergio Pulido^{1,2}, Iván Vélez¹, Sara Robledo¹

¹ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Karl-Franzens Universität, Graz, Austria

Introducción. El principal componente de la membrana de *Leishmania* spp. son los fosfolípidos y el más abundante es la fosfatidilcolina. Los genes relacionados con la vía clásica se encuentran anotados en algunas especies de *Leishmania* y la descripción de esta vía ofrece un campo para la búsqueda de blancos terapéuticos. Dentro de esta

vía se resalta la C/EK como blanco putativo para leishmanicidas, ya que en otros modelos ha sido propuesta como blanco.

Objetivo. Determinar el efecto fisiológico de la sobreexpresión de la cinasa de colina de *Leishmania braziliensis* (C/EKLbra) en parásitos

de *L. amazonensis* durante el desarrollo del ciclo de vida y como reacción a diferentes agentes leishmanicidas.

Materiales y métodos. Se clonó el gen que codifica para la C/EKLbra de *L. braziliensis* en el vector pIR3(-) para su expresión en un sistema homólogo (*L. amazonensis*), mediante la integración en el genoma y la posterior caracterización fenotípica de los parásitos transfectados.

Resultados. Se demostró la integración del gen C/EKLbra en el genoma de *L. amazonensis* y la sobreexpresión de la enzima. Se encontró que

la sobreexpresión de la C/EKLbra no afecta el crecimiento ni la capacidad infecciosa, y en cuanto a sensibilidad, hubo una menor sensibilidad al glucantime por parte de los transfectados.

Conclusiones. Al no encontrarse efectos fisiológicos generados por la sobreexpresión en la mayoría de los parámetros evaluados, se cree que *Leishmania* spp. hace uso de rutas alternas, como la trimetilación de la fosfatidiletanolamina. Las vías clásicas de síntesis podrían estar jugando un papel secundario en la fisiología de *Leishmania* spp., contrario a lo que se había demostrado.



64. Caracterización de proteínas que interactúan con regiones no traducidas de los ARN mensajeros del gen *LYT1* de *Trypanosoma cruzi*

Elizabeth Ruiz¹, Julián Casas¹, César A. Ramírez¹, José María Requena², Concepción J. Puerta¹

¹Laboratorio de Parasitología Molecular, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia

²Centro de Biología Molecular Severo Ochoa, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Madrid, España

Introducción. La enfermedad de Chagas, causada por *Trypanosoma cruzi*, se considera un problema de salud pública. En tripanosomátidos, la expresión génica se regula de manera posterior a la transcripción, donde las proteínas de unión a ARN juegan un papel central en procesos como la maduración, el transporte, la estabilidad, la localización y la traducción del ARN mensajero; sin embargo, se desconocen las proteínas que se unen de forma específica a elementos reguladores en cis, presentes en las regiones no traducidas (UTR) de los ARN mensajeros del gen *LYT1*. Este gen se considera un factor de virulencia de *T. cruzi*, cuyo transcrito primario sufre *trans-splicing* alternativo, originando las isoformas mLYT1 y kLYT1, involucradas en el proceso de invasión a células del huésped vertebrado y en el desarrollo del estadio epimastigote en el huésped invertebrado, respectivamente.

Objetivo. Identificar proteínas involucradas en la regulación de la expresión de las isoformas

de *LYT1*. En este trabajo, se describe una de las estrategias de búsqueda de proteínas asociadas a la regulación de la región 5' no traducida (5' UTR) de los ARN mensajeros de la isoforma kLYT1.

Materiales y métodos. La región 5' UTR del gen kLYT1 fue clonada a partir de ADN complementario (ADNc) de epimastigotes de *T. cruzi* 058PUJ (DTU I); como cebo control, se usó el ARNr de *Leishmania braziliensis*. Estas regiones se transcribieron *in vitro* para capturar y detectar proteínas de unión a ARN, mediante ensayos de *pull-down* y SDS-PAGE, respectivamente.

Resultados. Se observó la presencia de una proteína de unión a los mensajeros de kLYT1 con un peso molecular de aproximadamente 36 kDa, ausente en ensayos con el cebo control.

Conclusiones. Se requiere analizarla por espectrometría de masas y hacer ensayos de interacción adicionales, para corroborar su unión específica a motivos de ARN presentes en esta región UTR.



65. Evaluación funcional del silenciamiento de genes de macrófagos derivados de U937 por ARN de interferencia (shRNA) en un modelo de macrófagos infectados por *Leishmania (V.) braziliensis*

Clemencia Ovalle-Bracho¹, Diana Londoño-Barbosa¹, Carlos Franco-Muñoz¹, Carlos Clavijo-Ramírez²

¹ Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta, Bogotá, D.C., Colombia

² Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. El desarrollo de las leishmaniasis depende en parte de la capacidad de supervivencia y replicación del parásito dentro del macrófago; de ahí la importancia de estudiar los mecanismos moleculares implicados en la interacción entre macrófago y *Leishmania*.

Objetivo. Caracterizar un modelo celular de macrófagos derivados de células U937 que permitiera identificar fenotipos de infección inducidos por silenciamiento genético con shRNAs, en macrófagos infectados por *L. (Viannia) braziliensis*.

Materiales y métodos. Se modificó la línea celular U937 mediante transducción lentiviral para la expresión de shRNAs dirigidos contra los genes *lmna* y *gro-β*. Se utilizaron shRNA-no-relacionados como control. Las líneas celulares transducidas y la línea parental fueron diferenciadas a macrófagos y los niveles de proteínas de *LMNA* y *Gro-β* se determinaron mediante *Western blot*. Los macrófagos transducidos fueron infectados con promastigotes y se evaluó el efecto funcional del silenciamiento sobre la carga parasitaria y el porcentaje de macrófagos infectados se comparó

con la línea parental. Se utilizaron las pruebas de χ^2 y Kruskal-Wallis con múltiples comparaciones de Dunn ($p < 0,05$), para establecer las diferencias estadísticas en los parámetros de infección entre las diferentes líneas celulares.

Resultados. Las líneas celulares modificadas para la expresión de los shRNA dirigidos contra los genes *LMNA* y *Gro-β* presentaron reducción en los niveles de proteína de 87,5 % y 74,4 % respectivamente. Se encontraron diferencias estadísticas significativas en la carga parasitaria y el porcentaje de infección en las células con silenciamiento genético, siendo ambos parámetros de menor magnitud en estas células, comparadas con la línea celular parental y la línea que expresa shRNA-no-relacionados.

Conclusiones. Fue posible evidenciar cambios en el fenotipo de infección de los macrófagos en términos de carga parasitaria y porcentaje de infección como consecuencia del silenciamiento genético de los genes *LMNA* y *Gro-β*. La plataforma celular desarrollada puede ser aplicada en estudios de interacciones entre parásito y huésped.



66. Análisis de enriquecimiento funcional por Blast2GO e *Ingenuity Pathway Analysis* (IPA) de genes expresados diferencialmente entre macrófagos no infectados e infectados por *Leishmania Viannia braziliensis*

Daniel Restrepo-Montoya, Carlos Franco-Muñoz, Diana Londoño-Barbosa, Clemencia Ovalle-Bracho

Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Los ensayos de microarreglos son útiles para evaluar los cambios de expresión de genes entre macrófagos no infectados e infectados por *Leishmania* spp. En general, los resultados de microarreglos son sometidos a análisis de enriquecimiento funcional, con el fin de identificar procesos biológicos asociados a los genes diferencialmente expresados. Las herramientas *Ingenuity Pathway Analysis* (IPA) y Blast2GO son utilizadas para hacer estos análisis.

Objetivo. Comparar los resultados de las dos herramientas para la identificación de los procesos biológicos asociados a un conjunto de genes expresados diferencialmente entre macrófagos no infectados e infectados por *L. (V.) braziliensis*.

Materiales y métodos. A partir de los resultados de los ensayos de microarreglos, disponibles en la base de datos *Gene Expression Omnibus* (GEO)

(código de acceso GSE61211), se hicieron los análisis de enriquecimiento funcional. El análisis por Blast2GO se llevó a cabo para 330 secuencias; el protocolo incluyó: BLAST, mapeo de los términos *Gene Ontology* asociados a los resultados del BLAST, anotación usando el proceso de ajuste y poda según las reglas de anotación de términos asociados a GO y, finalmente, visualización y análisis estadístico. El análisis por IPA se hizo sobre la lista de 218 genes diferencialmente

expresados, siguiendo el protocolo registrado por el fabricante.

Resultados. Con las dos herramientas se identificó la biosíntesis de esteroides-colesterol, como el principal proceso biológico.

Conclusión. Las dos herramientas presentaron el mismo desempeño para la identificación de los procesos biológicos. Se resalta que el Blast2GO es una herramienta de acceso libre.

..... ☸☸☸

67. Evaluación de parámetros de inclusividad y exclusividad para el diagnóstico molecular de leishmaniasis cutánea en Colombia

Cielo Maritza León^{1,2}, Diana Carolina Hernández^{1,3}, Myriam Consuelo López², Martha Stella Ayala⁴, Juan David Ramírez¹

¹ Grupo de Investigaciones Microbiológicas-UR (GIMUR), Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

² Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

³ Red Chagas Colombia, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Los métodos moleculares se utilizan ampliamente en el diagnóstico de la leishmaniasis, al detectar ADN en cantidades mínimas (fg). Para un óptimo diagnóstico molecular, es necesario hacer ensayos de inclusión con todas las especies de *Leishmania* de importancia en salud pública y someter a los mismos ensayos a aquellos microorganismos que se reporten para el diagnóstico diferencial.

Objetivo. Hacer pruebas de inclusión y exclusión para el diagnóstico molecular de leishmaniasis cutánea, utilizando cuatro blancos genéticos mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR) convencional y en tiempo real.

Métodos. Ensayo de inclusión: se utilizaron seis cepas de *Leishmania* (*L. braziliensis* MHOM/BR/75/M2903, *L. panamensis* MHOM/PA/71/LS94, *L. guyanensis* MHOM/BR/75/M4147, *L. amazonensis* IFLA/BR/67/PH8, *L. mexicana* MHOM/BZ/82/BEL21, *L. infantum* MHOM/TN/80/IPT1), las cuales se sometieron a PCR convencional y en tiempo real, utilizando como blancos genéticos el gen que codifica para la proteína de choque térmico HSP-70, el gen *ITS-1*, la región hipervariable del ADN del cinetoplasto (ADNk) y la subunidad pequeña

de ARN ribosómico 18S. Ensayo de exclusión: se sometieron a los mismos ensayos moleculares ADN de *Trypanosoma cruzi*, de *Trypanosoma rangeli*, de *Mycobacterium tuberculosis* y de *Sporothrix schenckii*.

Resultados. Después de analizar los perfiles de PCR de las cepas de *Leishmania* y de los organismos de diagnóstico diferencial de la leishmaniasis cutánea, se observó que los cuatro blancos genéticos amplifican todas las cepas de *Leishmania* en ambas plataformas moleculares, mientras que no se observa perfil de amplificación para los cuatro microorganismos de diagnóstico diferencial.

Conclusiones. La inclusión de todas las especies de *Leishmania* de importancia médica en el diagnóstico molecular utilizando blancos genéticos específicos para el organismo diana, proporciona una importante herramienta para obtener resultados con gran sensibilidad diagnóstica y es recomendable hacer el diagnóstico diferencial con enfermedades que suelen presentar sintomatología similar a la de la leishmaniasis cutánea. En el futuro, se incluirán en el diagnóstico diferencial *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pyogenes*, *Histoplasma capsulatum*, y *Fonsecaea pedrosoi*.

..... ☸☸☸

68. Clonación y expresión de una catepsina L de un aislamiento colombiano de *Paragonimus* sp.: un primer paso para la obtención de un antígeno recombinante con posible utilidad en el diagnóstico inmunológico de la paragonimosis en Colombia

Carlos A. Montoya, María F. Flórez, Sergio Pulido, Mónica Uruburu,
Andrés Montoya, Luz Elena Velásquez, Sara Robledo

Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET,
Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La paragonimosis es producida por el trematodo *Paragonimus* sp. En Colombia, el diagnóstico es parasitológico, pero su utilidad se limita a infecciones crónicas. Se requiere disponer de técnicas más sensibles. Los extractos crudos del parásito son los antígenos comúnmente utilizados, pero presentan reacción cruzada con antígenos de otros trematodos. La catepsina L se vislumbra como un antígeno adecuado, ya que se expresa en todos los estadios, cumple funciones biológicas en la interacción entre parásito y huésped y es inmunogénica.

Objetivo. Producir la catepsina L recombinante a partir de un aislamiento colombiano de *Paragonimus* sp., con el propósito de disponer de un antígeno que se pueda evaluar posteriormente para usarlo en el diagnóstico inmunológico de la paragonimosis en Colombia.

Materiales y métodos. A partir de DNAC del aislamiento y con iniciadores diseñados a partir de la secuencia DQ016548.1 de GenBank, se amplificó un gen que codifica para la enzima. El gen se clonó en el vector pJET1.2/blunt y se subclonó en

el vector de expresión pET28a+. La clonación se verificó por digestión con enzimas de restricción y secuenciación. Por bioinformática se establecieron la identidad y la relación biológica con proteínas reportadas en GenBank. Finalmente, la proteína recombinante se expresó en el sistema pET28a(+)/proteína recombinante/*E. coli*BL21 DE3 y se indujo con IPTG.

Resultados. La proteasa recombinante mostró un ORF de 975, 325 aa, PM 25 – 35 kDa, con 68 a 89 % de identidad de secuencia y homología con proteasas de *P. westermani* y con menos de 58 % de identidad de secuencia con otras especies de trematodos. Presentó residuos conservados del sitio catalítico y motivos estructurales característicos de endopeptidasas de la subfamilia catepsina L.

Conclusiones. La escasa identidad de secuencia de catepsina L recombinante obtenida del aislamiento de *Paragonimus* sp. respecto a otros trematodos, le confiere potencial como antígeno para ser validado en pruebas para diagnóstico inmunológico.



69. Identificación de potenciales biomarcadores del resultado terapéutico en la leishmaniasis cutánea causada por *Leishmania panamensis*

Julieth Murillo¹, Mariana Rosales¹, Andrés Castillo², María Adelaida Gómez¹

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM), Cali, Colombia

² Universidad ICESI, Facultad de Ciencias Naturales, Departamento de Ciencias Biológicas, Cali, Colombia

Introducción. La respuesta terapéutica en la leishmaniasis cutánea es multifactorial, siendo aún desconocidos los factores del huésped que regulan la exposición del parásito intracelular al medicamento.

Objetivo. Identificar macromoléculas del huésped involucradas en la actividad antileishmania del antimonio de meglumina y la identificación de polimorfismos de un solo nucleótido no sinónimos (nsSNP) que puedan afectar su expresión o función.

Métodos. Para la selección de genes candidatos se integraron resultados de dos aproximaciones experimentales:

1) análisis de expresión diferencial de genes mediante RNA-Seq (n=2 por grupo), y perfilamiento de expresión de transportadores y enzimas metabólicas (n>15 por grupo) de macrófagos de pacientes que curaron o no curaron con el tratamiento con Glucantime®, y

2) genes que participan en la supervivencia intracelular de *Leishmania* spp. identificados por librerías de shRNA. La búsqueda de nsSNP se hizo en las bases de datos dbSNP, UniProt y GeneCard.

Resultados. Se identificaron genes codificantes para transportadores de membrana de tipo ATP Binding Cassette (ABC), ABCB1, ABCB6 y ABCC1, y la acuaporina-1 (AQP1), y del agente desintoxicante MT2A, como moléculas que potencialmente influyen la respuesta terapéutica. Se estableció un flujograma de selección de variantes basado en criterios de priorización, como su relación con otras enfermedades infecciosas o inmunológicas, la frecuencia alélica y el efecto funcional del

polimorfismo, entre otros. Se identificaron 34 variantes génicas entre los cinco genes estudiados y se priorizaron para genotipificación 25 nsSNP.

Conclusiones. La implementación de tecnologías de alto y mediano rendimiento, como RNA-Seq y librerías de shRNA, permitieron identificar potenciales moléculas involucradas en la actividad antimicrobiana de compuestos antimoniales y en la supervivencia intracelular de *Leishmania* spp. La selección de un panel de variantes basado en el análisis de múltiples genes que potencialmente median el transporte, la acumulación y la detoxificación de antimoniales, permitirá un análisis más robusto de su relación con el resultado terapéutico en la leishmaniasis cutánea.



70. Efecto de las excreciones y secreciones larvarias de *Lucilia sericata* y *Sarconesiopsis magellanica* sobre *Leishmania panamensis* en un modelo *in vitro*

Juliana Laverde¹, María Echeverry¹, Felio Bello²

¹ Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

² Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Poco se sabe del efecto que tienen las excreciones y las secreciones larvarias contra parásitos del género *Leishmania*. En el presente estudio se evaluó, por primera vez, la actividad antiparasitaria de las excreciones y las secreciones larvarias derivadas de las moscas necrófagas *Lucilia sericata* y *Sarconesiopsis magellanica*, sobre *L. panamensis* en un modelo *in vitro*.

Metodología. Las excreciones y las secreciones larvarias de las moscas se utilizaron en diferentes concentraciones, con el fin de determinar, mediante el método de resazurina y calculando la concentración inhibitoria 50 (IC₅₀), el efecto sobre los promastigotes del parásito y la citotoxicidad de los macrófagos (línea celular U937). Asimismo, por microscopía de luz y utilizando la coloración de Giemsa, se evaluó el efecto de las excreciones y las secreciones larvarias sobre los amastigotes de *L. panamensis*, estableciendo porcentaje de infección y carga parasitaria para los diferentes puntos de concentración de las excreciones y secreciones.

Resultados. Los valores de IC₅₀, registrados en la evaluación citotóxica de las excreciones

y secreciones larvarias de *L. sericata* sobre los macrófagos, estuvieron en el rango de 49,30 µg/ml a 93,73 µg/ml, mientras que con las excreciones y secreciones larvarias tomadas de *S. magellanica*, los datos oscilaron entre 43,49 µg/ml y 69,78 µg/ml. Asimismo, la sensibilidad de los promastigotes a la acción de las excreciones y las secreciones larvarias de *L. sericata*, tuvieron IC₅₀ con valores mayores (32,23 µg/ml y 69,72 µg/ml), comparados con los obtenidos a partir de las derivadas de *S. magellanica* (24,30 µg/ml y 26,25 µg/ml). Por otro lado, se demostró que los porcentajes de infección y carga parasitaria disminuyeron, incluso empleando concentraciones más bajas en los tratamientos con las excreciones y secreciones larvarias de ambas moscas, comparados con el control positivo (Glucantime®).

Conclusión. Los resultados evidenciaron el efecto leishmanicida de las excreciones y secreciones larvarias de ambas moscas contra el parásito; sin embargo, este se comprobó en concentraciones menores con la especie *S. magellanica*.



71. Diseño y validación de una PCR-dúplex para la detección de infección natural con *Leishmania* spp. en flebotominos

Natalia Lastre-Meza, Alveiro Pérez-Doria, Eduar E. Bejarano

Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. Los métodos basados en reacción en cadena de la polimerasa (PCR), son una de las herramientas más usadas en la búsqueda de infección natural. Sin embargo, aunque son muy sensibles y específicos, están sujetos a la posibilidad de falsos negativos. En el presente trabajo se evaluó un blanco endógeno como control interno en una PCR-dúplex aplicable a la detección de *Leishmania* spp. en insectos flebotomíneos.

Materiales y métodos. A partir de una revisión bibliográfica y con herramientas bioinformáticas, se seleccionaron dos juegos de cebadores que comparten la misma temperatura de hibridación. Estos amplifican la región conservada del minicírculo de *Leishmania* spp. y el gen nuclear Period (*Per*) de *Lutzomyia* spp., este último relacionado con el ritmo circadiano. El ensayo se hizo por triplicado con un grupo de diez hembras de *Lutzomyia evansi*, alimentadas con sangre cebada

con *Leishmania braziliensis*, cinco hembras sin alimentar y una cepa de referencia. Se usó una temperatura de alineamiento de 60 °C durante 40 segundos. Los productos fueron separados por electroforesis en gel de agarosa.

Resultados. En los flebotominos no infectados se observó un fragmento de 266 pb correspondientes al gen *Per*, mientras que en los especímenes infectados se obtuvo un amplicón adicional de 120 pb que corresponde al minicírculo de *Leishmania* spp. En cepas del parásito solo se observó este último producto. En ambos grupos de flebotominos se visualizaron muestras en las que no amplificó el control interno, por lo cual fueron invalidadas.

Conclusiones. La PCR dúplex para la detección de *Leishmania* spp. permite descartar resultados falsos negativos de infección y tener estimaciones más fidedignas sobre las tasas de infección.



72. Aspectos ecoepidemiológicos del huésped intermediario de *Fasciola hepatica* en la granja experimental ISER del municipio de Pamplona, Norte de Santander

Virginia Hernández-Suescun¹, Luz Elena Velásquez-Trujillo², Wlida M. Becerra-Rozo¹

¹ Semillero de Investigaciones en Enfermedades Parasitarias y Parasitología, Universidad de Pamplona, Pamplona, Colombia

² Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. En esta investigación se determinaron los aspectos ecoepidemiológicos del molusco y la especie del limneido en Pamplona, Colombia.

Materiales y métodos. Los moluscos (n=580) se recolectaron cada mes (n=80) y la investigación abarcó de junio a diciembre de 2013. A cada uno se le determinaron factores abióticos, bióticos y el modelo estadístico de regresión logística binaria, asociando algunas variables a la infección: sustrato, meses de muestreo, longitud de concha y abertura, temperatura del suelo y peso (g). Usando microdissección y micrometría, a los moluscos se les midió la bolsa del pene y del prepucio (n=30). Se extrajo ADN del tejido del pie de tres ejemplares con el kit *DNeasy Blood & Tissue*,

Qiagen®; el ADN se amplificó por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) con los cebadores universales desarrollados por Folmer, *et al.*, para el gen *COI*. Las secuencias se editaron usando el programa BioEdit, versión 7.0.9, y se determinaron los porcentajes de identidad de estas secuencias utilizando la herramienta BLAST. Las secuencias se analizaron por el método de *neighbour-joining* con corrección de distancias genéticas, bajo el modelo de sustitución nucleotídica Kimura 2-parámetros y un *bootstrap* de 1.000 réplicas, usando MEGA v4.02.

Resultados. Los resultados obtenidos fueron: musgo, 53,9 % (n=76), noviembre con 78,8 % (63), suelo húmedo de 56,8 % (67), mayor luminosidad

entre 801 y 1.200 con 58,2 % (57), longitud de concha y abertura pequeña 92,9 % (13) y 56,5 % (216), respectivamente, la temperatura del suelo fue mayor de 18° C para 62,9 % (61) y el peso fue mayor de 0,0146 g con 53,1 % (102). La longitud de la bolsa del pene fue 0,44X más corta que el prepucio.

Conclusiones. La ecoepidemiología en la zona de estudio cumple ciertos factores climáticos y ambientales, que influyen en la dinámica de transmisión de la infección. Se confirma con el COI que la especie es *Galba truncatula* y se reporta el segundo registro de este molusco para Colombia.



73. Factores asociados con la resistencia o sensibilidad a la infección por virus del dengue en cepas de *Aedes aegypti* recolectadas en campo, usando un análisis comparativo basado en microarreglos

Paola A. Caicedo¹, Carl Lowenberger², George Dimopoulos³, Idalba Serrato¹, Neal Alexander¹, Clara Ocampo¹

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM), Santiago de Cali, Colombia

² Department of Biological Sciences, Simon Fraser University, Burnaby BC, Canada

³ Department of Molecular Microbiology and Immunology, Malaria Research Institute, Bloomberg School of Public Health, Johns Hopkins University, Baltimore, MD, USA

Introducción. En los últimos años se ha avanzado notablemente en el conocimiento sobre el dengue, en particular, en el desarrollo de vacunas, la caracterización de la respuesta inmunológica y en las propiedades moleculares del virus. No obstante, todavía hay muchos aspectos que deben ser investigados en cuanto a su transmisión por *Aedes aegypti*.

En el CIDEIM hemos desarrollando investigaciones dirigidas al estudio de las relaciones entre el virus y el vector, orientadas a la respuesta inmunológica de *A. aegypti* durante la infección con el virus del dengue (DENV). Para ello, se seleccionaron dos cepas de *A. aegypti* de Cali con diferente sensibilidad a la infección por DENV, a partir de mosquitos recolectados en campo: una cepa sensible (Cali-S, 96 %) y otra resistente con barrera a la infección en el intestino medio (Cali-RBIM, 50 %).

Objetivo. Determinar hasta qué punto la respuesta inmunológica afecta la sensibilidad y la resistencia del intestino medio de *A. aegypti* a la infección por DENV e identificar genes utilizados por los mosquitos para eliminar el virus.

Materiales y métodos. Mediante microarreglos, se comparó la expresión génica en intestinos medios de las cepas Cali-BIM y Cali-S, después de la ingestión de azúcar, sangre o sangre + vDEN-2, 30 horas después de la alimentación. Se

hicieron comparaciones entre la expresión génica entre las cepas, por medio de gráficas y un modelo de regresión múltiple, para el cual se validan los supuestos y se selecciona el mejor modelo.

Resultados. Los resultados indicaron la expresión de 3.761 genes. Se han identificado 165 genes relacionados con inmunidad. Se seleccionaron 12 genes para evaluar su expresión diferencial a diferentes puntos después de la infección (0, 8, 24, 36 y 48 horas) por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) cuantitativa. Estos análisis confirmaron la predominancia de genes poco regulados en Cali-MIB comparado con Cali-S. Sin embargo, en tiempos tempranos de la infección, algunos genes fueron sobreexpresados, lo cual sugiere una respuesta temprana para eliminar el virus. Finalmente, se evaluó el rol de cuatro genes en la infección por DENV, usando ensayos de ARNi. Se observó que el silenciamiento de genes poco regulados *GNBP*, *Cathepsin-b* y *Galectin*, cambió el fenotipo de Cali-S de 96 % a 8, 20 y 12 %, respectivamente. El gen sobreexpresado, *Niemann*, cambió el fenotipo de Cali-BIM de 50 % a 18 %.

Conclusiones. Este estudio provee una revisión global de la expresión génica en cepas sensibles y resistentes. Además, valida el uso de cepas como un modelo biológico importante para estudiar la relación entre virus del dengue y vector.



74. Expresión de la enzima dipeptidil-peptidasa 3 recombinante de *Leishmania braziliensis* y evaluación preliminar de la actividad enzimática en promastigotes sometidos a estrés térmico

Jenny R. Díaz¹, Paola A. Nocua¹, César A. Ramírez¹, José M. Requena², Concepción J. Puerta¹

¹ Laboratorio de Parasitología Molecular, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia

² Centro de Biología Molecular Severo Ochoa, Universidad Autónoma de Madrid, Madrid, España

Introducción. La leishmaniasis es producida por parásitos del género *Leishmania*. En Colombia, se presenta principalmente la leishmaniasis cutánea y la mucocutánea, siendo *Leishmania braziliensis* uno de los principales agentes etiológicos. Actualmente, no existe un tratamiento eficaz contra la misma. Sin embargo, las proteasas del parásito se han planteado como blancos terapéuticos importantes. La dipeptidil-peptidasa 3 (DPP3), responsable de degradar péptidos de 3 a 10 aminoácidos, podría estar involucrada en la nutrición del parásito, al igual que otras enzimas dipeptidasas.

Objetivo. Evaluar, de forma preliminar, la actividad de DPP3 en promastigotes de *L. braziliensis* sometidos a estrés térmico, y de la enzima recombinante, para su futura caracterización y evaluación como blanco terapéutico.

Materiales y métodos. Se obtuvo extracto de proteína soluble de promastigotes cultivados a 26 °C y a 35 °C con CO₂ al 5 %. Por otro lado, se amplificó el gen *LbrM.05.0940*. El fragmento de

2.052 nt fue subclonado en pQE30 y expresado en *E. coli* M15. La enzima se conservó en glicerol. La actividad enzimática se midió usando el Fluorogenic DPP3 Assay Kit.

Resultados. Se observó mayor actividad enzimática en extractos de promastigotes cultivados a 35 °C que a 26 °C. Por otro lado, la rLbDPP3, aunque se recuperó activa a partir del sobrenadante de *E. coli*, perdió su actividad tras la purificación en columnas de Ni/NTA. De manera que los ensayos enzimáticos se hicieron usando la enzima presente en los sobrenadantes de los cultivos de *E. coli*, detectándose una baja actividad. Estudios *in silico* demostraron que la cola de histidinas del extremo N-terminal de la proteína recombinante, interfiere con el sitio activo de la enzima, lo cual podría ser la causa de la baja actividad evidenciada experimentalmente.

Conclusión. Los promastigotes de *L. braziliensis* sometidos a estrés térmico presentan mayor actividad dipeptidasa que bajo condiciones normales.

..... ☞☞☞

75. El análisis *in silico* de la región 3'UTR del gen *LYT1* de *Trypanosoma cruzi* sugiere interacción con las proteínas TcUPB1 y TcRBP3

Julián C. Casas-Vargas¹, César A. Ramírez¹, José M. Requena², Concepción J. Puerta¹

¹ Laboratorio de Parasitología Molecular, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia

² Centro de Biología Molecular Severo Ochoa, Universidad Autónoma de Madrid, Madrid, España

Introducción. La enfermedad de Chagas es un problema de salud pública que ocasiona altas tasas de morbilidad y mortalidad. *Trypanosoma cruzi*, el agente etiológico de esta enfermedad, regula su expresión génica por medio de mecanismos posteriores a la transcripción que afectan la maduración, el transporte, la estabilidad y la abundancia de los transcritos, como resultado de interacciones entre motivos de ARN localizados en las regiones no traducidas (UTR) de los mensajeros

y proteínas reguladoras. El control posterior a la transcripción de factores de virulencia, le permite al parásito una rápida adaptación a cambios ambientales. Un factor implicado en invasión a células del huésped, es la proteína LYT1.

Objetivo. Identificar *in silico* posibles elementos *cis* de la región 3'UTR del ARN mensajero del gen *LYT1* de *T. cruzi*, lo que en un futuro podría ayudar a elucidar los mecanismos que controlan la expresión de este gen.

Materiales y métodos. Con la secuencia 3'UTR del ARNm de LYT1 de la cepa Tc058PUJ, se hizo la búsqueda de motivos, teniendo en cuenta lo reportado por Noé, *et al.*, en el artículo "Functionally related transcripts have common RNA motifs for specific RNA-binding proteins in trypanosomes" (2008). La búsqueda de motivos se hizo con las herramientas libres MEME (<http://meme.nbcr.net/meme/>) y Segal (<http://132.77.150.113/pubs/rnamotifs08/index.html>). Para la predicción de estructuras

secundarias se usó RNAfold (<http://rna.tbi.univie.ac.at/cgi-bin/RNAfold.cgi>).

Resultados. Se encontraron tres motivos en la región 3'UTR, que presentan similitudes con elementos *cis* previamente reportados por su afinidad con las proteínas TcUBP1 y TcRBP3.

Conclusión. La presencia de los motivos encontrados en la región 3'UTR de los mensajeros de LYT1, sugiere una posible interacción de estos mensajeros con las proteínas TcUBP1 (U-rich RNA-Binding Protein) y TcRBP3 (RNA-Binding Protein).



76. Localización celular y evaluación de la afinidad de las proteínas codificadas por los genes *LbrM.25.2210* y *LbrM.30.3080* por elementos reguladores de ARN

Paola A. Nocua¹, César A. Ramírez¹, José M. Requena², Concepción J. Puerta¹

¹Laboratorio de Parasitología Molecular, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia

²Centro de Biología Molecular Severo Ochoa, Universidad Autónoma de Madrid, Madrid, España

Introducción. La leishmaniasis es endémica en casi todo el territorio colombiano, siendo *Leishmania braziliensis* una de las especies de mayor importancia causante de leishmaniasis cutánea y mucocutánea. Dados los fracasos terapéuticos y la falta de nuevos medicamentos, se busca identificar blancos terapéuticos responsables de regular proteínas esenciales del parásito. En estudios de afinidad de la región 3'UTR de los genes *HSP70-II* con proteínas de *L. braziliensis*, se identificaron dos proteínas hipotéticas, codificadas por los genes *LbrM.25.2210* y *LbrM.30.3080*, lo cual sugiere su posible papel regulador en la expresión de los genes *HSP70*.

Objetivo. Evaluar la localización celular y la afinidad de proteínas codificadas por los genes *LbrM.25.2210* y *LbrM.30.3080*, por putativos elementos reguladores de ARN, lo cual puede contribuir al descubrimiento de mecanismos que regulen la expresión de los genes *HSP70* de *L. braziliensis*.

Materiales y métodos. Los genes *LbrM.25.2210* y *LbrM.30.3080*, fueron amplificados, clonados,

secuenciados y subclonados en pQE-30 para transformar células de *E. coli* M15. La purificación se hizo en presencia de urea mediante cromatografía de afinidad con renaturalización posterior en columna; su pureza se analizó mediante PAGE-SDS. La región 3'UTR-II de los genes *HSP70* de *L. braziliensis* y dos de sus elementos identificados *in silico*, se usaron en ensayos de *pull down* y *EMSA*. Se obtuvieron anticuerpos policlonales en conejo, contra las proteínas recombinantes.

Resultados. Las proteínas *LbrM.25.2210* y *LbrM.30.3080* presentaron afinidad significativa por un motivo ARE de 51 nucleótidos. Por otro lado, estas proteínas están principalmente asociadas a la fracción citoplasmática a 26 °C, mientras que en choque térmico (37 °C) parecen estar asociadas con la fracción nuclear principalmente.

Conclusión. Estas proteínas se unen específicamente a uno de los dos elementos reguladores identificados en la región 3'UTR-II. Asimismo, se ha encontrado que las proteínas sufren una relocalización celular, bajo estrés térmico.



77. Identificación de una enzima 'desubicuitinadora' de tipo OTU en *Giardia intestinalis*

Eliana P. Calvo^{1,2}, Moisés Wasserman¹

¹Laboratorio de Investigaciones Básicas en Bioquímica, LIBBIQ, Universidad Nacional, Bogotá, D.C., Colombia

²Laboratorio de Virología, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La 'ubiquitinación' es una modificación posterior a la traducción que consiste en la unión covalente de una o varias moléculas de ubiquitina a una proteína blanco, que conduce a cambios en su estabilidad, localización o actividad. Es un proceso dinámico y reversible por la existencia de enzimas que remueven la señal de ubiquitina, denominadas 'desubiquitinadoras'. La 'ubiquitinación' y 'desubiquitinación' regula un amplio espectro de procesos fundamentales para una célula eucarionte, como progresión en el ciclo celular, endocitosis, tráfico intracelular, reparación de ADN, transcripción, señalización y diferenciación, entre otras.

Recientemente, nuestro grupo hizo una búsqueda exhaustiva de los componentes del sistema de ubiquitinación del genoma de *Giardia intestinalis*. Utilizando sistemas inteligentes basados en el modelo oculto de Markov, se identificaron 103 genes relacionados; 12 corresponden a enzimas 'desubiquitinadoras', y una de ellas pertenece a la familia OTU.

Objetivo. Establecer si el ortólogo *otu* identificado en el genoma de *G. intestinalis* se expresa en

el estadio de trofozoíto y presenta la actividad 'desubiquitinadora' predicha *in silico*.

Materiales y métodos. La región codificante del gen se amplificó por RT-PCR, se clonó en un vector de expresión y se utilizó para producir una proteína de fusión en *Escherichia coli*. La proteína recombinante se purificó y se utilizó en ensayos de actividad enzimática y para la producción de un anticuerpo policlonal que permitiera la inmunodetección de la proteína por inmunofluorescencia y *Western-blot*.

Resultados. En el ensayo de actividad 'desubiquitinadora', la proteína recombinante GST-GIOTU liberó ubiquitina libre al actuar sobre un sustrato sintético de poliubiquitina. El anticuerpo producido detectó la proteína en extractos proteicos del parásito como una banda de 36 kDa (tamaño predicho a partir de la secuencia de nucleótidos) y en células completas en el citoplasma del trofozoíto.

Conclusión. Este trabajo es la primera evidencia experimental de actividad 'desubiquitinadora' de tipo OTU en *G. intestinalis*.

..... ☸☸☸

78. Diagnóstico de *Babesia* spp. en garrapatas mediante microscopía de hemolinfa y PCR

Juliana González, Andrés Holguín, Alberto Tobón

Grupo Malaria, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La babesiosis es una zoonosis causada por protozoarios intraeritrocíticos del género *Babesia*; son transmitidos por garrapatas de la familia Ixodidae, géneros *Ixodes* y *Rhipicephalus*. *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*, garrapata común del ganado, es el principal vector de *Babesia bovis* y *B. bigemina*.

Materiales y métodos. Es un estudio de prevalencia en los municipios de Turbo y Necoclí (Colombia). Se tomó sangre para diagnóstico molecular, serológico y microscópico, y captura de garrapatas con incubación de siete días para prueba de hemolinfa, taxonomía (clave de Labruna) y extracción de ADN de glándulas salivales. Se estudió la presencia de garrapatas, en conjunto, para cada bóvido.

Resultados. Se muestrearon 30 predios en 15 corregimientos; se hizo muestreo de 202 bóvidos y se recolectaron 514 garrapatas; en Necoclí, 56 %

(40) de los bovinos estaban parasitados por *R. microplus* y, 3 % (2), por *Amblyoma cajennense*; en Turbo, el 76 % (96) estaban parasitados por *R. microplus*, 2 % (3), por *A. cajennense*, y 1 % (1), por estas dos especies. Por diagnóstico de hemolinfa, entre 220 especímenes, se encontraron 23 (11 %) infectados con *Babesia*. Mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR) se identificó *B. bigemina* en las garrapatas de 40 de 142 (28 %) conjuntos y *B. bovis* en 14 (10 %) conjuntos; el 32 % de *B. microplus* y el 50 % de *A. cajennense*, se encontraron parasitados.

Conclusiones. *Rhipicephalus microplus* fue el vector más frecuente en los sitios de estudio; el examen de hemolinfa subestima la frecuencia de infección. *Amblyoma cajennense* se encontró en ganado bovino. Se obtuvo un resultado positivo para *Babesia* sp. en 38 % en las garrapatas estudiadas.

..... ☸☸☸

Tema 8

BIOLOGÍA Y CONTROL DE VECTORES

79. Dispersión de *Musca domestica* Linnaeus, 1758, desde el relleno sanitario Doña Juana hacia los sectores de Mochuelo Alto y Mochuelo Bajo de la localidad de Ciudad Bolívar en Bogotá

Sandra Marroquín¹, Ligia Moncada², Diego Córdoba², Marco Rojas², Martha Quiñones², Libardo Rentería³

¹ Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá, D.C., Colombia

² Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

³ Secretaría Distrital de Salud, Alcaldía Mayor de Bogotá, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Los sectores Mochuelos Alto y Mochuelo Bajo en la localidad de Ciudad Bolívar en Bogotá, están ubicados cerca del relleno sanitario Doña Juana, donde se deposita la mayor cantidad de residuos sólidos de la ciudad. Los habitantes de esta zona se ven afectados por los malos olores y por la proliferación de moscas en sus casas.

Objetivo. Determinar la dispersión de las moscas desde el relleno sanitario Doña Juana hacia los sectores Mochuelo Alto y Mochuelo Bajo.

Materiales y métodos. Se hicieron capturas dentro de las casas con el fin de establecer el índice de sinantropía; además, se ensayaron tres cebos para establecer el de mayor eficiencia en la captura de individuos de *Musca domestica*. Para el proceso de marcación, captura y recaptura, se recolectaron individuos en el frente de disposición, mediante trampas diseñadas y elaboradas en el Laboratorio de Entomología Médica de la Universidad Nacional.

Resultados. El cebo más eficiente fue el elaborado con material vegetal doméstico de

deshecho en descomposición; en las trampas con dicho cebo se capturaron individuos de las familias Anthomyidae, Calliphoridae, Muscidae, Sarcophagidae y Drosophilidae, con una abundancia relativa de *M. domestica* de 97,53 %. En el período de transición entre época seca y época lluviosa, se capturaron 2.490 individuos en el relleno sanitario. En el período seco se liberaron 2.894 individuos marcados. Para la recaptura, se escogieron al azar 52 individuos, donde se dispusieron trampas pegajosas que se recogían cada dos días; en el laboratorio se contaron y analizaron bajo estereoscopio para observar la marcación. Se capturó un espécimen en Mochuelo Bajo y otro en Mochuelo Alto, a 830 m y 1.260 m, respectivamente, desde el sitio de liberación en el relleno sanitario.

Conclusiones. El estudio confirma la dispersión de individuos de *M. domestica* desde el relleno sanitario Doña Juana hasta las casas de los sectores de los Mochuelos y evidencia los hábitos sinantrópicos de esta especie.

..... ☼☼☼

80. Presencia de *Aedes albopictus* (Skuse) (Diptera: Culicidae) en el municipio de Istmina (Chocó) y su importancia epidemiológica

José Joaquín Carvajal^{1,2}, Nildimar Honório², Silvia Patricia Díaz³, Edinso Rafael Ruiz², Jimmy Asprilla³, Susanne Ardila⁴, Gabriel Parra-Henao⁵

¹ Laboratório de Doenças Parasitárias, Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brasil

² Laboratório de Mosquitos Transmissores de Hematozoários, Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brasil

³ Secretaría de Salud Departamental del Chocó, Quibdó, Colombia

⁴ Laboratorio de Entomología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia ⁵ Grupo de Epidemiología y Bioestadística, Universidad CES, Medellín, Colombia

Introducción. *Aedes albopictus* es una especie ampliamente distribuida en las regiones tropicales y en los países templados. En las Américas fue detectado por primera vez en 1985, donde se ha demostrado su importancia como vector del virus del chikunguña y como vector potencial del dengue y otras arbovirosis. En Colombia, *Ae. albopictus* fue detectado en Leticia (Amazonas) en 1998, posteriormente en Buenaventura (Valle del Cauca) en 2001, en Barrancabermeja (Santander) en 2010, en Medellín (Antioquia) en 2011, y actualmente se encuentra distribuido en 10 departamentos..

Objetivo. Informar la presencia de *Ae. albopictus* en el municipio de Istmina, Chocó, y su importancia epidemiológica.

Materiales y métodos. Se hizo una búsqueda activa de criaderos de *Aedes* spp. en 72 viviendas de tres barrios del municipio de Istmina durante enero de 2015, dentro de las actividades del proyecto “Descripción etnoepidemiológica y entomológica del dengue en población afrodescendiente en

el municipio de Istmina”, llevado a cabo por la Universidad CES y el Instituto Oswaldo Cruz, en cooperación con la Secretaría de Salud Departamental del Chocó y municipal de Istmina. Se tomaron muestras de las formas inmaduras de cada depósito positivo, se identificaron en el Laboratorio Departamental de Salud Pública del Chocó, y se hizo la confirmación taxonómica en el Laboratorio de Entomología de la Subdirección de la Red Nacional de Laboratorios del Instituto Nacional de Salud.

Resultados. Se encontraron seis criaderos con formas inmaduras de *Aedes* spp., de los cuales, en cuatro criaderos había larvas de *Ae. aegypti* (31); en uno, larvas de *Ae. albopictus* (2), y en otro, larvas de *Ae. albopictus* (10) y *Ae. aegypti* (31).

Conclusiones. Se registra la presencia de *Ae. albopictus* en el municipio de Istmina, ampliando su distribución en el país, y se ratifica su importancia epidemiológica como vector de los virus del dengue, del chikunguña y de otras arbovirosis, que circulan actualmente en el país.



81. Comportamiento de oviposición de los mosquitos transmisores de la malaria y su impacto en el desarrollo de nuevas estrategias de control vectorial: enseñanzas desde África

Manuela Herrera-Varela^{1,2}, Michael N. Okal^{1,2}, Jenny Lindh³, Steve W. Lindsay⁴, Ulrike Fillinger^{1,2}

¹ Department of Diseases Control, London School of Hygiene and Tropical Medicine, London, United Kingdom

² International Centre for Insect Physiology and Ecology (ICIPE), Thomas Odhiambo Campus, Mbita, Kenya

³ Royal Institute of Technology, Stockholm, Sweden

⁴ School of Biological and Biomedical Sciences, Durham University, Durham, United Kingdom

Introducción. Se requieren con urgencia nuevas estrategias para controlar los vectores de la malaria, dado que la eficiencia de las actuales medidas de control se ve disminuida por el incremento de su resistencia a los piretroides y de las poblaciones de mosquitos exofílicos que pican a tempranas horas de la noche, cuando las personas no están protegidas con toldillos u otras medidas intradomiciliarias. Hasta ahora hay un conocimiento incipiente de los factores usados por los mosquitos *Anopheles* spp. para localizar y seleccionar sus sitios de cría. Sin embargo, el determinar estos factores permitiría identificar y eliminar los sitios de cría más productivos, o utilizarlos como trampas atrayentes.

Objetivo. Describir el proceso de identificación y evaluación del primer atrayente de oviposición

del principal vector de la malaria africana, *Anopheles gambiae*.

Materiales y métodos. Se recolectaron compuestos orgánicos volátiles a partir de infusiones de suelos provenientes de criaderos naturales y se analizaron mediante cromatografía de gases acoplada a un espectrómetro de masas. La respuesta de oviposición de las hembras grávidas a los compuestos químicos identificados, se evaluó por medio de bioensayos de jaula, experimentos en semicampo y campo.

Resultados. El cedrol, un alcohol sesquiterpénico, fue uno de los compuestos volátiles liberado por las infusiones del suelo. Este compuesto está ampliamente distribuido en los sitios de cría alrededor del lago Victoria en Kenia y, por tal motivo, fue seleccionado para hacer posteriores análisis de

comportamiento. En bioensayos de jaula y en semicampo, los substratos que contenían cedrol atrajeron el doble de mosquitos grávidos que los controles con agua. En el campo, en las trampas en las que se utilizó cedrol como atrayente, se recolectaron tres veces más vectores de malaria que aquellas con solo agua.

Conclusión. El cedrol es el primer compuesto confirmado como atrayente de oviposición para *An. gambiae*. Este descubrimiento abona el camino para el desarrollo de nuevas estrategias que empleen atrayentes, repelentes e insecticidas para el control de vectores de malaria.

..... ☙☙☙

82. Experiencias del Proyecto Malaria Colombia, 2010-2014, Unidad Básica de Entomología, Laboratorio de Salud Pública del Cauca, Programa de Enfermedades Transmitidas por Vectores

Carlos Andrés Morales¹, Luz Adriana Olaya², Gabriela Rey², Anderson Piamba³, Victoria Eljach¹

¹ Secretaría de Salud del Cauca, Laboratorio de Salud Pública, Popayán, Colombia

² Secretaría de Salud del Cauca, Área de Salud Ambiental, Popayán, Colombia

³ Secretaría de Salud del Cauca, Programa de ETV, Popayán, Colombia

Introducción. El Proyecto Malaria Colombia fue financiado por el Fondo Mundial de Lucha contra el Sida, la Tuberculosis y la Malaria, el cual complementó acciones de forma coordinada con el Programa de Enfermedades Transmitidas por Vectores. Este proyecto se ejecutó en los departamentos colombianos donde se concentra el 80 % de la carga de malaria.

Objetivo. Recopilar las experiencias del proyecto desde la Unidad Básica de Entomología y su impacto sobre la carga de malaria.

Materiales y métodos. Se midieron parámetros entomológicos: pruebas de sensibilidad de *Anopheles albimanus* a seis insecticidas, pruebas biológicas de pared luego de la aplicación residual de insecticida piretroide, tasas de picadura, entrega de toldillos con insecticida de larga duración en zonas endémicas, evaluación trimestral de del residuo de insecticida en los toldillos después del uso regular y evaluación del impacto del drenaje de criaderos en la zona urbana del municipio de Guapi.

Resultados. *Anopheles albimanus* fue sensible a los insecticidas lambdacialotrina, deltametrina, DDT, fenitrotión, alfacipermetrina y permetrina. En las pruebas biológicas de pared después de aplicar insecticida piretroide (Deltametrina® SC50), se observó una duración del residuo de siete meses en superficie de madera y cemento, con una mortalidad de 83 y 96 %, respectivamente. Se recolectó en mayor abundancia *An. albimanus* en el peridomicilio, con actividad máxima de picadura entre las 20:00 y las 22:00 horas, y ocasionalmente, con un pico secundario a media noche; y *An. neivai* en el peridomicilio, con mayor actividad entre las 17:00 y las 19:00 horas. Se distribuyeron 43.931 toldillos con insecticida de larga duración (Permanet® 2.0) en 45 localidades, con una duración promedio de 15 meses. Luego de drenar los criaderos, se observó un descenso de 40 % de la malaria.

Conclusiones. Con el trabajo articulado y sistemático del Proyecto Malaria Colombia con el departamento, se logró una sinergia para la disminución de la carga de malaria en la costa pacífica caucana.

..... ☙☙☙

83. Efecto del tiempo después de la ingestión de sangre humana por *Anopheles albimanus* (Díptera: Culicidae) en condiciones de laboratorio, en la amplificación del gen mitocondrial citocromo B (*CytB*)

Carlos Humberto Murci, Martha L. Quiñones

Laboratorio de Entomología Médica, Departamento de Salud Pública, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La identificación de la fuente de alimento de los mosquitos *Anopheles* spp., es

un elemento importante en la estimación de la capacidad vectorial, la antropofilia y la zoofilia,

variables importantes para caracterizar el riesgo de las enfermedades transmisibles. Algunos reportes han demostrado que se ha logrado conocer la fuente de sangre hasta por 33 horas después de la ingestión.

Objetivo. Determinar el éxito de la amplificación del gen citocromo B (*Cytb*) a partir de sangre humana en mosquitos *Anopheles albimanus* en diferentes tiempos de digestión, mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR).

Materiales y métodos. Se criaron mosquitos *An. albimanus*, cepa Cartagena, en el laboratorio a 27 ± 1 °C, 66 % de humedad relativa y 12 horas de luz:12 horas de oscuridad. La alimentación con sangre humana se hizo mediante alimentador artificial de membrana de intestino de cerdo. Se procesaron 140 individuos mediante PCR, 10 por día, durante siete días después de la ingestión. El control negativo fueron hembras sin alimentar y el positivo

fue sangre humana. Se incluyeron 10 mosquitos alimentados y sacrificados (digestión detenida) por día durante siete días en el experimento, para determinar que el éxito de la amplificación por PCR correspondiera a la digestión y no a la degradación después de la alimentación.

Resultados. El gen citocromo B de humano se amplificó a 24, 48 y 72 horas después de la ingestión. Sin embargo, después de 72 horas no hubo amplificación. El gen *Cytb* de los mosquitos alimentados y sacrificados, se amplificó hasta después de 120 horas (cinco días).

Conclusiones. El tiempo de digestión de sangre humana en *An. albimanus* influye en el éxito de la amplificación del gen citocromo B para determinar la fuente del alimento. Se puede estimar la fuente del alimento en mosquitos hasta después de 72 horas de la ingestión o hasta por más de un ciclo gonotrófico.

..... ☸☸☸

84. Criaderos naturales del vector de leishmaniasis, *Lutzomyia evansi*, en un área urbana de la Región Caribe colombiana

Luis Gregorio Estrada¹, Édgar Ortega¹, Luz Adriana Acosta², Andrés Vélez-Mira², Rafael José Vivero³, Eduar Elías Bejarano¹, Sandra Uribe³, Iván Darío Vélez², Horacio Cadena²

¹ Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

² Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³ Grupo de Sistemática Molecular, Universidad Nacional, Medellín, Colombia

Introducción. *Lutzomyia evansi* es un reconocido vector de *Leishmania* spp., en el macrofoco mixto de leishmaniasis del Caribe colombiano, donde su población representa más del 90 % de la comunidad de flebotominos. Las medidas de control se centran en la prevención de la picadura del adulto, dejando de lado las formas inmaduras debido al desconocimiento de los criaderos naturales.

Objetivo. Identificar los criaderos naturales donde se desarrollan las formas inmaduras de *Lu. evansi*.

Materiales y métodos. Se inspeccionaron microambientes terrestres en tres zonas del área urbana de Ovejas, Sucre, seleccionadas según el registro de casos de leishmaniasis entre 2008 y 2012. Se recolectaron muestras de sustrato en el intradomicilio, el peridomicilio y el extradomicilio, en hojarasca, base de árboles, suelo debajo de árboles podridos, huecos de árboles y margen de paredes, entre otros.

Resultados. Se procesaron 503 kg de sustrato. La búsqueda de formas inmaduras se hizo por

observación directa bajo estereomicroscopio e incubación de sustrato. Se identificaron 83 criaderos naturales, donde se encontraron 317 formas inmaduras, de las cuales, 142 (120 larvas y 22 pupas) se recuperaron por observación directa y 175 correspondieron a adultos emergidos por incubación. El 70 % fueron criaderos naturales de *Lu. evansi*, representados por 190 individuos (59,9 %), asociados a un pequeño arbusto conocido localmente como uvito (*Cordia dentata*). Otras especies halladas correspondieron a *Lu. c. cayennensis* (n=20; 6,3 %), *Lu. rangelliana* (n=19; 5,9 %), *Lu. atroclavata* (n=16; 5 %), *Lu. micropyga* (n=7; 2,2 %), *Lu. trinidadensis* (n=2; 0,6 %) y *Lu. gomezi* (n=1; 0,3 %). Además, 106 formas (incluidas 44 exuvias) que no llegaron a estado adulto, serán identificadas por medio del gen mitocondrial *COI*.

Conclusiones. Este es el primer registro de criaderos naturales de *L. evansi* en áreas urbanas de Colombia. Este conocimiento puede servir para dirigir los esfuerzos hacia un control biológico y reducir la incidencia de la enfermedad.

85. Primer estudio entomológico de vectores de leishmaniasis en el municipio de Piamonte, Cauca

Carlos Andrés Morales¹, Anderson Piamba², Victoria Eljach¹, Patricia Fuya³

¹ Laboratorio de Salud Pública, Secretaría de Salud del Cauca, Popayán, Colombia

² Programa de ETV, Secretaría de Salud del Cauca, Popayán, Colombia

³ Laboratorio de Entomología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La leishmaniasis es la tercera enfermedad transmitida por vectores en notificación en el departamento del Cauca. Su transmisión ocurre en las zonas de conflicto en sitios principalmente selváticos, lo cual dificulta establecer los focos de transmisión e implementar de medidas de control.

Objetivo. Efectuar el primer estudio entomológico en el departamento del Cauca, para conocer la presencia y la distribución de vectores de leishmaniasis, e identificar las áreas de transmisión asociada al domicilio.

Materiales y métodos. En el área rural se seleccionaron cinco veredas: La Sevilla, El Jardín, Santa Rita, San Isidro, Buenos Aires y el Cabildo Musurrunacuna; en el área urbana de Piamonte, se seleccionaron los barrios El Nogal y La Paz. Para la recolección de los flebótomos, se emplearon trampas CDC en el intradomicilio y el peridomicilio; simultáneamente, se hizo búsqueda activa de pacientes para diagnóstico de leishmaniasis y se aplicaron encuestas de conocimientos, actitudes y prácticas.

Resultados. Se recolectaron 1.074 ejemplares pertenecientes a ocho especies, de las cuales, *Nyssomyia yuilli* fue la más abundante (84 %); también, se encontró *Lutzomyia gomezi* (9 %). Ambas especies tienen preferencias antropofílicas y están involucradas como vectores. El 90 % de los especímenes se hallaron en el peridomicilio. Hubo mayor abundancia de flebótomos recolectados en la vereda La Sevilla, correspondiente a 60 % de las capturas totales. Según los resultados obtenidos, se están distribuyendo toldillos de larga duración en las veredas estudiadas. El hallazgo de *N. yuilli* constituye el primer registro para el departamento del Cauca.

Conclusiones. El municipio de Piamonte se encuentra en alto riesgo para la transmisión de leishmaniasis cutánea debido a las condiciones ecoepidemiológicas de la zona, que favorecen la presencia de vectores tanto en área urbana como en la rural, la presencia de reservorios silvestres y la circulación del parásito.



86. Horas de mayor actividad de *Lutzomyia evansi* (Diptera: Psychodidae) en las viviendas de la vereda Nueva Unión, San Andrés de Sotavento, departamento de Córdoba

Patricia Fuya¹, Cristina Ferro¹, Ligia Lugo¹, Elkin Monterrosa², María C. Carrasquilla³

¹ Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

² Secretaría de Salud de Córdoba, Montería, Colombia

³ Ministerio de Salud y Protección Social, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. En el foco de leishmaniasis visceral de San Andrés de Sotavento, la vereda Nueva Unión ha reportado varios casos de la enfermedad en los últimos años. *Pintomyia evansi* ha sido incriminado como el vector más importante en la Región Caribe colombiana.

Objetivo. Determinar las horas de mayor actividad de *P. evansi* en la vereda Nueva Unión, con el fin de orientar medidas de prevención para los habitantes de la región.

Materiales y métodos. Los muestreos se hicieron durante tres noches. Se seleccionaron dos viviendas con gran distribución agregada del vector, en cada una de las cuales se instalaron dos trampas CDC de luz incandescente, una en el dormitorio y la otra afuera, en el cobertizo. Las trampas se activaron durante 12 horas consecutivas y se cambió la malla recolectora de la trampa cada 50 minutos. Los flebótomos se seleccionaron y se preservaron en alcohol al 70 %; Para su identificación, se

aclararon con KOH al 10 % y fenol líquido, y se utilizaron las claves de Young-Duncan y Galati. La densidad se expresó como hembras de *Lu. evansi* por trampa y por hora.

Resultados. Se recolectaron 8.444 flebótomos en las dos viviendas y el 87 % correspondió a *P. evansi*. La vivienda uno registró mayor abundancia (6.020/8.444). Las horas de mayor actividad para la vivienda uno fueron de la 01:00 a las 04:00 y, en la otra, de las 22:00 a las 02:00. La densidad fue mayor en el cobertizo. También se registraron las especies *Evandromyia dubitans*

(5,8 %), *Micropygomyia cayennensis* (4,2 %), *P. rangelliana* (2 %), *M. trinidadensis* (0,9%) y *Psychodopygus panamensis* (0,1 %), especie con importancia médica.

Conclusiones. Se recomienda realizar campañas educativas con la comunidad, haciendo énfasis en la utilización de conductas preventivas, además de implementar la estrategia de gestión integral para leishmaniasis visceral, integrando todos sus componentes y haciendo énfasis en estrategias educativas para desarrollar entornos saludables que disminuyan el riesgo de transmisión.

..... ☙☙☙

87. Construcción de la primera cabaña experimental para flebótomos con base en estudios sobre su comportamiento de acceso al intradomicilio y en la evaluación de métodos de captura

Olga L. Cabrera¹, Érika Santamaría¹, Raúl H. Pardo²

¹ Grupo de Entomología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de Entomología y Enfermedades Transmitidas por Vectores, Universidad de La Salle, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Las cabañas experimentales se usan para evaluar el efecto de las medidas de control en el intradomicilio. Su funcionamiento se basa en que permiten el seguimiento y la captura de los insectos antropofágicos que llegan a ella. Se identificaron los sitios preferidos por *Lutzomyia longiflocosa* para ingresar y abandonar las viviendas en la zona cafetera del Huila y se evaluaron dos tipos de trampa para ser usadas en la estructura de la cabaña experimental.

Materiales y métodos. En un estudio observacional, se comparó el número de hembras silvestres tratando de entrar libremente a las viviendas rurales por dos tipos de aperturas y, en un estudio manipulativo, en donde se liberaron, en las mismas viviendas, hembras marcadas y alimentadas con sangre, se comparó el porcentaje de hembras tratando de salir por las aperturas

mencionadas. En un túnel, se evaluó la capacidad de dos tipos de trampa para permitir la entrada pero limitar el escape de los flebótomos.

Resultados. En el experimento de entrada, el 95 % de las hembras de *Lu. longiflocosa* se capturaron con trampa adhesiva alrededor de las aperturas grandes en los aleros de las viviendas. En el experimento de salida, el 96 % de las hembras recapturadas también se registraron alrededor de las mismas aperturas. La trampa de rendija horizontal fue la más eficiente, al permitir el paso de 84,1 % y limitar el escape de 87,3 % de los flebótomos.

Conclusiones. *Lutzomyia longiflocosa* entra y sale de las viviendas rurales de la zona cafetera colombiana a través de aperturas grandes en los aleros. Con base en lo anterior y usando la trampa de rendija horizontal, se construyó la primera cabaña experimental para flebótomos.

..... ☙☙☙

88. Comportamiento nictémero de potenciales vectores de leishmaniasis y primer registro departamental de *Lutzomyia antunesi* en el departamento de Boyacá, 2012

Ivy Jazmín Otero¹, Susanne Ardila²

¹ Secretaría de Salud de Boyacá, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Tunja, Colombia

² Grupo de Entomología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La leishmaniasis es una de las enfermedades transmitidas por vectores de mayor presencia en el departamento de Boyacá. El número de casos se ha incrementado en el municipio de San Luis de Gaceno desde el año 2010.

Objetivo. Evaluar el comportamiento nocturno de los flebótomos en la vereda El Cairo del municipio de San Luis de Gaceno, para determinar el patrón de actividad horaria de las especies de flebotominos presentes y, así, planificar estrategias de control en la región.

Materiales y métodos. Los ejemplares se recolectaron en tres viviendas durante los meses de agosto a diciembre de 2012, utilizando trampas de luz CDC ubicadas en dos ambientes: intradomicilio y peridomicilio. Los insectos se preservaron en alcohol al 70 % y se aclararon con KOH y fenol. Posteriormente, se identificaron hasta la especie en la Secretaría de Salud Departamental, lo cual se confirmó en el Instituto Nacional de Salud.

Resultados. Se recolectaron 864 flebótomos pertenecientes a seis especies del género *Lutzomyia* y una especie del género *Brumptomyia*. Entre las especies de importancia médica, se destacan: *Lu. antunesi*, *Lu. panamensis*, *Lu. gomezi* y *Lu. lichyi*. De estas especies, *Lu. antunesi* fue la más abundante (84 %), considerándose el primer registro departamental. El 49,50 % de los flebótomos fueron recolectados en el intradomicilio y el 50,49 % en el peridomicilio.

Conclusiones. La actividad nocturna de estos insectos está directamente relacionada con las condiciones microambientales y con el estado fisiológico de las hembras. Los mayores picos de actividad de los flebótomos en el intradomicilio, fueron entre las 18:00 y las 24:00 horas, y en el peridomicilio se registraron dos picos, el primero después de las 18:00 horas y el segundo después de las 24:00 horas. *Lutzomyia antunesi* se registra por primera vez en este departamento, como probable vector de la enfermedad en la región.



89. Estudio de la microbiota asociada al intestino de estados adultos e inmaduros de *Lutzomyia evansi*: enfoque polifásico y ensayos de actividad *in vitro* contra promastigotes de *Leishmania infantum*

Rafael Vivero^{1,2,3}, Gloria Cadavid², Claudia X. Moreno², Victoria Ospina³, Sara Robledo³, Sandra Uribe¹

¹ Grupo de Investigación en Sistemática Molecular, Universidad Nacional de Colombia, Medellín, Colombia

² Grupo de Microbiodiversidad y Bioprospección, Universidad Nacional de Colombia, Medellín, Colombia

³ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. El comportamiento de los adultos y el desarrollo de ejemplares inmaduros de *Lutzomyia evansi* (vector endémico de leishmaniasis en la Costa Caribe de Colombia), incluye diferentes dietas alimenticias y sitios con materia orgánica en descomposición. Esto sugiere que *Lutzomyia evansi* puede adquirir diferentes comunidades de bacterias con funciones en su ciclo de vida o en el desarrollo de *Leishmania* spp. en el tubo digestivo.

Objetivo. Examinar las comunidades bacterianas asociadas al intestino de poblaciones naturales de *Lu. evansi* en Sucre (Colombia) y evaluar la actividad *in vitro* de especies bacterianas contra promastigotes de *Leishmania infantum*.

Materiales y métodos. La identificación de los aislamientos de bacterias incluyó métodos de microbiología convencional, y análisis molecular de la región espaciadora intergénica y los genes *RNAr 16S* y *gyrB*. El perfil genético de las poblaciones

bacterianas se generó y comparó mediante PCR TGGE, a partir del ADN de la fracción total del intestino. Además, se cocultivaron promastigotes metacíclicos y procíclicos de *L. infantum* con aislamientos bacterianos del tubo digestivo de *Lu. evansi*. La acción de los aislamientos bacterianos sobre los promastigotes de *L. infantum*, se cuantificó por citometría de flujo.

Resultados. En larvas, pupas y adultos se aislaron cepas pertenecientes a los géneros *Acinetobacter*, *Enterobacter*, *Pseudomonas*, *Lysobacter* y *Ochrobactrum*. El patrón *finger printing* del TGGE presentó variaciones significativas al comparar las comunidades bacterianas del intestino de adultos y de individuos inmaduros. Se obtuvieron diferencias significativas en el porcentaje de inhibición del crecimiento de promastigotes de *L. infantum*, siendo menor en los parásitos procíclicos y mayor en los metacíclicos.

Conclusiones. Las diferencias significativas en la diversidad bacteriana asociada al intestino de *Lu. evansi* adultos e inmaduros, sugieren que algunas

especies pueden influir en el desarrollo o la transmisión de *Leishmania* spp. y podrían utilizarse para el control biológico de insectos vectores.



90. Composición y actividad de picadura de mosquitos (Diptera: Culicidae) del área metropolitana de Barranquilla

Dhay Luz Potes-Cervantes¹, Dairo Alejandro Torres-Garcés¹, Jorge Luis De las Salas², Pedro Arango Padilla²

¹Programa de Biología, Universidad del Atlántico, Barranquilla, Colombia

²Programa de ETV, Secretaría Distrital de Salud, Barranquilla, Colombia

Introducción. Entre las estrategias de vigilancia entomológica para las enfermedades transmitidas por vectores, la actividad de picadura es un indicador importante para la toma de decisiones en los programas de promoción, prevención y control vectorial. Por ello, el determinar la actividad de picadura de las especies de mosquitos (Diptera: Culicidae) en el área metropolitana del Distrito de Barranquilla, es importante.

Materiales y métodos. Entre julio de 2013 y julio de 2014, se inspeccionaron dos localidades (Juan Mina y La Playa) con antecedentes epidemiológicos de malaria y dengue en Barranquilla. Los especímenes adultos se recolectaron con atrayente humano y trampas CDC incandescente en el intradomicilio y el peridomicilio, y los individuos inmaduros, caracterizando los criaderos naturales y artificiales.

Resultados. Se recolectaron 916 individuos pertenecientes a 19 especies. Las especies más representativas fueron *Ochlerotatus taeniorhynchus* y *Culex quinquefasciatus* (41,26 % y 35,0 %, respectivamente); entre las menos representativas

estuvieron: *Anopheles albimanus* (Juan Mina: 2,9 % y La Playa: 5,0 %), *An. nuñeztovari* (La Playa: 1,7 %) *An. triannulatus* (Juan Mina: 0,3 %) y *An. marajoara* (La Playa: 0,2 %). En Juan Mina, *Och. taeniorhynchus* y *Cx. quinquefasciatus* ocurrieron en el intradomicilio con picos a las 18:00, 19:00, 21:00 a 22:00, 00:00 a 01:00, y de las 03:00 a las 05:00 horas. En el peridomicilio, la máxima actividad fue de las 18:00 a las 22:00 horas, con un pico representativo de *Cx. quinquefasciatus* a la media noche. En La Playa, las especies evidenciaron cuatro picos en intradomicilio (19:00, 21:00, 00:00 a 02:00, 04:00 a 05:00 horas); y en el peridomicilio, *Och. taeniorhynchus* estuvo muy abundante con máxima actividad a las 18:00, 21:00, 23:00, y de 01:00 a 05:00 horas. *Anopheles nuñeztovari* se observó únicamente entre las 18:00 y las 19:00 horas, *An. aquasalis* entre las 18:00, 02:00 a 05:00 horas y *Dei. atlanticus* entre las 22:00 y 02:00 horas.

Conclusiones. Se aporta una línea base de actividad de picadura de mosquitos de importancia sanitaria para el Distrito de Barranquilla.



91. Orígenes evolutivos de las poblaciones de *Aedes aegypti* en Colombia mediante el marcador mitocondrial ND4

María Cristina Jaramillo¹, Sandy Caldera García¹, Richard Hoyos-López², Eduar Elías Bejarano¹

¹Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

²Grupo de Investigación en Resistencia Bacteriana y Enfermedades Tropicales, Universidad del Sinú, Montería, Colombia

Introducción. *Aedes aegypti* (Linnaeus, 1762) es el mosquito más importante en la transmisión del arbovirus reemergente del dengue y es competente a nivel experimental para, aproximadamente, 20 arbovirus de importancia médica en la zona tropical

y subtropical de los continentes asiático, americano y africano. El conocimiento de las relaciones evolutivas y los linajes presentes de *Ae. aegypti* en áreas endémicas y no endémicas para dengue, puede determinar patrones de colonización y

extinción de poblaciones a nivel espacial, así como identificar, fuentes o sumideros que se deben considerar en las estrategias de control vectorial.

Objetivo. Identificar las relaciones filogenéticas de las poblaciones colombianas de *Ae. aegypti* con haplotipos representativos de Latinoamérica, África y Asia, para identificar los orígenes evolutivos de los diferentes haplotipos o linajes presentes en Colombia.

Materiales y métodos. Se obtuvieron 424 secuencias (21 haplotipos) de 357 pb del gen parcial *ND4* de *Ae. aegypti* en 19 poblaciones colombianas y se alinearon con secuencias registradas en Genbank. Se hicieron dos análisis filogenéticos mediante inferencias bayesianas, teniendo en cuenta el modelo evolutivo HKY estimado en el *software* Jmodeltest, versión 2.0 (Criterio Akaike): 1) haplotipos colombianos, y 2) haplotipos colombianos más secuencias de

Genbank (resto del mundo). El análisis bayesiano se hizo en BEAST, versión 1.8.0, teniendo en cuenta el modelo coalescente para la tasa de crecimiento exponencial de poblaciones y una cadena MCMC de 20 millones de generaciones. El árbol fue recuperado mediante TreeAnnotator (PPC>0,5) y visualizado en FigTree, versión 1.3.

Resultados. En la construcción de la filogenia de los haplotipos colombianos, se evidencia la formación de dos grupos o dos linajes.

Conclusiones. La mayoría de los haplotipos se encontraron relacionados con los estudios de las poblaciones de *Ae. aegypti* de Brasil, México y Perú, con las poblaciones del mosquito del oeste de África, como Nigeria y Senegal, y las del este de África, como Kenia; además, se encuentra muy relacionado con las poblaciones de Asia, lo que implica múltiples introducciones de este insecto vector en Colombia.



92. Productividad de *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) en hogares y espacios públicos en las ciudades de Armenia (Quindío) y Arauca (Arauca)

Lucas Alcalá¹, Diana García¹, Helena Brochero², Juliana Quintero¹

¹ Eje de Salud Pública, Fundación Santa Fe de Bogotá, Bogotá, D.C., Colombia

² Facultad de Agronomía, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Armenia y Arauca son municipios hiperendémicos que han sido históricamente afectados por el dengue. Durante la última década, han hecho parte de los 70 municipios que contribuyen al 70 % de la morbilidad por dengue en el país.

Objetivo. Determinar los índices de pupas en estos dos municipios e identificar los recipientes más productivos para pupas en *Aedes aegypti* en viviendas y en espacios públicos.

Materiales y métodos. Se diseñó una encuesta estandarizada sobre las características entomológicas dirigida específicamente a obtener índices de pupas de *Ae. aegypti* de 20 conglomerados seleccionados aleatoriamente en cada ciudad. Se inspeccionaron todos los depósitos con agua, accesibles en los espacios públicos y los hogares. Se recolectaron muestras de pupas para su posterior identificación taxonómica. Se procedió al cálculo de los índices de pupas de vivienda, recipiente, Breteau, por persona y por hectárea.

Resultados. Se inspeccionaron 1.997 viviendas y 124 espacios públicos en Arauca, y 1.975 viviendas y 90 espacios públicos en Armenia. El índice por persona para Arauca fue de 0,8 y para Armenia fue de 0,2. Los recipientes asociados a los hogares producen 99,7 % y 94,1 % del total de las pupas en Arauca y Armenia, respectivamente, mientras que los espacios públicos solo producen el excedente. Los recipientes más productivos en las viviendas fueron las albercas (>200 L) utilizadas comúnmente para el aseo del hogar, con 91 % en Arauca y 79 % en Armenia, pudiéndose caracterizar dos tipos de estas. Los principales criaderos para el vector en espacios públicos para ambas ciudades, correspondieron a tanques bajos, llantas y sumideros de agua lluvia.

Conclusiones. Las medidas de control deben ser focalizadas hacia las albercas (solo el tipo 2 en Arauca), preferiblemente por medio de programas con enfoque ecosistémico.



93. Efectos de la infección por el virus del dengue en *Aedes aegypti* de colonia y campo

I. Serrato¹, P. Caicedo¹, C. Lowenberger², C. Ocampo¹

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM), Cali, Colombia

² Simon Fraser University, Burnaby, Canada

Introducción. El dengue es una enfermedad viral, infecciosa, transmitida por vectores, para la que aún no existe vacuna ni tratamiento médico específico. Las estrategias de control están dirigidas a disminuir las densidades de *Aedes aegypti*. Una de las formas de impedir la transmisión del virus del dengue (DENV) es interviniendo la competencia vectorial. Estudios previos, en cepas de *Ae. aegypti* seleccionadas (Cali-S y Cali-BIM), con distinta competencia vectorial al DENV-2, identificaron que genes de la respuesta inmune innata están asociados a la competencia vectorial.

Materiales y métodos. En este estudio se evaluó si la competencia vectorial de Cali-S y Cali-BIM es similar ante la infección con los otros serotipos de DENV (1, 3 y 4) y si el patrón de expresión de los genes *Caspasa 16*, *Catepsina-b*, *Aedronc* y *Niemann* en el intestino medio de los mosquitos de campo con diferente competencia vectorial, es similar en las cepas seleccionadas.

Resultados. La competencia vectorial de las cepas seleccionadas es independiente del serotipo del virus con el cual se infectan. La competencia

vectorial en la cepa Cali-S fue significativamente mayor de 80 % ante todos los serotipos del virus, mientras que en la cepa Cali-BIM fue inferior al 60 %. Se encontraron diferencias significativas entre las frecuencias fenotípicas (cabezas positivas e intestinos negativos) de los mosquitos recolectados en diferentes localidades de Cali. El patrón de expresión de los genes fue diferente en las cepas con diferente competencia vectorial (Antonio Nariño, Paso del Comercio y Siloé). Sin embargo, se vio un patrón de expresión genética similar entre las cepas resistentes, Cali-BIM y A. Nariño.

Conclusiones. La competencia vectorial de las cepas Cali-S y Cali-BIM es similar ante todos los serotipos de DENV. Las cepas silvestres de *Ae. aegypti* varían en su competencia vectorial dentro de una misma ciudad. Los mecanismos identificados en cepas seleccionadas provienen de la población de origen, no son producto de la selección artificial. Las cepas seleccionadas son un modelo para estudiar los mecanismos de respuesta inmunológica asociados a la competencia vectorial.

..... ☸☸☸

94. Evaluación entomológica para determinar la eficacia en campo de Aqua K-Othrine® EW 20 para el control de *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) en una zona endémica de dengue en Cundinamarca, Colombia

Néstor Pinto

Departamento de Biología, Universidad de La Salle, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. El dengue es una enfermedad cuya vigilancia, prevención y control revisten especial interés en salud pública, debido a que es una enfermedad viral con gran poder epidémico en Colombia.

Objetivo. Evaluar, mediante métodos entomológicos, la eficacia en campo del adulticida Aqua K-Othrine® EW 20 (deltametrina al 2%) para el control de adultos de *Aedes aegypti*.

Materiales y métodos. La evaluación se hizo en dos barrios de la inspección de San Joaquín, municipio de La Mesa, Cundinamarca (4° 39' 47,34" LN; 7° 47' 13,89" LO), entre octubre y diciembre de 2011.

El diseño fue experimental evaluativo, y alcanzó tres ciclos de rociado, en 100 viviendas y 100 controles. Para establecer la eficacia en campo, se compararon los índices entomológicos larvarios y de adultos, la tasa de paridad, la vigilancia de ovitrampas antes y después del tratamiento y de jaulas centinelas. Se hicieron bioensayos de laboratorio con la metodología de los *Centers for Disease Control and Prevention*.

Resultados. Se registraron mortalidades indicativas de sensibilidad para deltametrina de grado técnico, a una concentración de 6,25 µg/ml. Después de la aplicación de Aqua K-Othrine®

EW20 a dosis de 20 ml por litro de agua, se redujeron los índices entomológicos de vivienda, depósito, Breteau y adultos, en la zona intervenida. Se observó disminución de 94 % de la población de adultos de *Ae. aegypti* y no se hallaron hembras multíparas. Los resultados de las jaulas centinela arrojaron mortalidades de 87, 98,6 y 100 %. En las ovitrampas se encontró una disminución de 93,6 % en el número de huevos.

Conclusión. Los resultados de las cinco pruebas entomológicas para medir la eficacia en campo de Aqua K-Othrine® EW20, permiten recomendarlo para el control de *Ae. aegypti* en situaciones de brote o epidemia. Estos resultados proporcionan información para la toma de decisiones del control de adultos de *Ae. aegypti* por parte del Programa de Control de Vectores de Cundinamarca.

Trabajo financiado por Bayer, S.A.



95. Estudios entomológicos del vector del virus del dengue y del chikungunya, en barrios de alta, mediana y baja incidencia de casos en Barranquilla, 2015

Kimberly Álvarez^{1,3}, Valery Ariza^{1,3}, Antonio Bozzi^{1,3}, Ana Cantero^{1,3}, Martha Domínguez^{1,3}, José Orozco^{1,3}, Pedro Arango², Jaime Cerro², Andrew K. Falconar³, Claudia M. Romero-Vivas³

¹ Universidad del Norte, Barranquilla, Colombia

² Unidad de Entomología, Secretaría Distrital de Salud, Barranquilla, Colombia

³ Grupo de Investigaciones en Enfermedades Tropicales, Departamento de Medicina, Universidad del Norte, Barranquilla, Colombia

Introducción. El vector *Aedes aegypti* es el responsable de la transmisión del virus del dengue y del chikungunya en Barranquilla. El estudio de la productividad de los sitios de cría y las densidades de los adultos, permite enfocar medidas de control y el entendimiento de la dinámica de la transmisión desde el punto de vista vectorial.

Metodología. Se seleccionaron los barrios La Pradera, Simón Bolívar y San Luis, los cuales registraron altas, medianas y bajas incidencias de casos sospechosos de dengue o chikungunya, respectivamente, en 2014 y 2015. Con base en el número total de casas y el índice de vivienda de esos barrios, 21 personas inspeccionaron 232 casas en La Pradera y San Luis, y 227 casas en Simón Bolívar, durante el mes de julio. En cada casa se anotaron datos demográficos, tipos de criaderos y determinación de los más productivos basados en el número de pupas del vector; además, se recolectaron adultos de forma

manual y con aspirador, por un tiempo de 15 minutos por casa.

Resultados. De los depósitos inspeccionados con agua, se encontraron 8,8 % (20/227), 6,4 % (11/173) y 17,7 % (34/192) positivos con pupas en La Pradera, Simón Bolívar y San Luis, respectivamente. El número de pupas por persona por número de hembras por barrio, fueron en: La Pradera, 0,1/0,04; en Simón Bolívar, 0,3/0,03; y en San Luis, 0,1/0,03. En todos los barrios, los tanques plásticos eran los más productivos.

Conclusión. No se observó correlación entre el número de pupas por persona y número de adultos por persona y el número de casos sospechosos de dengue o chikungunya en los barrios estudiados. El índice de pupas por persona es más sensible que el índice de adultos, y la determinación de la producción de pupas enfoca el control de los tanques plásticos.



96. Identificación de mutaciones en el gen del canal de sodio de *Aedes aegypti* en poblaciones resistentes a piretroides en Villavicencio

Yurany Granada, Jeiczon Jaimes, Ana María Mejía, Ronald Peláez, Andrés Gómez, Sair Arboleda, Omar Triana
Biología y Control de Enfermedades Infecciosas, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. El uso de insecticidas, como los piretroides, es la medida de control vectorial más

utilizada para interrumpir y prevenir la transmisión del virus del dengue por *Aedes aegypti*.

Sin embargo, su uso masivo genera presión de selección en poblaciones de mosquitos que puede causar resistencia, manifestada por la presencia de mutaciones en el sitio blanco del compuesto químico. Para los piretroides estas mutaciones suelen asociarse al canal de sodio de las células nerviosas. La identificación y caracterización de estas mutaciones puede usarse como bioindicadores para la vigilancia de la resistencia.

Objetivo. Caracterizar el estado de resistencia a lambdacialotrina en poblaciones naturales de *Ae. Aegypti* provenientes de Villavicencio y la identificación de mutaciones en la región codificante del canal de sodio.

Materiales y métodos. La concentración letal 50 y 90 de lambdacialotrina para larvas de tercer y cuarto estadio provenientes de Villavicencio, se determinó mediante bioensayos según protocolo de la Organización Mundial de la Salud. Los mosquitos

resistentes se seleccionaron sometiendo las larvas sobrevivientes al doble de la concentración letal 50. Finalmente, se analizó en los mosquitos resistentes la presencia de mutaciones en la región codificante de las subunidades 4-6 del dominio 1, el dominio 2 y las subunidades 4-6 del dominio 3 del gen codificante para el canal de sodio.

Resultados. Se observó una concentración letal 50 de lambdacialotrina de 0,1831 ppm, la cual fue 11,34 veces mayor que la estimada para la cepa Rockefeller de referencia. El análisis de las secuencias del canal de sodio para las diferentes regiones, mostró mutaciones V419L y V1016I, en los dominios I y II, respectivamente.

Conclusiones. En este trabajo, se caracterizó la existencia de poblaciones de mosquitos resistentes a piretroides en Villavicencio y se identificaron mutaciones en la región codificante del canal, que podrían explicar la resistencia encontrada.



97. Presencia de triatominos infectados con *Trypanosoma cruzi* en la vereda Alto Mirar del municipio de Moñitos, Córdoba

Catalina Tovar¹, Cielo León², Dina Ricardo¹, Francisco Buelvas¹, Camila González²

¹ Grupo de investigaciones en Enfermedades Tropicales y Resistencia Bacteriana, Universidad del Sinú, Cartagena, Colombia

² Centro de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Tropical (CIMPAT), Facultad de Ciencias, Universidad de los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La dinámica de transmisión de la enfermedad de Chagas en el departamento de Córdoba, ha sido poco estudiada. En 2007, en un estudio se reportó la presencia de triatominos infectados en el departamento; pese a esto, no hay reportes de casos autóctonos. Desde 2011 se han notificado algunos casos en el Sistema Nacional de Vigilancia en Salud Pública, desconociéndose su procedencia.

Materiales y métodos. A partir del reporte de un caso crónico en el municipio de Moñitos, Córdoba, se recolectaron triatominos en el intradomicilio del paciente. Se hicieron la clasificación taxonómica, la observación microscópica de las deyecciones y el análisis por reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa (PCRq) de las ampollas rectales de los especímenes, usando los iniciadores *Trypanosoma cruzi* I y II y la sonda Taqman cruzi con el plásmido control IAC. Se recolectaron y conservaron en guanidina 60 muestras sanguíneas de personas que habitaban la vereda. Se hicieron extendidos de sangre

periférica y se recolectaron muestras para análisis serológicos por IFI y ELISA.

Resultados. Se obtuvieron cuatro triatominos que taxonómicamente se clasificaron como *Rhodnius pallescens*. En la observación microscópica de las deyecciones se observaron parásitos flagelados y, por PCRq, se confirmó la infección con *T. cruzi*. Los análisis de caracterización genética permitieron categorizar los parásitos como TcI. Los análisis de PCRq y microscopía para los pacientes fueron negativos.

Conclusiones. La presencia de insectos vectores infectados con *T. cruzi* sugieren una posible dinámica de transmisión en esta zona. Al tratarse de *T. cruzi* TcI, puede suponerse un ciclo selvático, siendo este el principal genotipo circulante en la mayoría de las zonas endémicas en América Latina. Actualmente, se están muestreando insectos en las viviendas por medio de trampas Gómez-Núñez, y se planea evaluar el ciclo silvestre de transmisión con la captura de insectos y reservorios silvestres, para detectar si existe un ciclo silvestre de transmisión.

98. Vigilancia entomológica para la enfermedad de Chagas en nueve localidades de la comunidad indígena wiwa en La Guajira (Colombia), 2014

Zulibeth Flórez-Rivadeneira¹, Víctor Julio², Leonardo Gil²

¹ Laboratorio de Salud Pública, Secretaría de Salud de La Guajira, Riohacha, Colombia

² Organización Wiwa Yugumaiun Bunkuanarrua Tairona, Casa Indígena, Barrio Los Campanos, Valledupar, Colombia

Introducción. La enfermedad de Chagas es de interés en salud pública para el departamento de La Guajira. Se hizo vigilancia entomológica para esta enfermedad en nueve localidades de la comunidad indígena wiwa, ubicadas en los municipios de San Juan del Cesar y Riohacha, durante 2014.

Materiales y métodos. Se recolectaron triatominos hora/hombre en el intradomicilio y el peridomicilio de viviendas ubicadas en las comunidades wiwa de Marocazo, Sabana de Joaquina, Siminke, Sabana Grande, Barcino, El Limoncito, Rinconá, Guamaka y La Laguna. El material entomológico se clasificó según sus caracteres morfológicos diagnósticos, siguiendo las claves taxonómicas disponibles. A cada ejemplar recolectado se le hizo diagnóstico de infección con *Trypanosoma* spp. Los ejemplares positivos se enviaron al Instituto Nacional de Salud para confirmación de infección y especie. Se calcularon el índice de infestación intradomiciliaria, el de infestación peridomiciliaria, el índice de colonización y la tasa de infección natural.

Resultados. Se recolectaron 583 triatominos de las especies *Rhodnius prolixus*, *Triatoma dimidiata*, *T. maculata* y *Panstrongylus geniculatus*. De estos, 377 (64,6 %) eran formas adultas y, 207 (35,4 %), ninfas de I a V estadio. Se encontró un índice de infestación intradomiciliaria entre 3,4 y 100 %, un índice de infestación peridomiciliaria entre 0 y 7,1 %, un índice de colonización entre 0 y 100 % y una tasa de infección natural entre 0 y 33 %. La especie predominante en la zona de estudio fue *R. prolixus*, con una frecuencia de 95,1 % frente a las otras especies.

Conclusiones. Estos hallazgos, sumados a la gran prevalencia de la enfermedad de Chagas que se ha registrado por otros estudios en esta región, permiten concluir que la población indígena wiwa se encuentra en gran riesgo de transmisión de la enfermedad de Chagas, debido a que la especie que más se recolectó fue *R. prolixus*, especie con mayor importancia médica y epidemiológica. Por lo anterior, se recomienda mantener un sistema de vigilancia, prevención y control.

..... ☼☼☼

99. Identificación de fuentes alimenticias e infección por *Trypanosoma cruzi* en diferentes especies de triatominos vectores de la enfermedad de Chagas

Carolina Hernández^{1,2,3}, Jorge Cárdenas^{2,3}, Helena Brochero⁴, Gabriel Parra-Henao¹, Luz Stella Buitrago⁵, Aníbal Teherán⁶, Zulibeth Flórez-Rivadeneira⁷, Hugo Soto⁸, Sussane Roldán⁹, Juan David Ramírez³

¹ Red Chagas Colombia, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

³ Grupo de Investigaciones Microbiológicas-UR (GIMUR), Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Agronomía, Bogotá, D.C., Colombia

⁵ Laboratorio de Salud Pública, Secretaría de Salud del Meta, Villavicencio, Colombia

⁶ Centro de Investigación, Fundación Universitaria Juan N. Corpas, Bogotá, D.C., Colombia

⁷ Laboratorio de Salud Pública, Secretaría de Salud de La Guajira, Colombia

⁸ Grupo de Entomología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. *Trypanosoma cruzi* es el agente causal de la enfermedad de Chagas, zoonosis que es transmitida por insectos de la subfamilia Triatominae. En Colombia, se ha detectado infección natural por *T. cruzi* en 15 especies de triatominos. Es escasa la

información sobre la relación de dicha infección con las preferencias alimenticias de vectores y aspectos ecoepidemiológicos del ciclo de transmisión. Esta información es importante para la incriminación de reservorios en la transmisión de *T. cruzi*.

Objetivo. Determinar las fuentes alimenticias y la infección por *T. cruzi* en seis especies de triatominos obtenidos en ocho departamentos del país.

Materiales y métodos. Se recolectaron 245 triatominos en ocho departamentos (Antioquia, Casanare, Cesar, La Guajira, Huila, Meta, Norte de Santander, Valledupar), 85 *Panstrongylus geniculatus*, 77 *Rhodnius prolixus*, 37 *R. pallescens* y 34 *Triatoma maculata*. Se detectó *T. cruzi* mediante PCR de punto final y, de fuentes alimenticias, mediante PCR-High Resolution Melting y secuenciación del gen citocromo B de vertebrados. Con un modelo de regresión logística, se estimó el riesgo de reacción positiva para *T. cruzi* (OR, IC_{95%}), según las características demográficas y ecoepidemiológicas.

Resultados. La reacción positiva a *T. cruzi* fue de 61,2 %. Se presentó en: Meta (OR=2,65; IC_{95%} 1,69-4,17) y La Guajira (OR=2,13; IC_{95%} 1,16-3,94); en el peridomicilio (OR=2,52; IC_{95%} 1,62-3,93). Se

encontró: *P. geniculatus* (OR=2,40; IC_{95%} 1,51-3,82) y *T. maculata* (OR=2,09; IC_{95%} 1,02-4,29); hembras (OR=2,05; IC_{95%} 0,39-3,04) y en sangre humana (OR=1,55; IC_{95%} 1,07-2,24). El 58,5 % de los insectos se alimentó de sangre humana, el 29,5 %, de animales domésticos y peridomésticos, y el 12,0 %, de animales silvestres. Las especies con mayor porcentaje de alimentación con sangre humana y reacción positiva para *T. cruzi*, fueron *T. maculata* (69,6 %), *R. prolixus* (58,1 %) y *P. geniculatus* (38,3 %). De *R. prolixus* intradomiciliarios y positivos para *T. cruzi*, el 68,1 % se alimentó de sangre humana y, el 12,5 %, de ratón.

Conclusiones. Se reafirma la importancia de nuevos ciclos de transmisión causados por vectores considerados secundarios: *T. maculata* y *P. geniculatus*, y remanentes de ciclos domésticos por *R. prolixus*. Es necesario el diseño de estrategias de vigilancia y control de ciclos debidos a vectores silvestres.

..... ☞☞☞

100. Participación comunitaria como estrategia de vigilancia de triatominos en el departamento de Arauca

Ludwin Andrés Cuervo, Yurly Arlaeth Suárez, Beimar Martínez, Álix Robinson, Rosalba Bastos, Édgar Contreras

Unidad Administrativa Especial de Salud de Arauca, Arauca, Colombia

Introducción. El departamento de Arauca está en proceso de verificación de la interrupción de la transmisión de la enfermedad de Chagas por *Rhodnius prolixus* en el intradomicilio. Como parte de este proceso se ha involucrado a la comunidad en actividades de vigilancia entomológica.

Objetivo. Presentar los resultados de la distribución de vectores de la enfermedad de Chagas en el departamento de Arauca.

Materiales y métodos. Como parte de este proceso, se fortaleció el sistema de vigilancia entomológica mediante concertación, capacitación e instalación de puestos comunitarios de recolección de triatominos, en los municipios de Fortul, Saravena, Tame y Arauca.

Resultados. Se registra por primera vez la presencia de *R. pictipes* en el departamento de Arauca, se desvirtúa la presencia de *Triatoma dimidiata* y se actualiza la presencia de especies en otros municipios. Arauca: se tenían registrados *R. prolixus*, *Panstrongylus geniculatus*, *T. maculata*,

Cavernicola pilosa, *Psamolestes arthuri*, *T. dimidiata* y *R. robustus*; se actualiza con *Eratyrus mucronatus*. Arauquita: se tenía registrado *R. prolixus*; se actualiza con *P. geniculatus* y *E. mucronatus*. Cravo Norte: se tenían registrados *R. prolixus* y *T. maculata*; se actualiza con *P. arthuri* y *P. geniculatus*. Saravena: se tenían registrados *R. prolixus*, *P. geniculatus* y *E. mucronatus*; se actualiza con *R. pictipes*. Tame: se tenían registrados *R. prolixus* y *T. maculata*; se actualiza con *P. geniculatus* y *E. mucronatus*. Fortul: se tenían registrados *R. prolixus* y *E. mucronatus*; se actualiza con *P. geniculatus* y *R. pictipes*. Puerto Rondón: se tenían registrados *E. mucronatus*, *P. arthuri* y *T. maculata*; se actualiza con *R. prolixus*.

Conclusiones. La participación comunitaria es una estrategia costo-efectiva esencial para el fortalecimiento de la vigilancia entomológica de la enfermedad de Chagas. Permitió la detección y el registro de una nueva especie en el departamento, y ampliar la distribución de vectores en otros municipios del departamento.

..... ☞☞☞

101. Valoración de la resistencia o sensibilidad de garrapatas *Amblyomma cajennense* s.l. expuestas a dos principios farmacológicos de acaricidas comerciales, en dos municipios de Cundinamarca

Laura Natalia Robayo-Sánchez, Wilson Omar Imbacúan-Pantoja, Nicolás Montaña-Rincón, Alejandro Ramírez-Hernández, Byron Abdel Hernández-Ortiz, Jesús Alfredo Cortés-Vecino

Laboratorio de Parasitología Veterinaria, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. *Amblyomma cajennense* s.l. es la garrapata que afecta a mamíferos domésticos y silvestres, aves y el hombre. Está distribuida en el continente americano y ha sido reclasificada taxonómicamente en un complejo de especies, identificándose *A. patinoi* en la región andina de Colombia. Esta especie se ha incriminado como vector de enfermedades en humanos y animales, destacándose la fiebre manchada de las Montañas Rocosas (o fiebre de Tobia) en diversos países, incluyendo Colombia. Es frecuente encontrarla parasitando animales equinos, bovinos y caninos, en los cuales se utilizan tratamientos acaricidas con intervalos variables y de los cuales hay reportes esporádicos de ineficacia. La resistencia de las garrapatas a los acaricidas plantea una amenaza creciente para la producción pecuaria mundial, debido a la dependencia de compuestos químicos para su control.

Objetivo. Valorar la resistencia o sensibilidad de *A. cajennense* s.l. provenientes de dos municipios de Cundinamarca, a la exposición con piretroides sintéticos y organofosforados disponibles comercialmente.

Materiales y métodos. Se recolectaron teleoginas directamente de équidos de predios rurales de los municipios de Villeta y San Juan de Rioseco, las cuales se identificaron y mantuvieron en incubación (28 °C; 75 % de humedad relativa) en el Laboratorio de Parasitología Veterinaria, para la obtención de larvas para ensayos de paquete larval. Para el bioensayo se utilizaron larvas entre 14 y 21 días de edad. Los acaricidas utilizados fueron cipermetrina (piretroide sintético) y clorpirifos (organofosforado). En cada bioensayo se implementaron tres concentraciones (0,6 µl/40 ml, 1 µl/1 ml y 64 µl/1 ml), para cada compuesto y dos controles.

Resultados. En los ensayos hasta el momento realizados, se ha evidenciado una mortalidad larvaria entre 23 y 95 % con cipermetrina, con una media de 85 % (IC_{95%}), y entre 89 y 95 % con clorpirifos, con una media de 92 %.

Conclusiones. Los resultados obtenidos evidencian, de forma general, la sensibilidad de las muestras a ambos acaricidas comerciales.

..... ☞☞☞

102. *Aedes aegypti* en instituciones educativas del área rural de un municipio de Cundinamarca, Colombia

Víctor Alberto Olano¹, Jaqueline Rodríguez¹, Juan Felipe Jaramillo¹, Laura Cabezas¹, Sandra Lucía Vargas^{1,2}

¹ Instituto de Salud y Ambiente, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C., Colombia

² Facultad de Medicina, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La vivienda es un entorno apropiado como factor de riesgo para enfermedades transmitidas por vectores, como el dengue. Esta enfermedad se considera un problema de salud pública en áreas urbanas, aunque existe evidencia de su transmisión rural. Además, se tiene poco conocimiento sobre la importancia epidemiológica que puedan tener otros entornos, como escuelas, hospitales o lugares de trabajo, ya que estos lugares pueden ser muy productivos para *Aedes aegypti* y jugar un importante papel en su transmisión.

Objetivo. Determinar la infestación por *Ae. aegypti* en instituciones educativas rurales del municipio de Apulo, Cundinamarca.

Materiales y métodos. Es un estudio descriptivo. Durante los meses de abril y mayo del 2014, se inspeccionaron las 14 instituciones educativas. Las formas inmaduras se recolectaron en los depósitos (criaderos potenciales) en el intra-domicilio y el peridomicilio de las escuelas y, para las formas adultas, se inspeccionaron los salones

de clase, baños, cocinas, alcobas, comedores y patios. El material entomológico se determinó hasta la especie.

Resultados. Los índices de infestación encontrados fueron: índice de escuelas, 57,1 %; índice de depósitos, 13 %; índice de Breteau, 92,9; índice de pupa por persona, 0,06, e índice de adultos, 71,4 %. Los principales sitios de cría fueron los tanques bajos, los tanques elevados y “otros”. Los sitios con mayor densidad de adultos fueron los salones de clase y las cocinas.

Conclusiones. La gran infestación por *Ae. aegypti* encontrada, sugiere que las instituciones educativas rurales pueden ser focos importantes para la transmisión de dengue. Se sugiere vigilancia entomológica de rutina en áreas rurales.

Este estudio se enmarca en el proyecto “Reducción de factores de riesgo para las enfermedades dengue y diarrea en las instituciones educativas rurales del municipio de Apulo, Cundinamarca”, financiado por la Universidad El Bosque y la Fundación Lazos de Calandaima, con el apoyo de la alcaldía de Apulo.

..... ☸☸☸

103. Efecto de la temperatura sobre el ciclo de vida de *Rhodnius prolixus*

Laura D. Tamayo¹, Juan M. Cordovez², Felipe Guhl¹

¹ Centro de Investigación en Microbiología y Parasitología Tropical, Facultad de Ciencias, Universidad de los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de Investigación en Biología Matemática, Facultad de Ingeniería, Universidad de los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. El ciclo de transmisión de la enfermedad de Chagas, al igual que el de todas las enfermedades transmitidas por vectores, está condicionado a variables climáticas, por lo cual se espera que la transmisión de *Trypanosoma cruzi* se vea afectada por el cambio climático.

Objetivo. Estudiar la influencia del aumento de la temperatura en el ciclo de vida del vector más importante de la enfermedad de Chagas en Colombia, *Rhodnius prolixus*.

Materiales y métodos. Los especímenes de *R. prolixus* se recolectaron en palmas *Attalea butyracea* ubicadas en el municipio de Maní, Casanare. Se establecieron dos grupos experimentales y un grupo control. El grupo control se sometió a 28 °C, el primer grupo experimental, a 30 °C, y el segundo, a 32 °C, todos con una humedad relativa promedio de 90 %. Se conformaron 21 matrimonios que posteriormente fueron aleatoriamente asignados

a uno de los grupos de estudio. Se estudiaron la duración de los estadios, el porcentaje de mortalidad, el tiempo de eclosión, el promedio de huevos puestos por hembra y el número de huevos fértiles. Se usó la prueba estadística de Kruskal-Wallis para comparar las variables entre los grupos experimentales.

Resultados. En el grupo experimental sometido a 32 °C, ninguno de los huevos que fueron ovipositados eclosionó. Se observaron diferencias significativas en el tiempo promedio de duración del paso de huevo a ninfa 1 y de ninfa 2 a ninfa 3, siendo más rápido el desarrollo a 30 °C que a 28 °C. Se observó mayor fertilidad y mayor fecundidad a 28 °C, mientras que porcentaje de mortalidad fue mayor a 30 °C.

Conclusiones. La temperatura juega un papel importante en la duración del ciclo de vida y el éxito reproductivo en *R. prolixus*.

..... ☸☸☸

104. Polimorfismo genético de *Aedes aegypti* L. (Diptera: Culicidae) en cuatro municipios del departamento de Sucre con gran incidencia de dengue

María Claudia Atencia, María Pérez, Cristina Jaramillo, Sandy Caldera, Eduar Bejarano

Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. *Aedes aegypti* es un mosquito de importancia médico-epidemiológica como transmisor del virus del dengue. Las intervenciones humanas,

la variación ecológica y el uso de insecticidas han originado poblaciones polimorfas del vector que podrían influir en la epidemiología de la enfermedad.

Objetivo. Estimar el polimorfismo genético de las poblaciones de *Ae. aegypti* de cuatro municipios del departamento de Sucre e inferir los niveles de flujo génico.

Materiales y métodos. A las hembras de *Ae. aegypti* recolectadas en los municipios de Sincelejo, Sampedra, Corozal y Guaranda, se les extrajo el ADN total; posteriormente, se amplificó un segmento del gen mitocondrial *ND4*. Los productos derivados fueron secuenciados y las secuencias se analizaron con los programas MEGA, versión 5.0, DNAsp, versión 5.10, y Arlequin, versión 3.5.1.2.

Resultados. Se encontraron cuatro haplotipos del gen *ND4* de *Ae. aegypti*. Los haplotipos más frecuentes fueron H1, H3 y H2, con una frecuencia

haplotípica de 43,52 %, 32,41 %, y 23,25 %, respectivamente. El haplotipo menos frecuentes fue el H4, con una frecuencia de 0,93 %. Con respecto al flujo génico (*Nm*), se encontró que existe un intercambio restringido de genes entre los pares de poblaciones Sincelejo-Sampedra (*Nm*=1,45034) y Corozal-Guaranda (*Nm*=1,74854); para los pares de poblaciones Sampedra-Corozal (*Nm*=0,75168) y Sampedra-Guaranda (*Nm*=0,34080), el flujo de genes es limitado. El valor de *Nm* para Sincelejo-Corozal (*Nm*=Inf), muestra que se comportan como una gran población.

Conclusiones. El hallazgo de los cuatro haplotipos indican que las poblaciones de *Ae. aegypti* son polimorfas.

..... ☸☸☸

105. Determinación de las fuentes alimenticias de *Rhodnius prolixus* asociadas al ciclo zoonótico de la enfermedad de Chagas en un área endémica del departamento de Casanare

Lina María Rendón, Felipe Guhl

Centro de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Tropical,
Universidad de los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La enfermedad de Chagas es causada por el parásito *Trypanosoma cruzi*, el cual es transmitido a humanos y a más de 180 especies de animales domésticos y mamíferos silvestres, principalmente por insectos de la subfamilia Triatominae. En Colombia, el vector principal es *Rhodnius prolixus*, debido a sus hábitos antropofílicos y domiciliarios, y a su gran capacidad de dispersión.

Objetivo. Caracterizar la fauna de mamíferos presente en un área de transmisión, intentando esclarecer el panorama de un área endémica, estableciendo los reservorios involucrados en los ciclos de transmisión según su abundancia y niveles de infección por el parásito.

Materiales y métodos. El área de estudio seleccionada fue la vereda El Amparo en el municipio de Maní del departamento de Casanare. Se capturaron reservorios y vectores, y se establecieron los índices de infestación por *T. cruzi* en cada uno de los individuos. Se estandarizó la técnica *high resolution melting*, a partir de la cual se determinó un perfil térmico para cada mamífero y se establecieron los patrones de

alimentación de *R. prolixus* según los mamíferos recolectados en campo.

Resultados. Se encontró un índice total de infestación de 88,5 % en palmas *Atalea butyracea*. Se capturaron 1.417 triatomos selváticos y se disecaron 269 insectos, en los cuales se encontró un índice de infección natural de 60,2 %. Se capturaron 160 especímenes de mamíferos, de los cuales 19 resultaron positivos para infección por *T. cruzi*. Entre los mamíferos que resultaron ser fuente alimenticia de *R. prolixus*, se encontraron murciélagos, marsupiales, como *Didelphis marsupialis*, y roedores.

Conclusiones. El índice de infestación encontrado en palmas sugiere a este nicho ecológico, no solo como un refugio para triatomos, sino también, para un amplio rango de mamíferos, aves y reptiles. Por esta razón, muchos de los mamíferos encontrados en las copas de las palmas, como marsupiales, vermilinguos y quirópteros, sirven como fuente alimenticia para triatomos, y pueden ser potenciales reservorios del parásito y actores principales de la dinámica de transmisión del ciclo selvático de la enfermedad de Chagas.

..... ☸☸☸

106. Evaluación de la composición microbiana presente en el intestino medio de *Aedes aegypti*, en cepas sensibles y resistentes al virus del dengue

Edward Molina-Henao, Yineth Graffe, Elsa de la Cadena, Mildred Serrato, Adriana Correa, Clara Ocampo

Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, CIDEIM, Cali, Colombia

Introducción. El dengue es una de las enfermedades tropicales de mayor distribución en el mundo, transmitida principalmente por *Aedes aegypti*. No obstante, actualmente no se cuenta con una vacuna para esta enfermedad y los esfuerzos para disminuir su incidencia se han centrado en el control de las poblaciones del zancudo vector. Un nuevo campo que comienza a explorarse es la manipulación de la competencia vectorial a partir de microorganismos endosimbiontes, que influyen en la biología del mosquito, su respuesta inmunológica y, consecuentemente, en la capacidad de infectarse con virus y parásitos.

Objetivo. Identificar los microorganismos cultivables del intestino medio de *Ae. aegypti*, en las cepas seleccionadas en el CIDEIM, sensibles y resistentes al virus del dengue, para probar si hay diferencias entre las comunidades microbianas, y evaluar si estas diferencias afectan la competencia vectorial y la longevidad del zancudo.

Materiales y métodos. Se disecaron intestinos medios de zancudos adultos de las cepas sensible,

resistente y de campo; se sembraron grupos de cinco intestinos en caldo LB y, después de 72 horas, se aislaron colonias en agares sangre, chocolate y MacConkey. Se identificaron por MALDI-TOF, Vitek y BD Phoenix.

Resultados. La mayor diversidad bacteriana se presentó en la cepa resistente con los géneros *Pseudomonas*, *Serratia*, *Stenotrophomonas* y *Escherichia*; mientras que en la cepa sensible sólo se identificó *Bacillus megaterium* y predominaron las levaduras del género *Candida*. De igual forma, la cepa de campo, que es sensible al virus del dengue, tuvo poca diversidad, identificándose la especie *B. megaterium*.

Conclusiones. Hay diferencias en las comunidades microbianas presentes en las cepas resistentes y sensibles al virus del dengue, posiblemente debido a una respuesta inmunológica antimicrobiana mayor en la cepa sensible, en comparación con la cepa resistente. En un futuro, se evaluarán los efectos de estas bacterias en la competencia vectorial de las cepas.



107. Efecto de la cal hidratada Ca(OH)_2 , Mg(OH)_2 , sobre estados inmaduros de *Lutzomyia evansi*, bajo condiciones de laboratorio

Edgar Ortega¹, Luis Gregorio Estrada¹, Luz Adriana Acosta², Andrés Vélez-Mira², Rafael José Vivero³, Eduar Elías Bejarano¹, Sandra Uribe³, Iván Darío Vélez², Horacio Cadena²

¹Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

²Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³Grupo de Sistemática Molecular, Universidad Nacional, Medellín, Colombia

Introducción. Las medidas empleadas tradicionalmente en el control de las leishmaniasis, se han enfocado en el tratamiento del ser humano, la eliminación de reservorios y la aplicación de insecticidas a las poblaciones del adulto vector, con resultados controversiales. Sin embargo, el control de las formas inmaduras en criaderos naturales no ha sido implementado por el escaso conocimiento que se tienen de estos.

Objetivo. Evaluar el uso de cal hidratada sobre larvas de *Lutzomyia evansi*, en el laboratorio, como una medida de control que permita interrumpir el ciclo biológico del vector desde sus forma inmaduras en sitios de cría naturales.

Materiales y métodos. Se evaluaron ocho dosis de cal, 11,2, 14,8, 18,4, 22,2, 37, 44,4, 59,2 y 74 g/kg de materia orgánica de sitios de cría; a los tratamientos se les adicionaron 15 larvas de

segundo y tercer instar. Se hicieron tres réplicas para cada tratamiento, empleando un control (sustrato sin cal) para cada una. Se hicieron seguimientos a las 12, 24, 48 y más de 78 horas, en el cual se evaluó la mortalidad.

Resultados. Con una dosis de 74 g de cal por kg de suelo, se afectó el 99,9 % de las larvas de segundo y tercer estadios de desarrollo después de 12 horas; la dosis de 59,2 g/kg, tuvo el mismo

efecto entre las 12 y 48 horas después de la aplicación. Las dosis de 37 a 44 g/kg tardan más de 74 horas para producir dichos efectos letales y las inferiores a 18,4 g/kg no tienen ninguna incidencia sobre su desarrollo.

Conclusiones. La aplicación de cal hidratada en un dosis de 37 a 74 g/kg, afecta el desarrollo de estadios inmaduros de *Lu. evansi*, bajo condiciones de laboratorio.

..... ☙☙☙

108. Comparación de tres métodos de extracción de ADN a partir de garrapatas (Acari: Ixodidae)

Marco Guevara¹, Melba Vertel², Pedro Blanco¹, Luis Paternina¹

¹ Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

² Grupo de Investigación Estadística y Modelamiento Matemático Aplicado a Calidad Educativa, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. El estudio de enfermedades transmitidas por garrapatas a menudo requiere el uso de extractos de ADN de alta calidad, sea de vertebrados o garrapatas, para la detección de ADN de agentes patógenos.

Objetivo. Comparar tres métodos de extracción de ADN basados en tiocianato de guanidina/fenol, altas concentraciones de sales y un kit de extracción comercial (Bioline).

Materiales y métodos. El material genético se extrajo de 30 garrapatas del complejo *Rhipicephalus sanguineus* capturadas en el municipio de Sincelejo. Cada garrapata se cortó en tres segmentos longitudinales y se sometió a extracción de ADN. Los extractos de ADN se cuantificaron en un espectrofotómetro y su calidad se evaluó mediante la amplificación de un fragmento del gen 16S de garrapatas (360 pb).

Resultados. De acuerdo con los protocolos utilizados, con el método basado en tiocianato de guanidina/fenol se obtuvieron mayores

concentraciones medias de ADN (274,17 ng/μl), seguido por el método con el kit (8,83 ng/μl) y, finalmente, por el método de altas concentraciones de sales (6,33 ng/μl), con diferencias significativas entre ellos según la prueba de Kruskal-Wallis ($H=71,29$; $p=3,3 \times 10^{-16}$). La amplificación del gen 16S de los extractos de ADN conseguidos con el kit, fue del 100 % (30/30), seguida por 93,33 % (28/30) con el método con tiocianato de guanidina/fenol y, finalmente, por 86,66 % (26/30) con altas concentraciones de sales; no se presentaron diferencias estadísticas en la eficiencia de amplificación del gen mitocondrial de garrapatas.

Conclusiones. Aunque existen diferencias en la abundancia del material genético obtenido con los tres métodos analizados; los tres han probado ser útiles en la amplificación de ADN de garrapatas (16S) y, considerando que los métodos alternativos evaluados presentan un desempeño similar a los métodos de columna, son una buena opción para evaluar grandes volúmenes de garrapatas a bajo costo.

..... ☙☙☙

109. Análisis de la asimetría fluctuante en *Belminus ferroae* (Hemiptera: Triatominae) alimentado con dos huéspedes (cucarachas y roedores)

Claudia Magaly Sandoval¹, Reinaldo Gutiérrez², Diego Alexander Jaimes², Nelcy Ortiz², Fernando Otálora¹, Elis José Aldana³

¹ Laboratorio de Ecología Sensorial, Centro Multidisciplinario de Ciencias, Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas (IVIC), Loma de Los Guamos, Jají, Mérida, República Bolivariana de Venezuela

² Laboratorio de Biomédicas, Facultad de Salud, Universidad de Pamplona, Pamplona, Colombia

³ Laboratorio de Entomología Herman Lent, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Los Andes, Mérida, República Bolivariana de Venezuela

Introducción. *Belminus ferroae* puede criarse en laboratorio con dos huéspedes, cucarachas o roedores. Esta situación ofrece la oportunidad para investigar el efecto del huésped en la estabilidad del desarrollo del ala en *B. ferroae*.

Objetivo. Examinar la asimetría fluctuante en el tamaño centroide y la conformación alar en tres generaciones de *B. ferroae* criadas en laboratorio con cucarachas (*Blaberus giganteus*) y roedores (*Mus musculus*).

Materiales y métodos. La asimetría fluctuante se analizó por medio de la técnica de morfometría geométrica. Las dos alas anteriores de 489 insectos se fotografiaron por triplicado. La prueba ANOVA de Procrustes se corrió por generación y sexo con el software SAGE. Como medida de *fitness*, se registró la viabilidad de *B. ferroae* en la fase de huevo para cada generación.

Resultados. No se observaron diferencias en la asimetría fluctuante del tamaño centroide, ni en

la conformación del ala entre los insectos criados con cualquier huésped ($p > 0,05$). Sin embargo, se observaron diferencias en el porcentaje de viabilidad de los huevos, entre las generaciones criadas con cucarachas (69,6-73,7 %) o con roedores (3-7 %) ($p < 0,005$).

Conclusiones. La evaluación de un factor ambiental (huésped) en una situación que combina bajo *fitness* y alta mortalidad, compromete el poder de la asimetría fluctuante como un indicador de estrés, como consecuencia de que los individuos con una gran asimetría podrían estar sucumbiendo ante el estresor en fases tempranas de su desarrollo. La falta de diferencia en la asimetría fluctuante entre generaciones de *B. ferroae* que exhiben distintas mortalidades, puede ser evidencia de que el mecanismo de selección del desarrollo pueda estar operando y, en estos casos, la medida más adecuada de estrés ambiental y que podría relacionarse con procesos de tipo adaptativo en relación con el huésped, es el *fitness*.



110. Evaluación del uso del suelo sobre la composición y abundancia de flebotominos en cuatro focos de transmisión domiciliar de leishmaniasis cutánea en la zona andina de Colombia

Mábel Moreno¹, Lina Guzmán-Rodríguez², Carlos Valderrama-Ardila³, Neal Alexander¹, Clara Ocampo¹

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, CIDEIM, Cali, Colombia

² Universidad ICESI, Cali, Colombia

Introducción. La alta prevalencia de leishmaniasis cutánea en mujeres y niños en la región andina colombiana, sugiere una transmisión domiciliar, principalmente atribuida a factores ecológicos y a cambios en el uso del suelo. Se hizo una caracterización entomológica en cuatro zonas de la región andina, para identificar potenciales vectores de leishmaniasis asociados a la transmisión domiciliar y una evaluación rápida de los factores

ambientales alrededor de la vivienda que favorecen la abundancia de los flebotominos.

Materiales y métodos. Se recolectaron flebotominos en una vereda de los municipios de San Benito (Santander), Villeta (Cundinamarca), Rivera (Huila) y Rovira (Tolima), con trampas de luz CDC en el intradomicilio y el peridomicilio (18:00 a 06:00 horas). Se determinaron las especies por claves taxonómicas y se evaluaron la ingestión sanguínea

y la prevalencia de infección por *Leishmania* (*Viannia*) por medio de técnicas moleculares. El tipo de hábitat se caracterizó a partir de ocho transectos radiales orientados a 45° alrededor de la vivienda.

Resultados. Entomológico. Se identificaron cinco especies, de las cuales *Pintomyia* (*Pifanomyia*) *quasitownsendi* (48,27 %) y *Pintomyia* (*Pif.*) *ovallesi* (38,79 %) fueron las más abundantes y tuvieron acentuado comportamiento antropofílico. Ninguna hembra presentó infección con *Leishmania* (*Viannia*). De las dos especies encontradas en San Benito, *P. (Pif.) quasitownsendi* fue la más abundante (99,66 %) y se encontró alimentada principalmente de sangre humana (78,26 %). En Rivera, *P. (Pif.) longiflocosa* y *Lutzomyia*

longipalpis fueron las más abundantes (37,03 % y 33,33 %, respectivamente) entre las seis especies determinadas. En Rovira, falta la determinación taxonómica.

Tipo de hábitat. Hubo predominio del cultivo de caña (43,69 % en San Benito y 27,7 % en Villeta) y de café tecnificado (47,3 % en Rovira). Las coberturas para Rivera aún no se han determinado.

Conclusión. Se registró la presencia de algunas especies del grupo *verrucarum* con acentuado comportamiento antropofílico, que sugiere su posible participación en la transmisión domiciliar de la leishmaniasis cutánea. Se espera mostrar los resultados de la asociación del uso del suelo con la composición y abundancia de flebotominos.



111. Primer registro de enfermedad de Chagas en la vereda San Joaquín Alto, El Tambo, Cauca

Martha I. Ordóñez¹, Noralba Montaña¹, Deisy Y. Ahumada¹, Luz Eidi Trujillo¹, Eryc Muñoz¹, Luis Reynel Vásquez¹, Astrid Carolina Flórez²

¹Centro de Estudios en Microbiología y Parasitología, CEMPA, Programa de Enfermería, y Departamento de Medicina Interna, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Cauca, Colombia

²Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La tripanosomiasis americana es una zoonosis causada por *Trypanosoma cruzi*, distribuida en países latinoamericanos y centroamericanos. El departamento del Cauca presenta vectores como *Triatoma nigromaculata*, (vereda La Playa, El Tambo), *Panstrongylus geniculatus* (Isla Gorgona, Piamonte) y *P. rufotuberculatus* (Santander de Quilichao). En el departamento del Cauca no se ha registrado esta parasitosis.

Objetivo. Determinar la seroprevalencia de tripanosomiasis americana en la comunidad de la vereda San Joaquín Alto, corregimiento Playa Rica en El Tambo, Cauca, además de establecer el conocimiento, las actitudes y las prácticas sobre la enfermedad en la población.

Materiales y métodos. Se hizo un estudio descriptivo de corte transversal en la vereda San Joaquín Alto. A las personas se les solicitó el consentimiento informado para la toma de una muestra de sangre para determinar anticuerpos

con las técnicas ELISA e IFI, y se hizo una encuesta estructurada. Con la comunidad, se buscaron insectos triatominos y se determinó su taxonomía con las claves dicotómicas de Lent & Wygodzinsky. El análisis estadístico se hizo con SPSS®, versión 19.

Resultados. Participaron 52 personas, 28,6 % de sexo femenino. El 57,1 % de la población no tenía seguridad social, el 59,5 % eran agricultores, el 38,1 % tenían primaria incompleta. Las casas se caracterizaban por su construcción en tabla (97,6 %). El 7,7 % presentaba anticuerpos contra *T. cruzi*. Se capturaron vectores que correspondían taxonómicamente a *T. nigromaculata*.

Conclusiones. Por primera vez, se registra la presencia de pacientes con anticuerpos para la enfermedad de Chagas en el departamento del Cauca. Es necesario que se realicen actividades de control o eliminación de esta parasitosis, en colaboración con las autoridades locales, departamentales y nacionales.



112. Caracterización genética de poblaciones colombianas de *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae), mediante el gen nuclear *white*

Sandy Milena Caldera¹, María Cristina Jaramillo¹, Suljei Cochoero², Betsy Bello-Novoa³, Vera Margarete Scarpassa⁴, Sandra Uribe⁵, Iván Darío Vélez⁶, Eduar Elías Bejarano¹

¹ Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

² Secretaría de Salud de Sucre, Sincelejo, Colombia

³ Laboratorio de Entomología, Red Nacional de Laboratorios, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA), Manaus, Amazonas, Brasil

⁵ Grupo de Investigación en Sistemática Molecular, Universidad Nacional de Colombia, Medellín, Colombia

⁶ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. *Aedes (Stegomyia) aegypti* es uno de los insectos de mayor importancia médico-epidemiológica por el papel que desempeña en la transmisión de algunos arbovirus, incluido el agente etiológico de la fiebre amarilla, el chikungunya y el del dengue, que constituye un problema prioritario en salud pública. Actualmente, la principal alternativa de control es la vigilancia entomológica de *Ae. aegypti*, pero poco es lo que se conoce sobre la variabilidad genética de este insecto en el país y su adaptación a los ambientes urbanos sobre los cuales se ejercen constantes presiones selectivas, incluyendo el uso de insecticidas.

Objetivo. Caracterizar genéticamente las poblaciones de *Ae. aegypti* de Colombia, mediante el uso del gen nuclear *white*.

Materiales y métodos. Se hizo un muestreo aleatorio en 18 poblaciones de Colombia, recolectando larvas de *Ae. aegypti* que fueron sometidas a condiciones estándares de cría hasta completar

su desarrollo. Para su determinación taxonómica, se observaron bajo estereomicroscopio. A las hembras se les extrajo ADN, se amplificó un fragmento del gen nuclear *white* y, posteriormente, se secuenciaron; se estimaron los parámetros de diversidad de nucleótidos, diversidad haplotípica, estructura genética y flujo de genes.

Resultados. Se obtuvieron dieciocho genotipos en 107 secuencias de nucleótidos de 423 pb. Se observaron 30 sitios polimorfos, 10 de los cuales fueron compartidos por dos o más secuencias. Los valores de estimadores de estructura genética fueron $F_{ST}=0,24$ y, de flujo de genes, $Nm=1,28$.

Conclusión. Se encontraron 18 genotipos aislados del acervo genético de *Ae. aegypti* mediante el gen nuclear *white*. Los G1, G2, G5 y G11 fueron los genotipos más frecuentes y se encontraron ampliamente distribuidos en todo el territorio colombiano; además, se registraron 14 genotipos únicos.

..... ☞☞☞

113. Pruebas colorimétricas para determinar la capacidad de residuo en toldillos insecticidas de larga duración en Colombia

Liliana Santacoloma, Gabriela Rey

Instituto Nacional de Salud y Organización Panamericana de la Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Los toldillos insecticidas de larga duración es una de las medidas utilizadas para el control de la malaria, con el propósito de evitar el contacto entre hombre y vector. Sin embargo, factores de tipo ambiental o las costumbres de uso por parte de las comunidades pueden reducir la capacidad de residuo lo cual conlleva la pérdida de eficacia en un menor tiempo. Por lo tanto, el tiempo de la utilidad de estos toldillos es un aspecto importante al momento de seleccionar las medidas

más costo-efectivas dentro de un programa integrado de vectores. Actualmente, el tiempo útil se determina por medio de pruebas biológicas de conos, la cual presenta dificultades asociadas con la captura de mosquitos en campo. Considerando estas dificultades, se estandarizó la metodología de pruebas colorimétricas para el país, la cual permite determinar la cantidad de insecticida en la superficie de toldillos mediante la medición del cambio de color producto de las reacciones químicas.

Materiales y métodos. Se determinaron los niveles de los insecticidas deltametrina y alfacipermetrina en los toldillos PermaNet® e Interceptor®, nuevos y con diferente número de lavados, mediante pruebas colorimétricas y se relacionaron con los resultados de porcentajes de mortalidad de *Anopheles albimanus* obtenidos en los mismos mosquiteros.

Resultados. Se encontró una buena relación entre la concentración de los insecticidas deltametrina ($r^2=0,96$) y alfacipermetrina ($r^2=0,9$), y el porcentaje de pixeles rojos y obtenidos Permanet® e

Interceptor®, respectivamente. No se encontró relación entre los resultados de concentración de deltametrina en el toldillo con los de pruebas biológicas, obtenidos con los conos en condiciones de laboratorio.

Conclusiones. La metodología de pruebas colorimétricas se puede aplicar en los laboratorios departamentales de salud pública del país, para determinar el residuo de los toldillos insecticidas de larga duración, utilizados por los programas de control de vectores.

..... ☪☪☪

Tema 9

EPIDEMIOLOGÍA, VIGILANCIA Y CONTROL DE ENFERMEDADES TROPICALES

114. Situación actual del sistema de vigilancia epidemiológica de enfermedades de notificación obligatoria en Santa Marta, 2015

Margarita Montoya¹, María Teresa Mojica-Ortiz²

¹ Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

² Centro de Investigación en Medicina Tropical, CIMET, Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

Introducción. En 1995, los *Centers for Disease Control and Prevention* (CDC) de Estados Unidos propusieron un sistema de vigilancia que comprende la recolección sistemática de datos relacionados con la presencia de una enfermedad, y su análisis e interpretación. Langmuir, en 1963, explicó que vigilancia es “la observación continua de la distribución y tendencia de la incidencia a través de la recolección sistemática, consolidación y evaluación de hechos relevantes”. En Latinoamérica, se comenzó a hablar de sistemas de vigilancia epidemiológica en la década de los 80. Se articuló como una función esencial de la salud pública por la Organización Panamericana de la Salud en el año 2000. En Colombia, la vigilancia epidemiológica es una responsabilidad del Estado y está reglamentada en el Decreto 3518 de 2006.

Objetivo. Describir la situación actual de la vigilancia epidemiológica en instituciones prestadoras de salud y en instituciones estatales responsables de la vigilancia de la ciudad de Santa Marta.

Materiales y métodos. Se llevó a cabo un estudio descriptivo, exploratorio de caso, con enfoque cuantitativo y cualitativo, en instituciones públicas y privadas de Santa Marta. Las variables estudiadas fueron las responsabilidades y los

componentes del proceso de la notificación, y las enfermedades notificadas, entre otras. Se elaboraron fichas para recolectar información y entrevistas semiestructuradas, y se analizaron los datos mediante métodos estadísticos descriptivos.

Resultados. El 80 % de las instituciones evaluadas tiene falencias en la realización del proceso de la vigilancia. Solo el 5 % de las instituciones posee un comité de vigilancia *epidemiológica*. No se utilizan los datos del proceso de vigilancia para la evaluación, el control y el seguimiento de casos. En el Distrito no se lleva a cabo la vigilancia centinela. Siguen prevalentes las enfermedades infecciosas que han presentado mayor incidencia en los últimos cinco años. Se han presentado brotes de enfermedades de notificación obligatoria, a los cuales no se les ha hecho investigación de campo.

Conclusiones. Se vislumbran grandes falencias en el manejo de la vigilancia a nivel de las instituciones de salud de Santa Marta. El manejo de la información epidemiológica no es el óptimo. No se cuenta con información oportuna, actual y confiable para la toma de decisiones de la situación epidemiológica de la población atendida; esto indica que la vigilancia epidemiológica en el ámbito de la ciudad de Santa Marta es deficiente.

..... ☸ ☸ ☸

115. Estimation of tuberculosis incidence at prisons in Colombia, 2007-2013

Diana M. Castañeda-Hernández, Alfonso J. Rodríguez-Morales

Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Risaralda, Colombia; Fundación Universitaria del Área Andina, Seccional Pereira, Risaralda, Colombia

Introduction. Whilst tuberculosis in prisoners has been well documented in other regions and countries, there is a paucity of information

about tuberculosis incidence among prisoners in many countries in Latin America, including Colombia.

Materials and methods. Current observational, retrospective study aimed to estimate incidences of tuberculosis in Colombia for the years 2007-2013 based on data extracted from the surveillance system (Sivigila) and the personal health records system (*Registro Individual de Prestación de Servicios*, RIPS), using the events codes (810, 820 and 825) and the ICD-10 codes A15-A19. Using health coverage population by both systems, adjusted incidence rates were estimated (cases/100,000 pop. in prisons).

Results. During the period, a median of 391 cumulated cases were reported (range: 285-496), for a crude national rate of 12.9 cases/1,000 prisoners (95%CI: 11.6-14.2; range: 4.9-191.4) (in general population this was 1.28 cases/1,000 pop. [95%CI: 1.27-1.29]) (OR=10.18 [95%CI: 9.21-11.25]); 64.1% corresponded to males (95%CI:

59.3-69.1; range: 59.7-71.9); 59.3% were 20-49.99 years-old. At departments, median rates ranged 2.4 (Cauca) to 500.0 cases/1,000 prisoners (San Andrés Islands).

Discussion. Previous local and international studies in specific prisons have reported differences in tuberculosis incidence rates between 3.19 (Risaralda, Colombia) and 53.4 (Antioquia, Colombia) higher in prisoners compared to general population. In this study tuberculosis was significantly 10 times higher in prisoners than in general population. Incarceration is a strong risk factor for acquiring tuberculosis, which is interlinked with multiple factors (e.g., overcrowding). Policies and programs aimed at reducing transmission and preventing tuberculosis amongst them are necessary for an integral control of tuberculosis.



116. Residual incidence of taeniosis and cysticercosis in Colombia, 2009-2013

Alfonso J. Rodríguez-Morales, Hamilton A Marín-Rincón, María Camila Yepes,
Wilmer Acevedo, Jaime A. Cardona-Ospina, Ana Flisser

Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud,
Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia; Departamento de Microbiología y Parasitología,
Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México, Coyoacán, México, D.F., México

Introduction. Cysticercosis is caused by the tissue invasion of larval stages of *Taenia solium*. In Colombia, the disease has been significantly reduced over the past decades, however it is still reported.

Materials and methods. Observational, retrospective study in which the incidence of taeniosis and cysticercosis (ICD-10 codes B68s/B69s) in Colombia, 2009-2013, was estimated based on data extracted from the personal health records system (*Registro Individual de Prestación de Servicios*, RIPS). Using official population estimates of national statistics (*Departamento Administrativo Nacional de Estadística*, DANE), crude and adjusted incidence rates were estimated (cases/100,000 pop.).

Results. During the period, 3,626 cases were reported (median: 796/year), for a cumulative crude national rate of 7.7 cases/100,000 pop.; 58.2% corresponded to males; 57% were <40 years-old (10.2% <9.9 years-old). Cases were

57.6% neurocysticercosis, the rest were taeniosis due to *T. solium*, *T. saginata*, ocular cysticercosis and cysticerci in other organs. From the total of neurocysticercosis cases, 18.4% were from Antioquia (6.1 cases/100,000 pop., 2012), followed by Bolívar with 15.9% (4.64 cases/100,000 pop., 2012) and Atlántico with 12.5% (3.8 cases/100,000 pop., 2009). Cases were reported in 28 departments of the country (including the Capital District). For municipalities, the one with highest neurocysticercosis incidence rate was Montebello, in the department of Antioquia, with 43.8 cases/100,000 pop. in 2010.

Conclusions. Higher control, particularly of cysticercosis, should be an attainable goal, which among other strategies would require improved sanitation and health education to prevent transmission, but also enhanced surveillance, not regularly undertaken in Colombia. Despite the limitations of a retrospective study, this provides recent estimates of national taeniosis and cysticercosis incidence in the country.



117. Cryptosporidiosis morbidity estimates for Colombia, 2009-2013

Alfonso J. Rodríguez-Morales, Hamilton A. Marín-Rincón, María Camila Yepes,
Wilmer Acevedo, Jaime A. Cardona-Ospina, Ángel A. Escobedo

Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud,
Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia; Hospital Pedro Borrás, La Habana, Cuba

Introduction. Cryptosporidiosis is an infection caused by extremely chlorine-tolerant protozoa of the genus *Cryptosporidium*. It is not a nationally notifiable gastrointestinal illness in many countries including Colombia.

Materials and methods. Observational, retrospective study in which incidence of cryptosporidiosis in Colombia, 2009-2013, was estimated based on data extracted from the personal health records system (*Registro Individual de Prestación de Servicios*, RIPS), using the ICD-10 code A07.2. Using official population estimates of national statistics (*Departamento Administrativo Nacional de Estadística*, DANE), crude and adjusted incidence rates were estimated (cases/1,000,000 pop.).

Results. During the period, 208 cases were reported (median: 40/year), for a cumulated crude national rate of 4.52 cases/1,000,000 pop.; 62.5% were males; 46.15% were 0-9.999 years-old and 19.23% 10-19.999 years-old. From the total, 35.5% were from Bogotá (9.51 cases/1,000,000

pop., per period), followed by Cauca with 7.5% (11.27 cases/1,000,000 pop.), Bolívar with 7.0% (6.99 cases/1,000,000 pop.), Cundinamarca with 6.5% (5.16 cases/1,000,000 pop.) and Huila with 6.5% (11.84 cases/1,000,000 pop.). Cases were reported in 24 of 32 departments of the country (including also the Capital District). At Chocó department (with extended rural areas), age-rate in 70-79.99 years-old group was 87.4 cases/1,000,000 pop. in 2010.

Conclusions. *Cryptosporidium* is an ubiquitous enteric protozoan pathogen that infects humans, domestic animals and wildlife worldwide, being a significant cause of diarrhea and nutritional disorders in institutional and community settings. Although this subregistry in Colombia would be suspected when compared with other pathogens (e.g., *Giardia* spp.), poverty and lack of proper water sources would make to suspect this. Then, important questions regarding its epidemiology are raised and need to be addressed if control strategies are to be effective.



118. Scorpion envenomation in Colombia: Estimating its incidence, 2009-2013

Jaime A. Cardona-Ospina, María Yamile Álvarez, Néstor Muñoz-Calle, Luis Andrade,
Catalina Alzate-Carvajal, Angélica Giselle Badillo, Jhon J. Vera, Alfonso J. Rodríguez-Morales

Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud,
Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

Introduction. Scorpion envenomation is considered the second event by poisonous animals in importance around the world according to the World Health Organization. In Colombia there are more than 35 clinically relevant species, most of them belonging to the *Tityus* and *Centruroides* genres.

Materials and methods. Observational, cross-sectional, retrospective study aimed to estimate incidences of scorpionism in Colombia, 2009-2013, based on data extracted from the personal health records system (*Registro Individual de Prestación de Servicios*, RIPS), using ICD-10 codes X22.0-

X22.9. Using health coverage population by the system, estimates of adjusted incidence rates were estimated (cases/100,000 pop.).

Results. During the period, 1,779 cases were reported (median: 363/year), for a cumulative national rate of 3.8 cases/100,000 pop.; 55.7% were females; 52% were <30 years-old (18.38% <9.9 years-old). Cases occurred in 57.2% at home (X22.0), 7.9% at farms (X22.7), 7.3% at a residential institution (X22.1) and 1.3% at schools, other institutions and public administrative areas (X22.2). From the total cases 33.33% were from

Tolima (24.5 cases/100,000 pop.), followed by Huila with 15.41% (14.76 cases/100,000 pop.) and Antioquia with 10.84% (1.77 cases/100,000 pop.). Cases were reported from 26 of 32 country departments (plus the Capital District).

Discussion. Tolima and Antioquia concentrated more than 45% of cases (and 60% if Huila is added). This is coherent with previous regional

hospital studies finding a high incidence in those two departments. However, that report included only 129 cases between 2000 and 2001 (15 hospitals). Epidemiological awareness and knowledge is linked with proper management of the envenomed patient which finally will be related also to reduce the mortality and improve the functional outcome of survivors.

..... ☸☸☸

119. Las epidemias en el antiguo Magdalena grande 1810-1910

Nasly Goenaga-Cárdenas

Universidad Cooperativa de Colombia, Santa Marta, Colombia

Introducción. Las epidemias generan en la humanidad estados emocionales como el miedo, seguido del pánico, pasando después por la huida. El mundo siempre ha sido azotado por las epidemias, que ocasionan muertes, desolación y discapacidad, con los consecuentes daños sociales, económicos y políticos. El Magdalena grande, como se le conoció a esta división políticoadministrativa, no estuvo alejado de lo que ocurría en el mundo. El territorio del Magdalena grande, hizo parte de las primeras zonas de contacto entre el mundo prehispánico y el hispánico. En ese orden de ideas, el puerto y las costas de la provincia de Santa Marta fueron visitados desde épocas muy tempranas por Rodrigo de Bastidas y Juan de Ojeda (1498), entre otros. En concordancia, se observa que el Magdalena no estuvo alejado de la situación que vivía el mundo, pero, al hacer una revisión, en la literatura se nota un vacío sobre ¿cómo fueron las epidemias que se presentaron en la antigua gobernación de la Provincia de Santa Marta durante el periodo comprendido entre 1820 y 1920?

Objetivo. Determinar las epidemias presentadas en el antiguo Magdalena grande: 1820 -1920.

Materiales y métodos. El estudio parte de una revisión historiográfica, de tipo descriptivo y longitudinal, en el cual se pretende caracterizar lo encontrado en los documentos históricos, hallados en esos momentos, tal y cual como se encuentran en ellos. La población objeto de estudio es el Magdalena grande, como se encontraba conformada geopolíticamente.

Resultados. Los resultados hallados fueron epidemias de varicela, de cólera y de fiebre amarilla. Se emplearon estrategias de aislamiento y vacunación, para el caso de la varicela.

Conclusiones. Estas epidemias afectaron a la población, sin distingo de clase. Además, se presentaron en épocas de guerra, no cursaron simultáneamente. Se vieron afectadas las rutas comerciales, con disminución de la población.

..... ☸☸☸

120. The burden of chikungunya in one coastal department of Colombia (Sucre): Estimates of the disability adjusted life years (DALY) lost in the 2014 epidemic

Jaime A. Cardona-Ospina, Alfonso J. Rodríguez-Morales, Wilmer E. Villamil-Gómez

Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia; Grupo Enfermedades Infecciosas, Hospital Universitario de Sincelejo, Sincelejo, Colombia; Programa del Doctorado de Medicina Tropical, Universidad de Cartagena, Cartagena, Universidad del Atlántico, Barranquilla, Colombia

Introduction. Along with the wide, and still uncontrolled, spread of chikungunya virus disease in the new endemic areas of Latin America, an increase in the burden of its

rheumatologic sequelae is expected. In 2014, there were 106,592 cases officially reported, with 13.8% from the Sucre department, which was the territory with the second highest disease

incidence after Norte de Santander (1837.33 cases/100,000 pop.).

Materials and methods. We calculated the DALY estimates for pCHIK-CIR in the region of Sucre (and its municipalities), Colombia and Latin America based on disease incidence and pCHIK-CIR estimations. The DALYs were estimated using the method adopted by Murray for estimating the global burden of diseases ($DALYs = YLL + YLD$; $YLL=0$ assuming not yet deaths; $YLD = I * DW * L$). Although no disability weight (DW) is available for pCHIK-CIR, we used the disability weight available for rheumatoid arthritis (0.233), which has been used in previous estimates for CHIK DALYs (e.g., in India). The expected incident cases progressing to chronic disease (I) and the duration of chronic disease (L) were assumed to be as previously reported.

Results. With 14,741 cases (1748.2 cases/100,000 pop.), the 95%CI of DALYs ranged 2,601-2,893, being 308-343 DALYs/100,000 pop. Palmitos resulted the municipality with highest population-adjusted burden: 1,075-1,195 DALYs/100,000 pop. From 26 municipalities, half of them showed a burden of more than 100 DALYs/100,000pop.

Conclusions. Although there were limitations related to the source of information and the lack of adjustment by gender and age, these are, to the best of our knowledge, the first DALY estimates from pCHIK-CIR in Latin America. Hence, in accordance with our results, the expected DALY due to pCHIK-CIR in Colombia are two thirds of the burden of ischemic heart disease. Our estimates are consistently higher than those previously reported, which raises alarms regarding the need to promptly establish control measures and to be prepared to face future pCHIK-CIR epidemics.



121. Modelo basado en agentes para reproducir la dinámica de transmisión de enfermedades transmitidas por vectores, caso chikungunya en Colombia

Guido Espana¹, Hernando Díaz¹, John Grefenstette², Donald Burke², Willem van Panhuis²

¹ Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

² Public Health Dynamics Lab, University of Pittsburgh, Pittsburgh, PA, USA

Introducción. Según la Organización Panamericana de la Salud, la epidemia de chikungunya ha producido más de 1'500.000 casos probables y sospechosos en las Américas, desde su inicio a finales de 2013. En Colombia, este es problema aún creciente, con cerca de 300.000 casos sospechosos desde septiembre de 2014. Puesto que no hay una vacuna disponible, el control vectorial es la única herramienta disponible para detener estos virus en el país. Un caso exitoso es el de Santa Marta, donde la epidemia ha sido controlada hasta el momento. Sin embargo, el impacto real de estas medidas de control no ha sido estimado.

Objetivo. Desarrollar un modelo basado en agentes para evaluar el impacto y contribuir al planeamiento de estrategias óptimas de control.

Materiales y métodos. Se desarrolló un modelo a grande escala basado en agentes, para representar enfermedades transmitidas por vectores, como el dengue o la fiebre del chikungunya. Para esto, se construyó una población 'sintética' de Colombia y se representó la distribución espacial de *Aedes*

aegypti. Además, se implementó un modelo gravitacional para representar los datos de tráfico aéreo en Colombia. El modelo fue implementado en la plataforma FRED® (*Framework for Reconstructing Epidemic Dynamics*). La transmisión está basada en un modelo SEIR para los humanos y uno SEI para los mosquitos. El control vectorial fue implementado como la eliminación de las etapas inmaduras del mosquito. El modelo fue calibrado con datos sobre el chikungunya del 2014 a febrero de 2015.

Resultados. El modelo calibrado representa adecuadamente los brotes en varios municipios del país. Además, el modelo representa los casos de Santa Marta, con control vectorial y sin él. De esta manera, se estimó que cerca de 11.000 casos fueron prevenidos en el periodo comprendido por los reportes de casos. Finalmente, se hizo un análisis de sensibilidad de estas estrategias de control frente al cambio en varios parámetros.

Conclusiones. Los resultados muestran que estas campañas de control pueden ser optimizadas para obtener una mayor reducción de casos en un brote de fiebre del chikungunya.

122. Strongyloidiasis in Colombia, 2009-2013

Alfonso J. Rodríguez-Morales, María Yamile Álvarez-Ríos, Lina Abella-Márquez, Marcela Muñoz-Urbano, Hamilton A. Marín-Rincón, Jaime Andrés Cardona-Ospina, Soraya Villegas, John J. Vera

Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

Introduction. *Strongyloides stercoralis*, an intestinal nematode with worldwide distribution, is endemic at tropical and subtropical areas. Only 13 previous PubMed records are available from Colombia.

Materials and methods. Observational, retrospective study in which the incidence of strongyloidiasis in Colombia, 2009-2013, was estimated based on data extracted from the personal health records system (*Registro Individual de Prestación de Servicios*, RIPS), using the ICD-10 codes B78.0-B78.9. Using official population estimates of national statistics (*Departamento Administrativo Nacional de Estadística*, DANE), crude and adjusted incidence rates were estimated (cases/100,000 pop.).

Results. During the period, 1,071 cases were reported (median: 236/year), for a crude national rate of 2.32 cases/100,000 pop.; 50.7% corresponded to females; 51.9% were <20 years-old (34.3% <10 years-old). From the total, 51.45% were classified as cutaneous form (B78.1),

28.2% intestinal (B78.0) and 1.59% disseminated (B78.7). From the cutaneous cases, 82.59% were reported in Atlántico (8.7 cases/100,000 pop.). In the case of the intestinal form, 25.5% were reported in Bogotá (0.99 cases/100,000 pop.), followed by Magdalena, 24.1% (5.77 cases/100,000 pop.). In the case of disseminated forms, 20% were reported in Antioquia (0.5 cases/1,000,000 pop.) and 20% in Santander (1.5 cases/1,000,000 pop.).

Discussion. According to these results, we can show that strongyloidiasis in Colombia is more common than it could be estimated according to previous reports (mostly case reports), linked to unsatisfactory environmental sanitation conditions. Awareness about this disease, especially in the regions where cases have been previously reported, should be raised. Cross-sectional and prospective studies should be conducted in our country in order to improve the knowledge of incidence, prevalence and burden of disease.

..... ☙☙☙

123. Neobalantidiasis in Colombia, 2009-2013

Alfonso J. Rodríguez-Morales, Juan Esteban García-Robledo, Santiago Granados-Álvarez, Natalia Hurtado-Hurtado, Jaime Andrés Cardona-Ospina, Wilmer Villamil-Gómez

Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia; Hospital Universitario de Sincelejo, Sincelejo, Colombia; Universidad ICESI, Cali, Colombia

Introduction. *Neobalantidium coli* is the only ciliated protozoon known to infect humans and is the largest protozoon infecting humans and nonhuman primates. Neobalantidiosis is a zoonotic disease and is acquired by humans via the fecal-oral route from the normal host, the pig, where it is asymptomatic.

Materials and methods. Observational, retrospective study in which the incidence of neobalantidiasis in Colombia for the years 2009-2013 was estimated based on data extracted from the personal health records system (*Registro Individual de Prestación de Servicios*, RIPS), using the ICD-10 code A07.0. Using official population estimates of national

statistics (*Departamento Administrativo Nacional de Estadística*, DANE), crude and adjusted incidence rates were estimated (cases/100,000 pop.).

Results. During the period, 1,024 cases were reported (median: 226/year), for a crude national rate of 2.22 cases/100,000 pop.; 79.39% corresponded to males; 28.0% were 0-9.999 year-old. From the total, 14.56% were from Bogotá (1.96 cases/100,000 pop.), 13.16% from Sucre (16.12 cases/100,000 pop.), Antioquia with 11.27% (1.84 cases/100,000 pop.). Other high rates were reported in Guaviare (6.68 cases/100,000 pop.), Córdoba (3.36 cases/100,000 pop.) and Risaralda (3.33 cases/100,000 pop.). Number of pigs/

department in 2012-2013 was significantly related to neobalantidiasis rates for that period (non-linear regression, $r^2=0.43$; $p<0.0001$).

Discussion. Although *N. coli* has been considered a cosmopolitan parasitic-opportunistic pathogen that can be found throughout the world, its research

is neglected in Latin America, including Colombia (only 2 reports in PubMed). Because its reservoir host is the pig and the country has extensive areas of porcine culture as well reports of the disease in pigs (with significant economic burden >USD\$ 23,000), present results were expectable.



124. Amebiasis morbidity estimation of incidence rates for Colombia, 2009-2013

Alfonso J. Rodríguez-Morales, Catalina Alzate-Carvajal, Angélica Giselle Badillo-Morales, Ivonne Medina, Ángel A. Escobedo

Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia; Hospital Pedro Borrás, La Habana, Cuba

Introduction. Amebiasis is considered still an important cause of morbidity and mortality in many countries in the world.

Materials and methods. Observational, retrospective study in which the incidence of amebiasis (ICD-10 codes A06.0 to A06.9) in Colombia for the years 2009-2013 was estimated based on data extracted from the so-called personal health records system (*Registro Individual de Prestación de Servicios*, RIPS). Using official population estimates of national statistics (*Departamento Administrativo Nacional de Estadística*, DANE), crude and adjusted incidence rates were estimated (cases/100,000 pop.).

Results. During the period, 309,248 cases were reported (median: 62,302 per year), for cumulated crude national rate of 60.78 cases/100,000 pop. The clinical form of amebiasis with the highest incidence rates was the amoebic non-dysenteric

colitis (2009: 40.39; 2010: 35.16; 2011: 31.93; 2012: 31.96; 2013: 14.13) and acute amoebic dysentery (2009: 36.21; 2010: 31.22; 2011: 38.86; 2012: 29.76; 2013: 15.00). Cases were reported in all the departments of the country (even insular areas). The location with the highest incidence rate was Bogotá (142.57 cases/100,000 pop.), followed by Santander (62.95 cases/100,000 pop.) and Cesar (48.83 cases/100,000 pop.). Finally, age groups with the highest morbidity were 0-9,99 years-old and those older than 70 years old.

Conclusions. Amebiasis is neglected in many countries in the region. Surveillance is not regularly done. Despite the limitations of this study, this is the first attempt to provide estimates of national amebiasis incidence in the country, with consistent findings regarding affected age groups and geographical distribution. More studies, including GIS-based mapping are expected and deserved for this protozoan disease.



125. Coinfecciones en leptospirosis

Piedad Agudelo-Flórez, Margarita Arboleda, Esteban Arroyave, Jesús Ochoa

Facultad de Medicina, Universidad CES; Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Universidad CES; Facultad de Salud Pública, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La leptospirosis se considera actualmente una enfermedad reemergente y representa un problema de salud pública en la región de Urabá, zona que es también endémica para otras enfermedades infecciosas, como dengue, malaria, fiebre tifoidea y tuberculosis, entre otras. Estas enfermedades, en su mayoría, se presentan como síndromes febriles agudos asociados a

manifestaciones generales, lo que hace difícil diferenciarlas y, aún más difícil, sospecharlas y documentarlas inicialmente como diagnósticos de coinfección o enfermedad concomitante.

Objetivo. Determinar la frecuencia de coinfección con otras enfermedades presentes en nuestra región, con casos febriles agudos de leptospirosis.

Materiales y métodos. Es un estudio de casos y controles en pacientes con síndrome febril agudo secundario a leptospirosis, procedentes de la región de Urabá, durante los años 2010 a 2012, diagnosticados por hemocultivo, MAT o IFI *Leptospir*. Se consideraron como 'casos' las presentaciones graves y, 'controles', las presentaciones leves o moderadas de manejo ambulatorio. Se hicieron la prueba de dengue por ELISA IgM y las pruebas específicas para otras infecciones, según los resultados de laboratorio y la evolución clínica de los pacientes.

Resultados. Se hizo diagnóstico de leptospirosis en 307 pacientes, de los cuales 77 fueron casos y 230 fueron controles. En 9,4% de los casos (29/307), se encontraron infecciones asociadas, siendo el dengue la más frecuente (18/29; 62 %),

seguida por hepatitis A (3/29; 10,3 %), tuberculosis (3/29; 10,3 %), sida (1/29; 3,4 %), toxoplasmosis (1/29; 3,4 %), malaria (1/29; 3,4 %) y ascaridiasis masiva (1/29; 3,4 %); en un caso hubo coinfección con dengue más enfermedad diarreica aguda por *Salmonella* spp. , en otro, dengue más hepatitis A. Hubo una mayor frecuencia de presentaciones graves en pacientes coinfectados (13/77 Vs. 16/230; $p=0,02$). Un paciente falleció (coinfectado con tuberculosis) y los demás evolucionaron satisfactoriamente.

Conclusiones. Estos casos de coinfecciones con leptospirosis sugieren la necesidad de tener siempre presente la posibilidad de infecciones simultáneas en pacientes con síndromes febriles procedentes de áreas endémicas, particularmente, en los más comprometidos clínicamente.

..... ☸☸☸

126. Factores asociados con la presentación y gravedad de la leptospirosis, Urabá, 2010-2012

Margarita Arboleda¹, Piedad Agudelo-Flórez², Nelson Agudelo³, Jesús Ochoa³

¹ Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Universidad CES, Medellín, Colombia

² Facultad de Medicina, Universidad CES, Medellín, Colombia

³ Grupo de Epidemiología, Facultad Nacional de Salud Pública, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La leptospirosis representa un problema de salud pública en la región de Urabá, con tasas elevadas de morbilidad y mayor mortalidad que por dengue y malaria. Poco se sabe sobre las manifestaciones graves de la enfermedad en esta región y sobre los factores asociados con las complicaciones con la muerte.

Objetivo. Estudiar los factores de riesgo asociados con las presentaciones graves de leptospirosis en pacientes residentes en los municipios del eje bananero.

Materiales y métodos. Es un estudio de casos y controles en pacientes con síndrome febril agudo no palúdico, secundario a leptospirosis, procedentes de la región de Urabá, durante los años 2010 a 2012, diagnosticados por hemocultivo, MAT o IFI. Se consideraron como 'casos' las presentaciones graves y, 'controles', las presentaciones leves o moderadas. Se compararon las características clínicas, epidemiológicas y microbiológicas de los pacientes con formas graves de la enfermedad, con las de aquellos tratados de manera ambulatoria.

Resultados. De 479 casos febriles ingresados al proyecto, se encontraron 307 positivos para leptospirosis (64 %), 77 de los cuales fueron casos

graves y 230 fueron controles. Las principales complicaciones en los casos graves, fueron síndrome de Weil (35,1 %), compromiso hepático (26 %), compromiso renal (10,4 %), compromiso pulmonar (11,4 %) y compromiso cerebral (5,2 %). La ictericia, los síntomas gastrointestinales, las petequias, la hipotensión, la taquipnea, la incapacidad para sostenerse en pie y la elevación de la creatinina ($>1,3$ mg/dl), fueron más frecuentes en los casos que en los controles ($p<0,05$). Hubo una mayor frecuencia de presentaciones graves en pacientes coinfectados con otras enfermedades endémicas de la región ($p<0,05$). *Leptospira interrogans* y *L. santarosai* fueron más frecuentes en casos graves, siendo la infección con esta última especie estadísticamente diferente ($p<0,05$). El antecedente de inundación de la vivienda fue más frecuente en los casos ($p<0,05$).

Conclusiones. Estos resultados permiten al médico tratante orientar, desde el ingreso, las conductas diagnósticas y el manejo clínico individual de los pacientes febriles con sospecha de leptospirosis, en áreas endémicas para esta enfermedad.

Trabajo financiado por Colciencias y el Instituto Colombiano de Medicina Tropical.

127. Factores de riesgo para la leishmaniasis periurbana en Ovejas, Sucre

Luz Adriana Acosta^{1,2}, Horacio Cadena², Juan Carlos Salazar³, Víctor Ignacio López³, Germán Poveda¹

¹ Departamento de Geociencias y Medio Ambiente, Universidad Nacional de Colombia, Medellín, Colombia

² Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³ Escuela de Estadística, Universidad Nacional de Colombia, Medellín, Colombia

Introducción. Recientemente, la leishmaniasis en Colombia presenta algunos brotes periurbanos relacionados con asentamientos humanos sub-normales provenientes de zonas endémicas, que generan ambientes ecológicos favorables para la transmisión de la enfermedad. Se desconocen las variables ambientales en estos sitios periurbanos, que facilitan la transmisión del parásito.

Objetivo. Determinar las condiciones ambientales (físicas y bióticas) de los domicilios, que influyen como factores de riesgo en las dinámicas endemo-epidémicas de la leishmaniasis periurbana en el municipio de Ovejas, Sucre.

Materiales y métodos. Se entrevistaron 921 personas de 150 viviendas de tres barrios periurbanos de Ovejas, para recolectar información de la vivienda, del historial de infección y de la relación con animales domésticos. Los factores de riesgo fueron analizados mediante un modelo de regresión logística mediante la razón de momios (*odds ratio*, OR) con límites de confianza del 95 %, utilizando el programa SAS/STAT®. Se definió

como variable respuesta, la intradermorreacción de Montenegro positiva.

Resultados. Se valoraron los factores de riesgo para la leishmaniasis, asociados con el contacto entre parásito y humano. Para la intradermorreacción de Montenegro positiva, fueron convivir dentro de la vivienda con aves (OR=2,67; IC_{95%} 1,51-4,71) y gatos (OR=3,86; IC_{95%} 2,10-7,09), con cerdos en el peridomicilio (OR=3,83; IC_{95%} 2,07-7,09) y tener paredes construidas en bahareque (OR=1,78; IC_{95%} 0,73-4,35). En general, las personas que tienen animales domésticos en el intradomicilio y el peridomicilio tienen considerablemente mayor riesgo de contraer la enfermedad o de ser picados por el insecto vector.

Conclusiones. En Ovejas, Sucre, la transmisión de la enfermedad está asociada a factores de la vivienda y el comportamiento humano. El estudio de estos factores de riesgo aporta al entendimiento holístico de la enfermedad, para generar en el futuro medidas eficientes de prevención y control, y contribuir al desarrollo de un sistema de alerta temprana.



128. Evaluación de la utilidad diagnóstica de la técnica ELISA frente a la IFI en el diagnóstico de leishmaniasis canina en el área urbana del municipio de Ovejas, Sucre

Karol Rueda, Matilde Rivero, Jorge Rodríguez, María José Contreras,
Lilibeth Canchila, Alveiro Pérez-Doria, Eduar Bejarano

Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. En la vigilancia epidemiológica como en el diagnóstico de leishmaniasis visceral, la inmunofluorescencia indirecta (IFI) ha sido la prueba estándar y, aunque su utilidad no está en discusión, su implementación y apropiación son limitadas, especialmente en zonas de menor desarrollo tecnológico donde la leishmaniasis es endémica.

Objetivo. Evaluar la utilidad de la ELISA para detectar anticuerpos contra *Leishmania* spp. en sueros caninos evaluados previamente por IFI.

Materiales y métodos. Se estandarizó una ELISA indirecta, en la que se usaron promastigotes de *Leishmania braziliensis* como antígenos; se usaron sueros caninos con diagnóstico serológico positivo confirmado por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) como controles positivos y, como controles negativos, se emplearon sueros caninos negativos para ambas técnicas. Se halló el punto de corte, y se compararon los parámetros diagnósticos de la técnica (sensibilidad, especificidad, valores diagnósticos) y el índice de concordancia kappa

de Cohen, entre los resultados de la ELISA y la inmunofluorescencia indirecta.

Resultados. Se analizaron 152 muestras y se encontró una prevalencia de anticuerpos de 42 % (n=64/152) Vs. 32 % (n=50/152) obtenida por IFI. La sensibilidad y la especificidad de la ELISA fueron de 100 % y 87 %, respectivamente, con un valor diagnóstico positivo (*Positive Predictive Value*, PPV) de 79 %, un valor diagnóstico negativo

(*Negative Predictive Value*, NPV) de 100 % y un grado de concordancia muy bueno (índice kappa=0,158) entre las dos técnicas.

Conclusiones. La ELISA es una herramienta útil para la detección de anticuerpos frente a parásitos del género *Leishmania* con altos valores de sensibilidad (100 %), especificidad (87,12%), PPV (79,6%) y NPV (100%) tan buenos como la técnica IFI considerada como Gold estándar.



129. Seroprevalencia de leishmaniasis en población canina urbana del municipio de Ovejas, Sucre

Matilde Elena Rivero, Alveiro Pérez-Doria, Karol Rueda, Lilibeth Canchila,
María Contreras, Jorge Rodríguez, Eduar Elías Bejarano

Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. Los estudios serológicos aportan evidencias en la incriminación de reservorios de *Leishmania* spp. y tienen un alto valor epidemiológico para el control de la leishmaniasis. La técnica de inmunofluorescencia indirecta (IFI) es ampliamente empleada en el diagnóstico y la vigilancia epidemiológica.

Objetivo. Estimar la prevalencia de anticuerpos contra *Leishmania* spp. en la población canina urbana del municipio de Ovejas, Colombia.

Materiales y métodos. Después de obtener el consentimiento informado, se tomó una muestra de sangre periférica a 152 perros de 24 barrios. El suero sanguíneo fue usado para hacer la búsqueda de IgG anti-*Leishmania* mediante IFI, en la que se

utilizaron promastigotes de *Leishmania braziliensis* como antígeno.

Resultados. Se obtuvo una seroprevalencia de leishmaniasis canina del 32 % (n=50/150) a una dilución de 1/32, mientras que a diluciones de 1/64 y 1/128, la prevalencia fue de 18 % (n=28/150) y 9 % (n=14/150), respectivamente. La prevalencia obtenida se encuentra dentro del margen del 20 % planteado para la incriminación, por la Organización Mundial de la Salud.

Conclusiones. La prevalencia de leishmaniasis canina en la zona, es el primer indicio del papel que pueden desempeñar los perros como potenciales reservorios de los parásitos causantes de las formas clínicas prevalentes en este núcleo urbano.



130. Estudio ecoepidemiológico de *Didelphis marsupialis* y *Canis familiaris* como posibles reservorios de *Leishmania panamensis* en un ciclo selvático y periurbano de Colombia

Lina Carrillo-Bonilla^{1,2,3}, Iván Vélez¹, Andrés Vélez-Mira¹, Mariana Boite³, Elisa Cupolillo³

¹ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³ Laboratório de Pesquisa em Leishmaniose, Instituto Oswaldo Cruz, Fiocruz, Rio de Janeiro, RJ, Brasil

Introducción. Para poder controlar la leishmaniasis cutánea americana es necesario conocer y entender todos los componentes del ciclo de transmisión. En el estudio de reservorios se han muestreado 234 especies silvestres, de las cuales

104 han sido positivas. Sin embargo, la mayoría de los estudios se limitan a determinar la infección. *Leishmania panamensis* se ha detectado en *Didelphis marsupialis* y *Canis familiaris*, ambas especies con gran capacidad de adaptación, que

cohabitan en áreas endémicas de leishmaniasis cutánea americana, lo que las convierte en potenciales reservorios de *L. panamensis*.

Objetivo. Determinar el rol de *D. marsupialis* y *C. familiaris* como posibles reservorios en dos ciclos de transmisión, selvático y urbano, de leishmaniasis cutánea americana.

Materiales y métodos. Hubo dos áreas de estudio: i) selvática, en Acandí (Chocó); y ii) periurbana, en Puerto Valdivia (Antioquia). Se tomaron muestras de sangre y tejido para pruebas de cultivo, reacción en cadena de la polimerasa (PCR), inmunofluorescencia indirecta (IFI) y electroforesis de isoenzimas, con el fin de determinar la frecuencia de la infección y caracterizar las especies circulantes de *Leishmania*. Se empleó PCR cuantitativa para determinar la carga parasitaria y, en algunos casos, se hizo el xenodiagnóstico.

Resultados. Se muestrearon 189 perros y 133 zarigüeyas. En el área urbana, 70 % de los perros y 53 % de las zarigüeyas fueron positivos por PCR, mientras que, en el área selvática, lo fueron 6 % y 9 %, respectivamente. Tres aislamientos de sangre de zarigüeya en el área silvestre se confirmaron como *L. panamensis* mediante isoenzimas, así como las secuencias de la mayoría de los animales positivos por PCR. Las cargas parasitarias están relacionadas con un xenodiagnóstico positivo. La prueba se practicó en ocho perros y cinco zarigüeyas, y todos fueron negativos por microscopía, pero cinco perros fueron positivos por PCR del tubo digestivo de *Lutzomyia*.

Conclusión. La diferencia de los resultados entre las diferentes áreas, demuestra la importancia de estos animales en los ambientes periurbanos.



131. Indicios serológicos del papel que desempeñan los roedores como potenciales reservorios de *Leishmania* spp. en el área urbana del municipio de Ovejas, Colombia

Lilibeth Canchila, María Conteras, Karol Rueda, Eduardo Meza, Matilde Rivero,
Alveiro Pérez-Doria, Jorge Rodríguez, Eduar Bejarano

Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. La leishmaniasis agrupa varias infecciones causadas por protozoos del género *Leishmania*. La importancia de los roedores como reservorios de *Leishmania* spp. ha sido documentada en varios países. Sin embargo, se desconocía si estos participan en el ciclo de infección de esta enfermedad en áreas urbanas de la Región Caribe.

Objetivo. Determinar la prevalencia de anticuerpos contra *Leishmania* spp. en roedores del área urbana del municipio de Ovejas, Sucre.

Materiales y métodos. Se eligieron 36 barrios del municipio de Ovejas, incluidos los que presentaron mayor incidencia de leishmaniasis humana en los años previos al estudio; en cada uno se hizo un corte transversal lineal para seleccionar las viviendas de trabajo. El muestreo se realizó entre marzo y julio de 2014, y se obtuvieron muestras de suero para llevar a cabo la prueba de inmunofluorescencia indirecta (IFI).

Resultados. Se capturaron 401 especímenes pertenecientes a dos especies: *Mus musculus* fue la especie dominante (94,2 %; n=378), seguida por *Rattus rattus* (5,7 %; n=23). Se encontró una prevalencia de anticuerpos contra *Leishmania* spp. de 16,46 %. La seroprevalencia en los roedores, en relación con la edad y el estado reproductivo, fue de 24,70 % en los animales adultos ($\chi^2=13,85$; $p<0,001$) y de 19,16 % en los activos reproductivamente ($\chi^2=1,61$; $p<0,001$). Los resultados seropositivos fueron independiente del sexo ($\chi^2=1,61$; $p>0,5$). La seroprevalencia frente a *Leishmania* spp. en roedores de la especie *M. musculus*, estuvo asociada con viviendas que presentaban grietas y cuevas ($\chi^2=4,035$, $p<0,0440$).

Conclusiones. La alta prevalencia de anticuerpos detectada en roedores sinantrópicos *M. musculus* y *R. rattus*, así como su gran abundancia, constituyen la primera línea de evidencia del papel que estas especies podrían estar desempeñando como potenciales reservorios de *Leishmania* spp.



132. Estudio de un foco de leishmaniasis cutánea en el municipio de Otanche, 2014

Silvia Valdivieso-Bohórquez¹, Julián Ávila¹, Lina Abril², Manuel Medina³

¹ Grupo de Investigación del Laboratorio de Salud Pública, Secretaría de Salud de Boyacá, Tunja, Colombia

² Vigilancia en Salud Pública, Secretaría de Salud de Boyacá, Tunja, Colombia

³ Grupo de Enfermedades Transmitidas por Vectores, Secretaría de Salud de Boyacá, Tunja, Colombia

Introducción. Las leishmaniasis son enfermedades infecciosas que afectan la piel, las mucosas y las vísceras, resultantes del parasitismo de los macrófagos por un protozoario flagelado del género *Leishmania*, introducido al organismo por la picadura de un insecto flebotomino hembra, principalmente del género *Lutzomyia*.

Objetivo. Desarrollar el estudio de foco detectando y diagnosticando los casos asociados a la presencia de leishmaniasis cutánea en las veredas Camilo, El Carmen y Curubita del municipio de Otanche.

Materiales y métodos. A partir de la información tomada del Sivigila, se decidió el área de estudio caracterizando la población por medio de encuestas. Se llevó a cabo el levantamiento entomológico por medio de trampas para la captura de vectores. A los pacientes identificados con lesiones, se les hizo valoración médica, y se les tomó muestra para frotis directo y cultivo. A los convivientes en quienes no se detectaron lesiones ni cicatrices sugestivas de leishmaniasis cutánea,

se les practicó la prueba de Montenegro.

Resultados. La población estaba conformada por 170 personas, 56,5 % de sexo masculino y 43,5 % de sexo femenino, de las veredas Camilo, El Carmen y Curubita del municipio de Otanche. Se capturaron 264 ejemplares pertenecientes a siete géneros: *Nyssomyia*, *Lutzomyia*, *Evandromyia*, *Trichopygomyia*, *Brumptomyia*, *Pressatia*, *Psychodopygus*, y quince especies. En siete pacientes se detectaron lesiones, tres fueron positivos al frotis directo y uno positivo por biopsia; los tres restantes fueron negativos. De los seis pacientes a los que se les practicó la prueba de Montenegro, cinco fueron positivos y uno negativo.

Conclusiones. Los resultados de este estudio de foco permitieron establecer que casi la mitad de las especies están implicadas en la transmisión de la leishmaniasis cutánea y son intradomiciliarias y peridomiciliarias. Se pudo observar que la población tiene contacto con el parásito desde temprana edad, sin diferencias según la actividad laboral y el sexo.



133. Caracterización ecoepidemiológica de la transmisión peridoméstica de *Trypanosoma cruzi* en los municipios de Mompós y Talaigua Nuevo, departamento de Bolívar, Caribe colombiano

Omar Cantillo-Baraza¹, Luis Cortés², Edilson Garcés¹, Ana María Jansen³, Omar Triana¹

¹ Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Unidad de Entomología Médica, Secretaría de Salud de Bolívar, Cartagena, Colombia

³ Laboratorio de Biología de Tripanosomatídeos, Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brasil

Introducción. La transmisión de la enfermedad de Chagas en los municipios de Mompós y Talaigua Nuevo, se ha asociado con la intrusión de vectores peridomésticos.

Objetivo. Caracterizar los aspectos ecoepidemiológicos de la transmisión peridoméstica de *Trypanosoma cruzi*, con el propósito de entender la dinámica de transmisión en esta zona.

Materiales y métodos. Se desarrolló la siguiente metodología: (i) recolección de triatominos; (ii)

diagnóstico molecular de la infección de triatominos recolectados y determinación de su fuente alimenticia por medio del análisis HRM del gen *Cytb*; (iii) encuesta de seroprevalencia en perros y determinación de su capacidad de transmisión; (iv) infección de huéspedes sinantrópicos, y (v) evaluación de la transmisión en menores de 15 años.

Resultados. Se capturaron 124 triatominos, 95 % correspondió a *Triatoma maculata*, con tasas de

infección de 71,6 %. El análisis de fuentes alimenticias mostró que esta especie se alimenta con mayor frecuencia de gallinas, seguida por perros y humanos. De 244 perros evaluados, el 71,3 % fueron seropositivos para *T. cruzi*, pero sin capacidad de transmisión, con xenodiagnósticos y hemocultivos negativos. Sin embargo, la evaluación molecular de las heces de los vectores empleados para el xenodiagnóstico, revelaron *T. cruzi* en 45 % de estas muestras. Se capturaron 13 *Didelphis marsupialis* y 10 *Rattus rattus*. De estos, 8 *D. marsupialis* estuvieron infectados. Finalmente,

803 menores de 15 años fueron evaluados y dos resultaron seropositivos para *T. cruzi*.

Conclusiones. Los peridomicilios de la zona de estudio poseen una gran dinámica de transmisión con perros con *T. maculata* como su principal vector. Los perros deben considerarse reservorios debido a que poseen transmisión subpatente y frecuente contacto con *T. maculata*. *Didelphis marsupialis* se considera un reservorio principal y el comportamiento intrusivo de *T. maculata* puede estar relacionado con la infección en menores de 15 años.

..... ❧❧❧

134. Prevalencia de enfermedad de Chagas en mujeres gestantes de zonas endémicas del departamento de Boyacá, en los años 2012 y 2013

Claudia García-Artunduaga, Silvia Valdivieso-Bohórquez, Sandra Suescún-Carrero

Grupo de Investigación, Laboratorio Departamental de Salud Pública, Secretaría de Salud de Boyacá, Tunja, Colombia

Introducción. La enfermedad de Chagas es una infección causada por el parásito protozoario *Trypanosoma cruzi*, un microorganismo endémico en América Latina y transmitido por vectores de diversas especies de la subfamilia Triatominae. La infección congénita es actualmente una de las más importantes formas de transmisión de la enfermedad de Chagas. Las infecciones por *T. cruzi* se asocian con frecuencia a aborto involuntario, parto prematuro, bajo peso al nacer e infección neonatal.

Objetivo. Determinar la prevalencia de la enfermedad de Chagas en mujeres gestantes de zonas endémicas del departamento de Boyacá, en los años 2012 y 2013.

Materiales y métodos. Se hizo un estudio descriptivo de corte transversal, en 561 mujeres gestantes durante los años 2012 y 2013, en los municipios de Soatá, Covarachía, Tipacoque, Chitaraque, San José de Pare, Moniquirá, Togüí, Boavita, La Uvita y Santana. Las muestras y los datos de las gestantes fueron enviados, por cada uno de los municipios, al Laboratorio

Departamental de Salud Pública de Boyacá, en donde se hizo una tamización inicial con la técnica de ultramicroelisa indirecta para la detección de anticuerpos IgG anti-*T. cruzi*. Los resultados positivos se confirmaron con la prueba de inmunofluorescencia indirecta y, cuando se presentó disparidad de los resultados de las dos técnicas mencionadas anteriormente, se practicó hemoaglutinación indirecta.

Resultados. Se encontró una prevalencia global de infección por *T. cruzi* de 2,3 %. Los municipios en donde se confirmaron los casos presentaron las siguientes prevalencias: Soatá, 4,1 %; Chitaraque, 5,5 %; Santana, 2,1 %; Moniquirá, 1,8 %, y Togüí, 2,0 %. La edad promedio de las mujeres gestantes tamizadas fue de 31 años.

Conclusiones. Los resultados de este estudio permiten iniciar el algoritmo de diagnóstico de enfermedad de Chagas congénita en los recién nacidos, hijos de madres con diagnóstico confirmado, y proporcionar un tratamiento temprano para evitar las complicaciones crónicas de esta enfermedad.

..... ❧❧❧

135. Detección del genotipo TcI-silvestre de *Trypanosoma cruzi* y su asociación con la gravedad de la cardiomiopatía chagásica, en una cohorte colombiana

Zulma Cucunubá, Mario Olivera, Carolina Hernández, Carolina Flórez, Rafael Herazo, Diana Ágreda, Carlos Valencia, Santiago Nicholls

Grupo de Parasitología y Red Chagas Colombia, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Objetivo. Determinar la asociación entre la detección de ADN y el genotipo de *Trypanosoma cruzi*, y la gravedad de la cardiomiopatía chagásica.

Materiales y métodos. Se evaluó la línea de base de una cohorte retrospectiva de adultos con enfermedad de Chagas en fase crónica (dos pruebas serológicas positivas), valorados en el Instituto Nacional de Salud entre 2005 y 2013. A todos los participantes se les practicaron exámenes clínico, ecocardiográfico, electrocardiográfico y radiológico, reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en tiempo real y genotipificación de *Trypanosoma cruzi*. Se hizo un análisis multivariado con un modelo de regresión logística. Los resultados se presentaron en razón de momios (*odds ratio*, OR).

Resultados. Se incluyeron 469 pacientes, de los cuales 306 (65.3 %) eran mujeres, con un rango de edad de 18 a 88 años (media $51,4 \pm 13,8$). La gravedad de la cardiopatía se clasificó de acuerdo

con la *American Heart Association*, en: clase A, 151 (32,2 %); clase B, 273 (58,2 %), y clase C, 45 (9,6 %). No se obtuvieron pacientes en la clase D. Con respecto al análisis de PCR en tiempo real, se encontraron resultados positivos en 97 (64.2 %) pacientes de la clase AHA-A, 169 (61,9 %) de la clase AHA-B y 32 (71,1 %) de la clase AHA-C. Los factores asociados a la gravedad de la cardiopatía en el análisis multivariado, fueron: presencia del genotipo TcI-silvestre (OR=5,18; IC_{95%} 1,62-16,52; p=0,005); edad de 40 a 60 años (OR=7,68; IC_{95%} 1,57-37,51; p=0,01); edad de 60 a 88 años (OR=10,91; IC_{95%} 1,84-64,63; p=0,008), y sexo masculino (OR=2,33; IC_{95%} 0,92-5,94; p=0,07).

Conclusiones. Se observó que el genotipo TcI-silvestre y la edad son factores independientes asociados a la gravedad de la cardiomiopatía chagásica. Tener un resultado de PCR positivo, no se asoció con cardiomiopatía ni gravedad de la enfermedad.

..... ☙☙☙

136. Molecular and phylogeographic characterization of the infection by *Trypanosoma* spp. in cattle of Colombia

Jeiczon Jaimes-Dueñez, Omar Triana, Ana Mejía-Jaramillo

Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introduction. Animal trypanosomosis is a parasitemic disease in Africa and America that causes serious economic losses in livestock. Several factors like eco-biogeographic distribution, diversity, vector population density and host, modulate the interaction with species of trypanosomes. In Colombia, the molecular diagnostics, and epidemiological factors related with animal trypanosomosis is little known.

Materials and methods. To understand the epidemiology of the animal trypanosomosis, we developed an epidemiologic study in two important livestock provinces (Arauca and Antioquia) from Colombia. A total of 464 cattle blood samples and 32 tabanid insects were analyzed by PCR using different molecular markers, to determine the prevalence of infection with trypanosomes.

Results. The molecular analysis in cattle showed a prevalence of 42.6 % and 19 % for *Trypanosoma theileri* in Arauca and Antioquia, respectively, and a prevalence of 11.4 % and 0 % for *T. evansi* in each province respectively. In tabanids, a prevalence 62.5 % and 57 % were

observed for *T. theileri* in Arauca and Antioquia, respectively, and a prevalence of 26 % and 14 % for *T. evansi* in each state, respectively. No infection with *T. vivax* was identified. The statistical analyses showed a significant correlation ($p < 0.05$) between the prevalence of infection and age ($r = 0.63$), and between the prevalence and hematocrit of the animals ($r = -0.77$). Other epidemiological factors like presence of wild animals (*Hydrochoerus hydrochaeris*) showed odds ratio $> 60\%$ with the infection with *T. evansi*.

Conclusion. Our results indicate a high prevalence of *T. theileri* in cattle and tabanids of both states, suggesting a high transmission by mechanical vectors of the Tabanidae family. The infection with *T. evansi*, though it was observed in tabanids of both states, the infection in cattle was only observed in Arauca where was associated with the (*H. hydrochaeris*) considered the main reservoir in America. These results showed significant differences of the infection between regions and suggest different strategies of control of animal trypanosomosis in Colombia.

137. Características de la vivienda y su entorno que favorecen la abundancia de flebotominos en cuatro zonas urbanas del Caribe colombiano

Jorge Rodríguez¹, Alveiro Pérez-Doria¹, Luis Romero¹, José Vergara¹, Ana Montesino¹, Lily Martínez¹, Luis Cortés², Suljei Cochero^{1,3}, Eduar Bejarano¹

¹ Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

² Secretaría de Salud Departamental de Bolívar, Cartagena, Colombia

³ Secretaría de Salud Departamental de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. Actualmente, la transmisión de las leishmaniasis se presenta en áreas urbanas como consecuencia, principalmente, de cambios antrópicos que favorecen la domiciliación de vectores.

Objetivo. Estudiar las características de la vivienda relacionadas con la abundancia de *Lutzomyia* spp. en cuatro zonas urbanas del Caribe colombiano, con registros de casos de leishmaniasis cutánea y visceral.

Materiales y métodos. Mediante una encuesta se caracterizaron 80 viviendas de Sincelejo, Ovejas, El Carmen de Bolívar y Cartagena. En cada una se instalaron dos trampas de luz de tipo CDC, en el intradomicilio y el peridomicilio, entre las 18:00 y las 06:00 horas, durante dos noches consecutivas. Mediante un análisis de correspondencia múltiple, se seleccionaron variables con asociación significativa con la gran abundancia de flebotominos. Estas se analizaron, individualmente, mediante pruebas t de Student y

ANOVA. Posteriormente, se hizo una prueba de diferencias mínimas significativas de Fisher. Las pruebas se hicieron al 95 % de confianza.

Resultados. Se capturaron 9.042 insectos de 11 especies del género *Lutzomyia*, entre las cuales *Lu. evansi* representó el 90,28 % de las capturas y fue la más abundante en las cuatro áreas. El análisis estadístico permitió determinar que la abundancia de flebotominos estuvo asociada con la cercanía de las viviendas con parches de vegetación, la presencia de árboles, gramíneas y hojarasca en los patios, los pisos artesanales, la acumulación de residuos sólidos en campo abierto y la disposición de excrementos en fosas sépticas o al aire libre.

Conclusiones. Las características que se asocian con la gran abundancia de flebotominos sugieren una escasa infraestructura urbana y precarias condiciones de vida que, de ser mejoradas, podrían disminuir la densidad de insectos en las viviendas y, por tanto, el riesgo de transmisión urbana de leishmaniasis en las cuatro áreas de estudio.

..... ☞☞☞

138. Tiempo efectivo de detección del gen citocromo B de vertebrados, en hembras *Lutzomyia evansi* alimentadas experimentalmente

José Vergara, Ana Montesino, Daniel Verbel-Vergara, Luis Romero, Alveiro Pérez-Doria, Eduar Bejarano

Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. Las fuentes de ingestión sanguínea en flebotominos se han identificado mediante observación directa, ensayos serológicos y técnicas de biología molecular. Aunque la utilidad de estas últimas se ha comprobado en diferentes insectos vectores, se ha planteado que su éxito, cuando se usan genes nucleares, depende del grado de digestión de la sangre. .

Objetivo. Conocer el tiempo efectivo de detección del gen citocromo B del vertebrado en *Lutzomyia evansi*, pues los anteriores aspectos se desconocen para genes mitocondriales.

Materiales y métodos. Se recolectaron 100 hembras de flebotominos con una trampa de luz de tipo Shannon. Se mantuvieron en jaulas de cría y se alimentaron con sangre humana. Durante ocho días consecutivos, se sacrificó un máximo de diez hembras y a cada una se le extrajo el ADN para usarlo en la amplificación de un fragmento de 358 pb del gen mitocondrial citocromo B de vertebrados. Los amplicones se sometieron a digestión con enzimas de restricción.

Resultados. Se alimentaron 80 hembras y se obtuvieron 57 individuos en diferentes tiempos de

evaluación. En el 93 % (n=53/57) de las muestras procesadas, se amplificó la banda esperada, incluidas las hembras sacrificadas desde las cero horas hasta los siete días después de la ingestión. El 10 % de las muestras amplificadas correspondieron a ADN del insecto. A pesar de esto, la ventana de detección fue mayor a la que

ofrecen los genes nucleares, que solo alcanza el segundo día después de la ingestión.

Conclusiones. La técnica de amplificación y restricción enzimática del gen citocromo B permite identificar en *L. evansi*, las fuentes de ingestión sanguínea hasta 168 horas después de la ingestión.



139. Identificación de fuentes de ingestión en especies del género *Lutzomyia* (Diptera: Psychodidae) asociadas a cuatro microfocos urbanos de leishmaniasis en el Caribe colombiano

Alveiro Pérez-Doria¹, Luis Romero¹, José Vergara¹, Ana Montesino¹, Luis Cortés², Suljei Cocheró³, Charles H. Porter⁴, Paula Marcet⁴, Eduar Bejarano¹

¹Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

²Secretaría de Salud Departamental de Bolívar, Cartagena, Colombia

²Division of Parasitic Diseases and Malaria, Center for Global Health, Centers for Disease Control and Prevention (CDC), Atlanta, GA, USA

³Secretaría de Salud Departamental de Sucre, Sucre, Colombia

⁴Division of Parasitic Diseases and Malaria, Entomology Branch, Centers for Disease Control and Prevention (CDC), Atlanta, GA, USA

Introducción. El conocimiento de las fuentes de ingestión sanguínea permite orientar los estudios de incriminación de reservorios. En el Caribe colombiano recientemente se describieron brotes urbanos de leishmaniasis en el municipio de Sincelejo y Ovejas en el departamento de Sucre, y en El Carmen de Bolívar y Cartagena, en Bolívar. En estas circunstancias de transmisión poco se sabe sobre los vectores y los reservorios.

Objetivo. Conocer las especies que sirven como fuente de ingestión a los flebotominos asociados a los focos de transmisión.

Metodología. En cada uno de los cuatro municipios se eligieron dos viviendas con registros de casos de leishmaniasis; se instalaron trampas de luz de tipo CDC y de tipo Shannon en el intradomicilio y el peridomicilio, y se hizo la búsqueda activa. El muestreo se realizó entre diciembre de 2012 y octubre de 2013. Los insectos con restos de ingestión sanguínea fueron individualizados, cortados y determinados taxonómicamente. Se extrajo ADN genómico del tórax y parte del abdomen, y se

amplificó y secuenció un fragmento de 350 pb del gen mitocondrial citocromo B.

Resultados. Se capturaron 8.807 hembras del género *Lutzomyia*, entre estas, *Lu. evansi* fue la especie dominante en todas las localidades; a partir de 860 hembras alimentadas pertenecientes a siete especies de flebotominos, se recuperaron 177 secuencias correspondientes a trece especies de vertebrados, entre los cuales se encontró una alta proporción de *Homo sapiens*, *Bos taurus*, *Equus asinus*, *Equus caballus*, seguida de *Sus scrofa*, *Mesocricetus* spp., *Tamandua* spp., *Alouatta* spp., *Dasyprocta* spp., dos especies de aves de corral y dos de reptiles pequeños.

Conclusiones. Las poblaciones de flebotominos asociadas a los focos urbanos de transmisión, son muy antropofílicas. Se alimentan con alta frecuencia de animales bovinos y equinos, y de animales domésticos y silvestres, y aunque se desconoce su papel como reservorios, su presencia garantiza el recurso necesario para el mantenimiento de las poblaciones del vector.



140. Competencia vectorial para DENV-2 de los dos linajes de *Aedes aegypti* procedentes del municipio de Bello (Antioquia, Colombia)

Laura Pérez, Omar Triana, Sair Arboleda

Biología y Control de Enfermedades Infecciosas, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. El dengue es una enfermedad viral de carácter endémico-epidémico, transmitida principalmente por *Aedes aegypti*, que hoy es la arbovirosis más importante a nivel mundial, en términos de morbilidad, mortalidad y afectación económica. La capacidad del mosquito para infectarse y transmitir el virus del dengue (DENV) está condicionada por su biología, la biología del virus y el medio ambiente en el que coexisten. En estudios previos en el municipio de Bello (Antioquia), analizando la genética de poblaciones del mosquito, se demostró una circulación de los dos linajes reportados para la especie en proporciones similares. Es posible, entonces, observar un comportamiento biológico diferente en su competencia para transmitir el DENV, lo cual tendría implicaciones epidemiológicas importantes.

Objetivo. Evaluar la competencia vectorial de los dos linajes de *Ae. aegypti*, infectados experimentalmente con DENV-2.

Materiales y métodos. Se recolectaron larvas de *Ae. aegypti* de diferentes criaderos en Bello y se

determinaron sus linajes con los marcadores *COI* y *ND4*. Posteriormente, se infectaron 100 hembras de cada linaje con DENV-2 mediante alimentador artificial. La detección y cuantificación de partículas virales se hicieron mediante ensayo de placa, empleando mosquitos en diferentes tiempos después de la infección y dividiendo el mosquito en cuerpo (para verificar infección) y cabeza (para verificar diseminación).

Resultados. Se encontraron diferencias en la replicación del virus en ambos linajes infectados con DENV-2. El análisis en diferentes días después de la infección, mostró un comportamiento de diseminación propio para cada linaje, lo que sugiere diferencias en la competencia vectorial.

Conclusión. Se categorizaron los linajes de *Ae. aegypti* para la propagación y diseminación del DENV-2, lo cual podría tener implicaciones importantes en la epidemiología del dengue en Bello. Las diferencias biológicas observadas se podrían utilizar como herramientas para el enfoque de las estrategias de control vectorial.



141. Situación actual del dengue en el departamento de Nariño, análisis de las semanas epidemiológicas 1 a 27 de 2015

Franco Montenegro-Coral

Grupo Interdisciplinario de Investigación en Salud-Enfermedad, GIISE, Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, Pasto, Colombia

Introducción. Las enfermedades febriles virales transmitidas por vectores continúan siendo un reto global para la salud pública. El dengue es la enfermedad arboviral más importante del planeta, con más de 390 millones de personas infectadas y unas 20.000 muertes anualmente.

Objetivo. Hacer un diagnóstico de salud sobre el dengue en el departamento de Nariño en el contexto colombiano, para las semanas epidemiológicas 1 a 27 de 2015.

Materiales y métodos. Se hizo un diseño descriptivo de corte transversal a la semana epidemiológica 27 de 2015. Se calculó la tasa de ataque

y el canal endémico, con base en percentiles de los casos confirmados para el departamento de Nariño, durante los últimos cinco años de mayor incidencia de casos. Se efectuó un análisis univariado con medidas de tendencia central, proporciones y promedios, a partir del registro de casos probables reportados para las 27 primeras semanas epidemiológicas de 2015. La información se analizó y procesó con el programa SPSS®, versión 22.

Resultados. El dengue en el departamento de Nariño está catalogado como hipoendémico en 12 municipios, con una población en riesgo para el

año 2014 de 290.938 habitantes. La enfermedad se considera mesoendémica en ocho municipios y se cataloga como hiperendémica en tres municipios del departamento de Nariño. Se encontró una tasa de ataque de 41 por 100.000 habitantes para el departamento de Nariño.

Conclusiones. Aunque el departamento de Nariño no ha tenido que afrontar una alta mortalidad por

dengue, se sigue presentando una apreciable cantidad de casos, fundamentalmente en la costa pacífica nariñense, con un evidente subregistro de síndromes febriles. No hay evidencia de un comportamiento epidémico. Aun así, se requiere fortalecer los mecanismos que favorecen el control del vector y la atención médica adecuada, para prevenir el aumento de nuevos casos y brindar la atención adecuada a quienes padecen dengue.

..... ☸☸☸

142. Caracterización de factores de riesgo epidemiológicos, entomológicos y sociales asociados a dos sitios de transmisión de dengue

C. Ocampo, M. I. Echavarría, A. L. Estrada, J. Mina, N. Alexander

Secretaría de Salud Municipal, Buga, Colombia; Secretaría de Salud Municipal, Girón, Colombia; Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM), Cali, Colombia

Introducción. Actualmente, la captación de datos y el diseño de estrategias para el control de dengue no contemplan el análisis articulado de factores entomológicos, epidemiológicos y sociales. En el nivel local, su transmisión representa un reto, pues no existen diagnósticos focalizados y estratificados que orienten acciones específicas de mayor impacto.

Objetivo. Caracterizar los factores epidemiológicos, entomológicos y sociales de la transmisión del dengue, a nivel de barrio en dos zonas urbanas.

Materiales y métodos. Se seleccionaron los municipios de Buga y Girón, definiendo barrio como la unidad de análisis. Para los tres componentes, entomológico, epidemiológico y social, se procedió a: 1) la caracterización del sistema y los actores, 2) la recolección y el manejo de los datos, y 3) la georreferenciación de los datos. La captura de los datos entomológicos y sociales, se hizo mediante aplicativos móviles. Los datos epidemiológicos se extrajeron de Sivigila.

Resultados. Durante el 2014, en Buga se registraron 414 casos de dengue y dengue grave

georreferenciados, 146 (35,3 %) de los cuales se presentaron en cinco barrios del municipio: Santa Bárbara, Fuenmayor, Montellano, Sucre y Valle Real. A la fecha, con la encuesta social se han caracterizado dos de estos barrios, demostrando que los porcentajes de hogares que almacenan agua varían entre 12,5 % y 60,8 %. En la caracterización entomológica, cuatro de estos barrios han sido muestreados, evidenciando variaciones en los índices de Breteau entre 0,0 y 5,41, y diferencias en el tipo y la frecuencia de los potenciales criaderos. Un comportamiento similar de los datos se observa en Girón, en donde cinco barrios concentraron el 25 % de los casos. La caracterización entomológica de tres de estos barrios, muestra variaciones del índice de Breteau entre 4 y 10. Estos resultados sugieren variaciones en los factores asociados a la transmisión de dengue por barrios.

Conclusión. El análisis de los datos señala diferencias entre barrios y municipios, lo que sustenta la importancia de establecer estrategias diferenciadas.

..... ☸☸☸

143. Diagnóstico de la infestación por *Rhodnius prolixus* domiciliario después de la intervención química y priorización para la aplicación de acciones de vigilancia y control

M. Reyes, M. Flórez, V. M. Angulo

Grupo CINTROP, Departamento de Ciencias Básicas, Escuela de Medicina, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia; Unión Temporal, Red Chagas Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Después de dos décadas de intervención química en zonas infestadas por

triatominos domiciliarios en los municipios determinados de alto y mediano riesgo, no se ha

hecho una evaluación de su efecto para eliminar *Rhodnius prolixus*.

Objetivo. Identificar las zonas potencialmente infectadas aún y plantear la priorización para su intervención.

Materiales y métodos. Se hicieron la recopilación, la depuración y la consolidación en bases de datos, de los registros de especies de triatominos recolectados en los programas de vigilancia y de las intervenciones de control departamentales. Se analizó la infestación notificada por períodos de tiempo después de la intervención; se identificaron los municipios o localidades potencialmente infestados.

Resultados. *Rhodnius prolixus* se ha encontrado en 756, 809 y 302 localidades de 11 departamentos, en los periodos de observación de 1996 a 2000, de

2001 a 2010 y de 2011 a 2014, respectivamente. Se observó una notable reducción en el número de municipios considerados de alto riesgo, de localidades infestadas y de viviendas por localidad en este último periodo. Se identificaron municipios intervenidos y libres de infestación por *R. prolixus*, y municipios intervenidos y con reporte de la presencia de *R. prolixus* después de la intervención, lo que permitió su priorización para fortalecer la vigilancia y la certificación.

Conclusiones. La infestación y la dispersión de *R. prolixus* domiciliario se ha reducido notablemente en Colombia, debido a las intervenciones del programa nacional de ETV, en la mayoría de localidades infestadas. La identificación de municipios no intervenidos y aquellos con la presencia de *R. prolixus* en los últimos años de vigilancia, permitió orientar la priorización para su intervención inmediata.

..... ☸ ☸ ☸

144. Logros del programa de control químico de la infestación domiciliaria por triatominos en Colombia

V. M. Angulo, M. Flórez, M. Reyes

Grupo CINTROP, Departamento de Ciencias Básica, Escuela de Medicina, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia; Unión Temporal, Red Chagas Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La amplia dispersión y la gran infestación por triatominos domiciliarios reveladas por los estudios nacionales y el esfuerzo para el cumplimiento de la iniciativa andina para su control, han permitido la implementación de acciones de control por más de un quinquenio, sin que se hayan cuantificado sus logros.

Objetivo. Documentar los resultados del proceso.

Materiales y métodos. Se recopilaron, depuraron y consolidaron en bases de datos, los registros departamentales de las intervenciones de control y se organizaron según los períodos de desarrollo del programa, así: 1996 a 2000, 2001 a 2010 y 2011 a 2014. Se analizaron su localización y su cobertura.

Resultados. Se han intervenido 1.935 localidades en 131 municipios en los departamentos endémicos. Inicialmente por iniciativas regionales,

más de 30.000 viviendas fueron fumigadas en cinco departamentos en el primer período; después, con la formulación del programa nacional estructurado entre 2001 y 2010, se produjeron más de 95.000 fumigaciones en diez departamentos y, después de 2010, más de 25.000 fumigaciones, como respuesta a los resultados de la vigilancia entomológica después de la intervención.

Conclusiones. El control químico de triatominos domiciliarios con insecticidas, se ha desarrollado de forma constante y con amplia cobertura en los departamentos endémicos, a pesar del tiempo tan prolongado de la ejecución de las intervenciones, como consecuencia de las dificultades de las políticas de salud en Colombia. Este cubrimiento puede favorecer la eliminación de este vector en amplias zonas y el impulso a la iniciativa de certificación adelantada por la Organización Panamericana de la Salud.

..... ☸ ☸ ☸

145. Prevalencia de anticuerpos anti-*Trypanosoma cruzi* en donantes de sangre de la ciudad de Valledupar

Linda Rocha¹, Indira Hernández², Daira Martínez³, Yeny Castellanos-Domínguez²

¹ Universidad de Santander, Valledupar, Colombia

² Universidad de Santander, Bucaramanga, Colombia

³ Hemocentro y Unidad de Aféresis, Valledupar, Colombia

Introducción. La transmisión de *Trypanosoma cruzi* por transfusiones sanguíneas representa la segunda línea de infección después de la transmisión vectorial. En estudios preliminares se han podido identificar que variables como la edad y el vivir en área rural, son claros factores de riesgo para ser portadores de *T. cruzi*. No obstante, teniendo en cuenta que son características muy generales, es necesario identificar algunas particularidades que permitan predecir la condición de portador de *T. cruzi*.

Objetivo. Determinar la prevalencia de anticuerpos anti-*T. cruzi* y los posibles factores de riesgo de transmisión en donantes de sangre voluntarios del Hemocentro y la Unidad de Aféresis de Valledupar.

Materiales y métodos. Es un estudio descriptivo de corte transversal, en 170 donantes de sangre voluntarios reclutados entre septiembre de 2013 y septiembre de 2014. Mediante pruebas serológicas,

se detectaron los anticuerpos IgG anti-*T. cruzi*. Con un cuestionario y un posterior análisis bivariado, se identificaron las variables asociadas con la presencia de infección por *T. cruzi*.

Resultados. Se encontró una prevalencia general de infección por *T. cruzi* de 0,14 % (IC_{95%} 0,09-0,21). Los hallazgos permiten establecer que el haber habitado una casa de tapia pisada o bahareque durante la infancia (*odds ratio*, OR=4,99; IC_{95%} 1,18-21,23), la presencia de vector en la casa (OR=6,42; IC_{95%} 1,11-36,96) y haber sido picado por el vector alguna vez en la vida (OR=11,55; IC_{95%} 2,33-57,09), son variables que se asocian con la infección por el parásito.

Conclusiones. Aunque la prevalencia de anticuerpos anti-*T. cruzi* es baja en los donantes de sangre en Valledupar, es importante incorporar preguntas en el formulario previo a la donación, para afinar la tamización de las unidades sanguíneas con posibles portadores de la enfermedad de Chagas.



146. Caracterización del Programa Nacional de Malaria, 2014

Liliana Cortés, Nohora González, Lyda Muñoz

Grupo de Parasitología, Subdirección Laboratorio Nacional de Referencia,
Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La malaria es una enfermedad transmitida por vectores, endémica en el 85 % del territorio colombiano; de allí, la importancia de contar con un diagnóstico oportuno y adecuado que cuente con un programa de calidad para lograr la idoneidad del mismo.

Objetivo. Caracterizar la situación del programa de malaria durante el 2014, a partir de la información obtenida del condensado anual enviado por los laboratorios departamentales de salud pública del país.

Materiales y métodos. Con el fin de conocer la cobertura de la red y la realización de las actividades

de diagnóstico, capacitación y evaluación externa directa e indirecta del desempeño (PEED y EEID), y las visitas de asistencia técnica de malaria, se hizo un análisis de la información enviada, calculando la media aritmética y las frecuencias acumuladas.

Resultados. Se contó con la información de 21 de los laboratorios departamentales de salud pública. La red de diagnóstico de malaria está distribuida en 457 municipios: 1.628 laboratorios clínicos, 312 puestos de microscopía y 86 puestos de pruebas rápidas, que contaron con 1.506 visitas de supervisión, 1.428 personas capacitadas y 341 readiestramientos. Se informaron 301.856 láminas examinadas, 31.256 (10 %) positivas: 14.121 para

Plasmodium vivax, 16.852 para *P. falciparum*, 275 para asociaciones y 4 para *P. malariae*.

Los resultados a nivel departamental, fueron, para el PEED: concordancia, 97,8 %, concordancia de recuento, 63,7 %; y, para el EEID: concordancia positiva, 95 %, concordancia negativa, 100 %, e índices kappa general y de especie, 0,96 y 0,89, respectivamente. Los resultados a nivel municipal, fueron, para el PEED: concordancia, 80,7 %; y, para el EEID: concordancia positiva, 93 %,

concordancia negativa, 98,7 %, índices kappa general y de especie, 0,95 y 0,92, respectivamente.

Conclusión. A nivel departamental, la concordancia general obtenida en la EEDD es satisfactoria, pero la concordancia del recuento sugiere que se deben realizar acompañamientos para mejorar este parámetro. A nivel municipal, los valores de concordancia e índice kappa para PEED y EEID, indican que se debe seguir con las actividades de rutina del programa de malaria.

..... ❧❧❧

147. Estratificación de riesgo en áreas urbanas de municipios con transmisión histórica de leishmaniasis visceral en Colombia, 2014

Martha Stella Ayala, Olga Patricia Fuya, Sara Esmeralda Gómez, Lyda Muñoz

Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La leishmaniasis visceral contribuye a la elevada carga social y económica por morbilidad, complicaciones, mortalidad e incapacidad producida por eventos de interés en salud pública en el país. Es endémica en 61 países y la Organización Mundial de la Salud la considera enfermedad prioritaria con ocasión de las epidemias ocurridas en años recientes y por los casos en pacientes infectados con VIH. En Colombia, es endémica en los departamentos de Bolívar, Córdoba, Sucre, Huila, Tolima, Cundinamarca, Santander y Norte de Santander.

Materiales y métodos. La metodología propuesta se basó en el lineamiento de estratificación de Brasil, sugerido como guía por el programa de prevención y control de leishmaniasis visceral para la región de las Américas de la Organización Panamericana de la Salud, la cual confirmó la presencia del vector en las áreas periféricas delimitadas en cada municipio seleccionado. Posteriormente, se determinó la seroprevalencia de leishmaniasis visceral en perros en los municipios con presencia de las

especies vectores. De acuerdo con los resultados obtenidos, las áreas se estratifican cumpliendo los criterios de clasificación para implementar actividades de vigilancia y control en humanos y reservorios domésticos.

Resultados. Se identificó la presencia de vectores de leishmaniasis visceral y se comprobó el papel del perro (*Canis familiaris*) como principal reservorio en el ciclo doméstico, lo cual aumenta la probabilidad de la aparición de casos de leishmaniasis visceral en zonas urbanas de los municipios seleccionados. Además, se identificaron factores de riesgo asociados con la presencia de reservorios silvestres de esta parasitosis.

Conclusiones. Se deben adelantar campañas educativas con la comunidad, haciendo énfasis en la utilización de conductas preventivas. Además, se debe implementar la estrategia de gestión integral para la leishmaniasis visceral, integrando todos sus componentes y haciendo énfasis en estrategias educativas para desarrollar entornos saludables que disminuyan el riesgo de transmisión.

..... ❧❧❧

148. Programa de evaluación externa directa del desempeño en el diagnóstico parasitológico y serológico de leishmaniasis como componente de la vigilancia por laboratorio, 2012-2014

Lyda Muñoz, Martha Stella Ayala

Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. El Grupo de Parasitología, como Laboratorio Nacional de Referencia, es la máxima autoridad nacional técnica y científica que establece en el país un único sistema de vigilancia por laboratorio, para garantizar el cumplimiento de las buenas prácticas de laboratorio mediante la participación en los programas de evaluación externa directa del desempeño (PEED).

Materiales y métodos. Se hizo el análisis descriptivo de las bases de datos de los participantes en el programa de evaluación externa directa del desempeño de leishmaniasis, 2012 a 2014, en términos de porcentaje de concordancia individual y general, y de oportunidad.

Resultados. En el diagnóstico parasitológico directo, la concordancia general fue de 84,35 % para los 38 participantes, en 2013; de 93,38 % para los 37 participantes, en 2012, y de 94,6 % para los 37 participantes, en 2014. En el inmunodiagnóstico,

la concordancia general fue de 77,0 % para los 5 participantes, en 2012, de 91,25 % para los 4 participantes, en 2013, y de 95,0 % para los 5 participantes, en 2014.

Conclusiones. Como responsables de la vigilancia del diagnóstico por laboratorio de las leishmaniasis, es evidente la necesidad de implementar el cumplimiento de los requisitos de la Norma Técnica NTC-ISO/IEC COLOMBIANA 17043: "Evaluación de la conformidad. Requisitos generales para los ensayos de aptitud", con el fin de unificar criterios, conductas y actitudes en el 100 % de los responsables del diagnóstico, fortaleciendo la red en todos los niveles de atención, principalmente en el nivel local, para detectar oportunamente todos los casos de leishmaniasis en cualquiera de sus formas clínicas y proveer un diagnóstico oportuno, un tratamiento adecuado, y el manejo y control clínico integral.



149. Estimating the morbidity of toxocariasis in Colombia, 2009-2013

Alfonso J. Rodríguez-Morales, David Ricardo Murillo-García, Néstor Muñoz-Calle,
Andrés Felipe Gil-Restrepo, Jaime Andrés Cardona-Ospina, Olinda Delgado

Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud,
Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia; Sección de Inmunoparasitología,
Instituto de Medicina Tropical, Universidad Central de Venezuela, Caracas, Venezuela

Introduction. *Toxocara canis* is a larval stage parasite affecting humans accidentally, commonly producing the visceral larva migrans (VLM) syndrome. This disease is not currently under surveillance in most countries. For this reason in countries such as Colombia, other health information sources can provide estimations of its morbidity.

Materials and methods. Observational, retrospective study in which the incidence of VLM toxocariasis in Colombia for the years 2009-2013 was estimated based on data extracted from the so-called personal health records system (*Registro Individual de Prestación de Servicios*, RIPS), using the ICD-10 code B83.0. Using official population estimates of national statistics (*Departamento Administrativo Nacional de Estadística*, DANE), crude and adjusted incidence rates were estimated (cases/100,000 pop.).

Results. During the period, 6,049 cases were reported (median: 1,343/year), for a crude national rate of 3.57 cases/100,000 pop.; 64.9% corresponded to males; 52.8% were 0-9.99 year-old. From the total, 48.6% were from Atlántico department (35.26 cases/100,000 pop. in 2012), followed by Antioquia with 11.4% (2.93 in 2012), and Bolívar with 9.7% (9.48 in 2012). Casanare reported 2.7% of cases but a rate of 11.98 in 2010. Cases were reported in 29/32 departments of the country. At Atlántico department, age-rates in 0-9,999 year-old group was 104.67 cases/100,000 pop. in 2012.

Discussion. Toxocariasis is neglected in many countries in Latin America and the Caribbean, including Colombia. Despite the limitations of this study, this is the first attempt to provide estimates of VLM incidence in the country, with consistent findings regarding affected age groups and geographical distribution. More studies are expected and deserved for this helminthiasis.



150. Estimated incidences of hepatitis C in Colombia, 2009-2013

Alfonso J. Rodríguez-Morales, Néstor Muñoz-Calle, Jaime A. Cardona-Ospina, Valentina Moreno-Villegas, Guillermo J. Lagos-Grisales, Soraya Villegas-Rojas

Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

Introduction. Globally, around 150 million people are infected with hepatitis C virus (HCV); however in many countries, including Colombia, no national estimates of incidence rates are available.

Materials and methods. Observational, retrospective study in which incidence HCV infection (ICD-10 codes B17.1/B18.2) in Colombia, 2009-2013, was estimated based on data extracted from the personal health records system (*Registro Individual de Prestación de Servicios*, RIPS). Using official national population estimates (*Departamento Administrativo Nacional de Estadística*, DANE), crude and adjusted incidence rates were estimated (cases/100,000 pop.).

Results. During the period, 2,979 cases were reported (median: 606/year), for a cumulative national rate of 6.47 cases/100,000 pop.; 57.2% were females; 28.5% 50-59.999 years-old, 15.01% 40-49.999 years-old, 13.9% 30-39.999 years-old. Cases were 60.7% chronic HCV (cHCV) and 39.3% acute HCV (aHCV). From the total of

cHCV cases, 47.81% were from Bogotá (11.38 cases/100,000 pop.), followed by Valle del Cauca with 15.02% (6.03 cases/100,000 pop.), Atlántico 6.41% (4.86 cases/100,000 pop.), Risaralda 2.08% (3.98 cases/100,000 pop.). From the total of aHCV cases, 28.97% were from Bogotá (6.89 cases/100,000 pop.), Valle del Cauca reported 8.94% (3.59 cases/100,000 pop.), Atlántico 4.95% (3.75 cases/100,000 pop.), Risaralda 1.07% (2.04 cases/100,000 pop.). Reports were from 29/32 country departments (including Bogotá D.C.).

Conclusions. Given its occurrence in productive/reproductive age, there is a significant health but also economic impact. There is a need for large field studies to better understand HCV epidemiology and identify high-prevalence areas, and to identify and spread awareness about the modes of transmission of this infection in an attempt to prevent disease transmission. Current study provides insights into national epidemiology of aHCV/cHCV and settles base information for further studies.



151. Estimating the incidence of myiasis in Colombia, 2009-2013

María Camila Villegas, Alejandra Merino, Javier E. González, Leonardo Echeverri, Alberto Cantero, Alfonso J. Rodríguez

Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

Introduction. Myiasis has been defined as the infestation of live vertebrates (humans and/or animals) with dipterous larvae. This ectoparasitic condition is usually neglected even in tropical countries, including Colombia.

Materials and methods. Observational, retrospective study in which the incidence of myiasis in Colombia, 2009-2013, was estimated based on data extracted from the personal health records system (*Registro Individual de Prestación de Servicios*, RIPS), using the ICD-10 codes B87.0-B87.9. Using official population estimates of national statistics (*Departamento Administrativo Nacional de Estadística*, DANE), crude and adjusted incidence rates were estimated (cases/100,000 pop.).

Results. During the period, 8,123 cases were reported (median: 994/year), for a crude national rate of 17.43 cases/100,000 pop.; 58.7% corresponded to females; 29.7% were less than 30 years-old (13% <10 years-old). From the total, 56.9% were classified as wound form (B87.1), 21.1% cutaneous (B87.0), 2.4% ocular (B87.2), 1.5% nasopharyngeal (B87.3), 1.1% aural (B87.4) and the rest corresponded to other sites and unspecified (B87.8 and B87.9). The highest number of cases was reported in 2010 due to wound myiasis (3,420 cases). The highest number of cases was reported in Caquetá (1,245 cases; 274 cases/100,000 pop.), followed by Tolima (1,055 cases; 75 cases/100,000 pop.). Among

special groups, 52.25% of the cases were reported in population under special security (SISBEN).

Discussion. According to these results, we can show that myiasis in Colombia is more common than it could be estimated according to previous reports (mostly case reports), linked to unsatisfactory

environmental sanitation conditions. Awareness about this disease, especially in the regions where cases have been previously reported, should be raised. Cross-sectional and prospective studies should be conducted in our country in order to improve the knowledge of incidence, prevalence and burden of the disease.

..... ☙☙☙

152. Análisis de barreras en el desarrollo actividades de control vectorial para la enfermedad de Chagas en Colombia

Diana Diaz¹, Zulma Cucunubá^{1,2}

¹ Red Chagas Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

² Department of Infectious Disease Epidemiology, Imperial College London, London, England

Introducción. Con el fin de lograr la interrupción de la transmisión intradomiciliaria de la enfermedad de Chagas en Colombia, el programa de control vectorial se ha orientado a estrategias de educación comunitaria, aspersión de insecticidas, vigilancia comunitaria de triatominos y reordenamiento de vivienda.

Objetivo. Caracterizar las barreras que impiden el desarrollo de estas actividades en las zonas endémicas.

Metodología. Es un estudio cuantitativo y cualitativo desarrollado en diferentes niveles. Se revisaron los registros nacionales y departamentales para la adquisición, distribución y uso de insumos para el control vectorial. Se hicieron entrevistas al personal involucrado en las actividades de control, los coordinadores y técnicos de ETV y laboratorio, los secretarios locales, el personal hospitalario y los pacientes.

Resultados. En cuanto a la aspersión de insecticidas, se encontraron como barreras la baja disponibilidad de insumos, la falta de personal capacitado y de interés en la comunidad por

tener las viviendas listas para la intervención. En las actividades de educación comunitaria, se evidenció que los niños tienen mayor receptividad a estas actividades; sin embargo, faltan materiales educativos y personal capacitado para el seguimiento y la continuidad. En cuanto a la vigilancia comunitaria, existen demoras significativas en la retroalimentación de resultados de infección de triatominos, lo cual causa pérdida de interés en la comunidad por hacer la vigilancia. Los registros nacionales de 2008 a 2014 muestran que el Ministerio de Salud y Protección Social distribuyó 652.110 unidades de insecticidas (permetrina, pote fumígeno, deltametrina y fenitrotión) para el control de triatominos, observándose una tendencia a la disminución en 2013 y 2014. Las complejidades administrativas en la adquisición de estos insumos, hacen que su flujo no sea constante.

Conclusiones. Es necesario abordar las barreras que impiden un mayor potencial en la ejecución de las actividades de control de la enfermedad de Chagas, con el fin de lograr las metas de interrupción en los municipios endémicos.

..... ☙☙☙

153. Is legionellosis present and important in Colombia? An analysis of cases from 2009 to 2013

Andrés Mauricio Patiño-Barbosa, Andrés Felipe Gil-Restrepo, Valentina Restrepo-Montoya, Wilmer E. Villamil-Gómez, Jaime A. Cardona-Ospina, Alfonso J. Rodríguez-Morales

Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

Introduction. Infection due to *Legionella pneumophila* has been not studied in Colombia, although it is present.

Materials and methods. Observational, retrospective study in which the incidence of legionellosis in Colombia, 2009-2013, was estimated based on

data extracted from the personal health records system (*Registro Individual de Prestación de Servicios*, RIPS), using the ICD-10 codes A48.1 (Legionnaires' disease) and A48.2 (Pontiac Fever). Using official population estimates of national statistics (*Departamento Administrativo Nacional de Estadística*, DANE) crude and adjusted incidence rates were estimated (cases/100,000 pop.).

Results. During the period, 206 cases were reported (media of 41.2 per year), for cumulated national rate of 0.45 cases/100,000 pop. The clinical form of legionellosis with the highest incidence rates was the non-pneumonic legionnaire's disease (0.39 cases/100,000 pop.) being women

the main affected (0.42 cases/100,000 pop.). The department with the highest incidence rate was Bolívar (1.94 cases/100,000 pop.), followed by La Guajira (1.7 cases /100,000 pop.). Finally, age groups with the highest morbidity were 0-9.999 years-old (1.16 cases/100,000 pop.) and SISBEN category with the highest number of total cases was level one (88 cases).

Discussion. According to these results, we can show that legionellosis in Colombia is more common than it could be thought. Nevertheless, cross-sectional and prospective studies should be conducted in our country in order to improve the knowledge of incidence, prevalence and burden of the disease.

..... ☸☸☸

154. Estimating the neglected incidence of tungiasis in Colombia, 2009-2013

Daniel Sánchez-Carmona, Cindy Montoya, Jaime Andrés Cardona-Ospina, Valeria Ramírez, Lissette Quintero, Juan E. Bedoya Árias, John J. Vera, Alfonso J. Rodríguez-Morales

Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

Introduction. Tungiasis, the skin infestation with the flea *Tunga penetrans*, typically occurs in poor communities. This tropical condition has been decreasing all over the world, but it is still prevalent in many countries, including Colombia, although there is a lack of studies about it.

Materials and methods. Observational, retrospective study in which the incidence of tungiasis in Colombia, 2009-2013, was estimated based on data extracted from the personal health records system (*Registro Individual de Prestación de Servicios*, RIPS), using the ICD-10 code B88.1. Using official population estimates of national statistics (*Departamento Administrativo Nacional de Estadística*, DANE), crude and adjusted incidence rates were estimated (cases/1,000,000 pop.).

Results. During the period, 82 cases were reported, for a crude national rate of 1.78 cases/1,000,000 pop.; 54% corresponded to females; 57% were less than 20 years-old (43% <10 years-old). Highest incidence rate was estimated for Boyacá

(7.09 cases/1,000,000 pop.), followed by Nariño (5.42 cases/1,000,000 pop.) and Arauca (3.99 cases/1,000,000 pop.). Among special groups, 28% of the cases were reported in population under special security (SISBEN).

Discussion. The last study in tungiasis from Colombia dates from 2007 and was limited to the Vaupés department. However, there are no published studies in Medline from other areas. According to these results, we can show that tungiasis is still present, but certainly neglected, in Colombia, being more common than it could be estimated, probably linked to unsatisfactory environmental sanitation conditions and poverty and in regions with favorable environmental characteristics for the growth of the parasite. Awareness about this disease, especially in the regions where cases have been previously reported, should be raised. Cross-sectional and prospective studies should be conducted in our country in order to improve the knowledge of incidence, prevalence and burden of disease.

..... ☸☸☸

155. Producción científica mundial en albendazol: un estudio bibliométrico

Santiago Granados-Álvarez¹, Hamilton Marín-Rincón¹, Valeria Ramírez-Jaramillo¹, Daniel Sánchez-Carmona¹, Juan E. Bedoya-Arias¹, Alfonso J. Rodríguez-Morales^{1,2}, Jorge E. Machado-Alba^{3,4}

¹Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

²Comité de Zoonosis y Fiebres Hemorrágicas de la Asociación Colombiana de Infectología, Bogotá, D.C., Colombia

³Grupo y Semillero de Investigación en Farmacoepidemiología y Farmacovigilancia, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

⁴Audifarma SA, Pereira, Colombia

Introducción. El albendazol es un benzimidazol con documentada actividad contra diferentes helmintos.

Objetivo. Evaluar la producción científica global sobre albendazol, 1972-2015.

Materiales y métodos. Es un estudio bibliométrico en cinco bases de datos: Medline, Scopus, Lilacs, SciELO y Google Académico, caracterizando la producción científica en albendazol en el mundo; se determinaron la cantidad, la calidad (número de citaciones) y los tipos de estudios elaborados por cada país, caracterizándolos por años, cooperación internacional, lugar de origen de la publicación, autores (con su H-index) y grupos con mayor contribución.

Resultados. En Medline, existían 4.784 artículos. La mayor producción científica es de India (10,18 %), Estados Unidos (7,38 %) y Turquía (5,89 %). En

Scopus hubo 17.131 artículos, 18,25 % de Estados Unidos, 12,29 % de India y 9,37 % del Reino Unido. En Lilacs se encontraron 338 artículos, 6,51 % de Brasil, 3,85 % de Perú y 2,66 % de Colombia. En SciELO hubo 134 artículos, 14,18 % de Perú, 13,43 % de Brasil y 6,72 % de México. El H-index sobre albendazol fue de 124, siendo los más altos por país para Estados Unidos (90), Reino Unido (79) y Suiza (70). El artículo más citado (904 veces) fue el de Newman y Cragg (J Nat Prod. 2012;75:311-35). Europa mostró un alto nivel de producción.

Conclusiones. El albendazol ha demostrado gran eficacia en el manejo de diferentes helmintiasis. Recientemente, se ha investigado más sobre su uso en protozoarios como *Giardia* spp., así como en hongos del filo *Microsporidia*. En este estudio bibliométrico, se observó un número relativamente grande de publicaciones, que viene aumentando significativamente en el tiempo.



156. Perfil de seguridad de benznidazol en el tratamiento de adultos con enfermedad crónica de Chagas en Colombia

Mario Javier Olivera, Zulma Milena Cucunubá

Red Chagas Colombia, Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. El benznidazol es uno de los medicamentos aprobados para tratar la enfermedad de Chagas, aunque sus efectos secundarios limitan su uso.

Objetivo. Evaluar los factores relacionados con la tolerancia, seguridad e interrupción definitiva del tratamiento con benznidazol, en adultos con enfermedad crónica de Chagas.

Materiales y métodos. Es un estudio observacional retrospectivo mediante la revisión de las historias clínicas de adultos con enfermedad crónica de Chagas, tratados con benznidazol en el Instituto Nacional de Salud de Colombia, entre

2002 y 2014. Se hizo el análisis multivariado mediante un modelo paramétrico de tiempo al evento (interrupción definitiva del tratamiento). Las asociaciones se expresaron en tiempos relativos.

Resultados. Se trataron 224 pacientes con benznidazol, con edades entre 18 y 71 años (media $47,5 \pm 11,1$ años). La dosis osciló entre 200 y 600 mg/día (media $358,5 \pm 80,4$ mg/día) y la duración del tratamiento fue de 3 a 60 días (media $51,6 \pm 16,3$ días). Entre los pacientes que recibieron benznidazol, 165 (73,6 %) completaron 60 días de tratamiento, 200 (89,3 %) presentaron reacciones adversas al medicamento y 52 (23,2 %) lo interrumpieron definitivamente.

Se identificaron 716 reacciones adversas, con predominio de los síntomas dermatológicos (39,4 %) seguidos de las manifestaciones gastrointestinales (32,3 %); 57,5 % de las reacciones adversas fueron leves, 35,4 %, moderadas, y 7,3 %, graves. En términos de causalidad, 169 (23,6 %) fueron probables, 174 (24,3 %), posibles, y 180 (25,1 %), definitivas.

El análisis multivariado mostró que hubo mayor tiempo de interrupción del tratamiento, en casos de: dosis de benznidazol de 6 mg/kg/día o mayor (TR=0,47; IC_{95%} 0,33-0,69; p<0,001); alteración de

los eosinófilos (TR=0,67; IC_{95%} 0,49-0,93; p<0,018) y reacciones adversas graves (TR=0,11; IC_{95%} 0,07-0,19; p<0,001).

Conclusiones. Los resultados sugieren que benznidazol es un tratamiento seguro en adultos infectados con *T. cruzi*. A pesar de la alta incidencia de reacciones adversas al medicamento, la mayoría fueron leves. Se recomienda considerar los factores de riesgo encontrados en esta investigación, para predecir y reducir la interrupción del tratamiento etiológico.

..... ☸☸☸

157. Biobanco-Red Chagas Colombia, la experiencia de su conformación

Olga Lucía Ospina, Zulma Cucunubá

Programa Nacional de Investigación para la Prevención, Control y Tratamiento Integral de la enfermedad de Chagas en Colombia, 2012-2020. Red Chagas Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La conformación de biobancos constituye un concepto novedoso que permite la creación de una plataforma de apoyo a la investigación biomédica.

Objetivo. Presentar la experiencia de la conformación del biobanco de la Red Chagas Colombia.

Materiales y métodos. Se hizo la revisión bibliográfica sobre legislación, consideraciones éticas y lineamientos técnicos basados en las recomendaciones de instituciones pioneras en la creación de biobancos (España, México y Colombia). Se estandarizaron y elaboraron los protocolos para la recolección, el transporte, el procesamiento inicial, el control de calidad y la cesión de muestras para investigaciones futuras.

Resultados. El biobanco de la Red Chagas Colombia se creó como una plataforma tecnológica que ofrece a la comunidad científica, material biológico de alta calidad para la investigación de la enfermedad de Chagas y los factores asociados. Cuenta con un comité científico y un comité de ética, los cuales

siguen procedimientos internos para garantizar la protección de los derechos de los donantes, así como la aprobación de uso de muestras en futuros estudios. Las muestras biológicas se recolectan después del proceso de consentimiento informado, el cual es adicional al obtenido para cada proyecto. Después de ser sometidas a varios controles de calidad durante el transporte y recepción, las muestras son procesadas, separadas en alícuotas y almacenadas según su tipo, de acuerdo con procedimientos estandarizados. Una parte de la muestra es almacenada en el *back-up* del biobanco. A la fecha, se cuenta con aproximadamente 5.000 alícuotas correspondientes a más de 600 pacientes con diagnóstico de enfermedad de Chagas.

Conclusiones. En Colombia, las experiencias de biobancos son escasas y la legislación aún tiene vacíos para su conformación. Se espera que este biobanco permita la generación de nuevos proyectos de investigación sobre la enfermedad de Chagas en Colombia y que sirva como una experiencia que estimule la creación de otros biobancos.

..... ☸☸☸

158. Infección por *Leptospira* spp. en murciélagos de instituciones educativas del área urbana del municipio de Sincelejo, Sucre

Lilia Iriarte¹, Robin Victoria², Alcides Sampedro², Pedro Blanco¹, Anaís Castellar¹

¹ Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

² Grupo de Investigación en Biodiversidad Tropical, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. La leptospirosis se considera un problema de salud pública emergente, especialmente

en los centros urbanos de los países en desarrollo. Existen pocos o ningún estudio sobre el papel de

los murciélagos como portadores de *Leptospira* spp. en áreas urbanas de Colombia.

Objetivo. Determinar la prevalencia de infección por especies patógenas de *Leptospira* spp., en murciélagos de instituciones educativas del área urbana del municipio de Sincelejo, Sucre.

Materiales y métodos. Los murciélagos se capturaron durante los meses de marzo a julio de 2013, por medio de redes de niebla. El ADN se extrajo de tejido renal, mediante el protocolo descrito por Pearson y Stirling, con algunas modificaciones. Se detectó *Leptospira* spp. en tejido de riñón por medio de la amplificación de un fragmento de 423 pb del gen *lipL32*. La relación entre la infección y las diferentes variables, se analizó mediante tablas de contingencia (ji al cuadrado y prueba exacta de Fisher).

Resultados. Se calculó una prevalencia cruda de infección por *Leptospira* spp. de 32 %. La

especie que presentó una mayor prevalencia fue *Molossus molossus* (48,4 %), seguida de *Lonchophylla thomasi* (33,8 %) y *Eumops bonariensis* (15,8 %). Se encontró una diferencia significativa entre especies y lugares de muestreo ($p < 0,05$), pero, no entre estados reproductivos o sexo ($p > 0,05$). No se hallaron diferencias significativas entre diferentes intervalos peso y la infección por *Leptospira* spp. en la especie *L. thomasi* ($p > 0,05$).

Conclusiones. Estos resultados sugieren que *M. molossus*, *L. thomasi* y *E. bonariensis* pueden cumplir un papel como reservorios de *Leptospira* spp. y, posiblemente, en su transmisión en el área de estudio. El contacto con estos animales o su orina, puede constituir un factor de riesgo, sobre todo en los niños y adolescentes que estudian en estas instituciones.



159. Detección molecular del virus del dengue en hembras *Aedes aegypti* de la zona urbana del municipio de Sincelejo

Merab Manjarrez, Juan Mercado, Diana Campo, Pedro Blanco, Erwin Camacho

Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. El reducir la transmisión del virus del dengue depende, en gran medida, del control de los mosquitos vectores; por ello, la finalidad de estos programas es disminuir sus densidades.

Objetivo. Estudiar la dinámica de población y detectar el virus del dengue, a partir de ejemplares de *Aedes aegypti* capturados en Sincelejo.

Materiales y métodos. Se utilizaron trampas de captura MosquiTRAP con georreferencia e instaladas en viviendas ubicadas en siete comunas del municipio, desde mayo a octubre de 2014. Para la detección viral, se utilizaron la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en tiempo real y la semianidada, y la electroforesis en gel de agarosa al 2 %. Se elaboraron mapas de riesgo de transmisión espacial de la enfermedad, la tasa de infección se calculó por el método de máxima verosimilitud y se utilizó el coeficiente de correlación de Pearson para relacionar la densidad de la población con variables climáticas y epidemiológicas.

Resultados. Se capturaron 2.847 ejemplares de *Ae. aegypti*, 2.342 (82,2 %) eran hembras y, 499 (17,5 %), machos; las comunas 5 y 3 del municipio presentaron la mayor abundancia, con 591 (20,75 %) y 576 (20,23 %) mosquitos, respectivamente. La tasa de infección más alta se obtuvo en la comuna 6, con 81,19 hembras infectadas por cada 1.000 capturadas y una tasa de infección general de 56,5. Se detectó la circulación simultánea de los cuatro serotipos virales. Los serotipos más frecuentes fueron DENV-3 (80,35 %) y DENV-2 (18,75 %). No se encontró relación estadística entre la abundancia del vector y las variables climáticas estudiadas.

Conclusiones. La circulación simultánea de diferentes serotipos supone un gran riesgo para la aparición de casos graves de la enfermedad. La determinación de las zonas con altos niveles de infestación, como las comunas 5 y 3, y de las zonas con altas tasas de infestación, como la comuna 6, puede orientar a las autoridades de salud para ejercer acciones de control que reduzcan el impacto de la enfermedad.



160. Evaluación de los antígenos recombinantes SAG1 y GRA7 en el diagnóstico de la toxoplasmosis congénita, en el departamento de Sucre

Kelly Orozco, Yina Montero, Yulenis Assia, Pedro Blanco

Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. La toxoplasmosis congénita es el resultado de la afectación del feto como resultado de la infección primaria por *Toxoplasma gondii* en la mujer embarazada. Puesto que la infección por el parásito no presenta síntomas específicos, el diagnóstico preciso y rápido de la infección aguda en la mujer embarazada, es de vital importancia para ofrecer un tratamiento oportuno y reducir el riesgo de transmisión y la gravedad de la enfermedad. Las limitaciones de las técnicas serológicas utilizadas para el diagnóstico de la toxoplasmosis, hacen necesario validar nuevas metodologías que permitan aumentar su sensibilidad y especificidad, con el fin de obtener una prueba que brinde resultados muy confiables y un diagnóstico correcto.

Objetivo. Evaluar los antígenos recombinantes SAG1 y GRA7 en la detección de anticuerpos IgG anti-*Toxoplasma*, en mujeres gestantes del departamento de Sucre.

Materiales y métodos. Se analizaron 200 muestras de suero de mujeres gestantes mediante ELISA IgG para detectar anticuerpos anti-*T.*

gondii, empleando antígenos nativos y antígenos recombinantes SAG1 y GRA7. Los resultados se compararon con los de un panel de sueros evaluados con la prueba de inmunofluorescencia indirecta (IFI). Los parámetros diagnósticos incluidos (sensibilidad y especificidad) y la prueba de concordancia, se calcularon mediante el software estadístico IBM SPSS®.

Resultados. Mediante ELISA IgG y empleando antígenos nativos, se encontró 93,3 % de sensibilidad, 70 % de especificidad y un grado de concordancia bueno (0,65). Por medio de ELISA IgG y empleando el antígeno recombinante SAG1, la sensibilidad fue de 93,3 %, la especificidad fue de 90 % y el grado de concordancia fue excelente (0,83), mientras que, con el empleo del antígeno GRA7, la sensibilidad fue de 86,7 %, la especificidad fue de 80 % y el grado de concordancia fue bueno (0,66).

Conclusión. Los resultados demuestran que la prueba ELISA IgG empleando los antígenos recombinantes SAG1 y GRA7, puede ser un buen método en el diagnóstico de toxoplasmosis congénita.

..... ☙ ☙ ☙

161. Caracterización de la transmisión extradoméstica de *Trypanosoma cruzi* en el corregimiento de Puerto Valdivia, Antioquia

Carolina Bedoya Patiño¹, Lina Carrillo-Bonilla², Bibiana Salazar¹, Andrés Vélez², Omar Triana¹, Omar Cantillo¹

¹ Grupo de Biología y Control de Enfermedades Infecciosas (BCEI), Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Programa para el Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, y Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La transmisión de *Trypanosoma cruzi* por vectores no domiciliados, es una de las mayores preocupaciones para el control de la enfermedad de Chagas. El reporte de *Panstrongylus geniculatus* en viviendas y la presencia de huéspedes sinantrópicos infectados con *T. cruzi* en Puerto Valdivia (Antioquia), son antecedentes que demandan conocer las características de la transmisión en esta zona.

Objetivo. Caracterizar la transmisión extradoméstica de *T. cruzi* en el corregimiento de Puerto Valdivia, Antioquia.

Materiales y métodos. Se desarrolló un estudio descriptivo sobre aspectos ecoepidemiológicos involucrados en la transmisión de *T. cruzi* mediante: (i) la búsqueda activa de insectos con participación comunitaria, (ii) la evaluación de la infestación en perros por métodos serológicos y moleculares, (iii) la presencia de infestación de huéspedes sinantrópicos, y (iv) la seroprevalencia en menores de 15 años.

Resultados. Se evaluaron 56 perros, 19 (34 %) positivos, en 9 de los cuales se determinó la infestación por de *T. cruzi* mediante reacción en cadena

de la polimerasa (PCR). También, se evaluaron 31 mamíferos sinantrópicos: 22 *Didelphis marsupialis*, 3 *Proechimys semispinosus* y 6 *Rattus rattus*. De estos, 2 *D. marsupialis* fueron positivos en hemocultivos y 11 más por diagnóstico molecular; el resto fueron negativos. Por último, de los 82 niños evaluados, ninguno fue inmunorreactivo por la técnica de IFI y ELISA. No se registró la presencia de triatomíneos en las viviendas.

Conclusiones. Estos resultados muestran una alta exposición de los perros en el ciclo de transmisión

de *T. cruzi* activo cerca de viviendas humanas. Por otra parte, la presencia de *D. marsupialis*, no sólo es un fuerte indicador de perturbación ambiental, sino también, demuestra que este puede conectar el ciclo de transmisión silvestre al domiciliario de *T. cruzi*. A pesar de que no se detectó la transmisión en humanos, estos resultados sugieren que esta zona tiene un ciclo de transmisión cercano a las zonas de residencias de los pobladores, lo que la convierte en un área de riesgo, por lo que es necesario implementar medidas de prevención.

..... ☙☙☙

162. Comparación de las pruebas dengue DUO, ELISA de captura y qRT-PCR para el diagnóstico de dengue en el departamento de Sucre

Erwin Camacho¹, Sindy Martínez¹, Sindy Cabarca¹, Andrea Trujillo², Jorge Osorio³, Pedro Blanco¹

¹ Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

² Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³ Department of Pathobiological Sciences, University of Wisconsin, Madison, USA

Introducción. El dengue es una enfermedad con amplio espectro clínico, provoca desde infecciones asintomáticas hasta cuadros graves que pueden llevar a la muerte. Por esta razón, debe considerarse una enfermedad con múltiples formas de evolución. El contar con gran variedad de herramientas diagnósticas y conocer su utilidad, facilitaría tanto las labores de los profesionales en salud como el conocimiento de la enfermedad.

Objetivo. Comparar las pruebas ELISA, test rápido y qRT-PCR en el diagnóstico del dengue en Sucre.

Materiales y métodos. Se procesaron 265 muestras de participantes con síndrome febril indicativo de dengue en fase aguda. Se detectaron anticuerpos IgM e IgG mediante ELISA (kit dengue IgM e IgG capture ELISA de Panbio) y kit rápido (SD BIOLINE dengue Duo). La presencia del virus se determinó por detección del antígeno NS1 con el test rápido y del genoma viral con PCR en tiempo

real. Se determinaron los índices de concordancia kappa entre los ensayos.

Resultados. En 156 (59 %) de las muestras analizadas, se detectaron anticuerpos IgM y, en 104 (39,4 %), IgG por ELISA. Por el test rápido se detectaron estos anticuerpos en 103 (39 %) y 122 (46,2 %) muestras, respectivamente. El índice kappa entre ensayos fue de 0,614 y 0,615, para IgM e IgG, respectivamente. En el caso de las 235 muestras ensayadas por qRT-PCR y el test rápido, se encontró que 123 muestras (50,4 %) fueron positivas para la detección del genoma viral y, 74 (30,3 %) para el antígeno NS1, con un índice kappa de 0,165.

Conclusiones. La prueba ELISA y el test rápido son estadísticamente concordantes en la detección de anticuerpos. Sin embargo, los resultados que se obtienen con este test no concuerdan con los obtenidos por qRT-PCR en tiempo real.

..... ☙☙☙

163. Ecología y distribución potencial de las especies de *Lutzomyia* de importancia médica, pertenecientes al grupo *Verrucarum*, bajo condiciones de cambio climático en Colombia

Camila González, Juan Manuel Cordovez, Marla López, Daniela Olivera, Cristina Ferro

Centro de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Tropical (CIMPAT), Facultad de Ciencias, Universidad de los Andes, Bogotá, D.E., Colombia; Biomac, Facultad de Ingeniería, Universidad de los Andes, Bogotá, D.E., Colombia Laboratorio de Entomología, Subdirección Red Nacional de Laboratorios, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. El grupo Verrucarum incluye un gran número de especies de importancia médica para la transmisión de la leishmaniasis cutánea en Colombia. Su distribución se encuentra limitada a la Región Andina, superponiéndose con áreas de alta densidad de población y ecosistemas transformados. Varias especies pertenecientes a este grupo se han incriminado en importantes brotes de leishmaniasis cutánea, principalmente *P. Lutzomia longiflocosa* la cual fue identificada como el vector principal en uno de los mayores brotes de leishmaniasis cutánea registrados en el país, en el municipio de Chaparral, Tolima.

Objetivo. Evaluar la distribución conocida y potencial, en el espacio ecológico y geográfico, de siete especies de flebotomos (*P. spinicrassa*, *Lu. longiflocosa*, *P. youngi*, *P. ovallesi*, *P. nuneztovari*, *P. columbiana*, *Lu. evansi*) bajo dos condiciones de cambio climático.

Materiales y métodos. Se construyeron modelos de distribución potencial para cada una de las especies, por medio del *software* Maxent y un set de coberturas bioclimáticas y topográficas, tanto en su

rango de distribución actual como en condiciones de cambio climático proyectados a los años 2020, 2050 y 2080. Se hicieron predicciones usando CSIRO A2, que predice un mayor incremento en la temperatura debido a un incremento continuo de la población y del desarrollo económico regional y la condición optimista Hadley B2, orientado hacia la protección ambiental y la equidad social.

Resultados. Las especies tuvieron una distribución geográfica intercalada, a pesar de compartir algunos ejes de la distribución ecológica. Su distribución potencial coincide fuertemente con zonas donde los ecosistemas transformados ocupan más del 80 % de la cobertura original. En términos generales, todas las especies muestran una contracción del rango altitudinal y desplazamiento hacia mayores altitudes.

Conclusiones. Las especies del grupo Verrucarum podrían comportarse como equivalentes ecológicos, pero se requieren análisis ecofisiológicos posteriores. Los estudios de cambio climático permiten establecer zonas potenciales de riesgo en las que pueden implementarse medidas de prevención.



164. Validación de una prueba serológica rápida basada en NTP-BSA para el manejo de la lepra

Martha Inírida Guerrero¹, Claudia L Colorado¹, Juan Camilo Beltrán², Nora Cardona-Castro², Clara Inés León¹

¹ Instituto Nacional de Dermatología "Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta", Bogotá, D.C., Colombia

² Instituto Colombiano de Medicina Tropical-Universidad CES, Sabaneta, Antioquia, Colombia

Introducción. El retraso del diagnóstico clínico y el subregistro de lepra indican que la transmisión de *Mycobacterium leprae* persiste, generando una importante carga de enfermedad. Evidenciado que PGL-I es útil e insustituible por otros antígenos, en el Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta se desarrolló una prueba serológica rápida de campo basada en NTP-BSA.

Objetivo. Validar en fase II dicha prueba de campo inmunocromógena, para el diagnóstico, pronóstico y vigilancia de casos de lepra.

Materiales y métodos. Se evaluó la tecnología diagnóstica en fase II, utilizando el banco de sueros del ICMT-CES, tomando 113 sueros con resultado de ELISA positivo y 198 con ELISA negativo, provenientes de 105 enfermos multibacilares y 17 paucibacilares, 122 convivientes de multibacilares y 17 convivientes de paucibacilares. Las lecturas de las tiras reactivas se evaluaron mediante el

coeficiente estadístico kappa, determinando el acuerdo intraobservador e interobservador, y la reproducibilidad de la prueba. Para la calificación cualitativa del nivel de concordancia, se utilizó la escala de Landis y Koch. La evaluación de las características operativas de la prueba desarrollada frente al método de referencia ELISA, se hizo con el *software* OpenEpi y, la evaluación del desempeño, mediante análisis de curvas ROC utilizando Stata 13.

Resultados. Los resultados de la prueba desarrollada se correlacionan muy bien con la ELISA clásica (área bajo la curva de 0,9729 frente a la de ELISA de 1,0). Se obtuvo muy buena reproducibilidad de la prueba (kappa=0,885), al igual que para las lecturas intraobservador (kappa=0,915) e interobservador (kappa=0,924). Los pacientes con lepra fueron distinguidos con un alto grado de sensibilidad (96,40 %) y especificidad (100,0 %).

Conclusiones. Los resultados sugieren que esta prueba rápida de campo basada en NTP-BSA es sensiblemente igual al método de

referencia ELISA y podría reemplazarla para la tamización de personas en riesgo, por ser menos dispendiosa.



165. Programa piloto de control de la enfermedad de Chagas en comunidades indígenas de la Sierra Nevada de Santa Marta, Colombia

Carlos A. Valencia-Hernández¹, Andrés Caicedo¹, Duamaco Escribano¹, José Nacoguí², Helena Quintero¹, Lesly Guasmayan³, Carolina Flórez³, Juan Carlos Dib¹

¹ Dirección de Investigación en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

² Comunidades indígenas de la Sierra Nevada de Santa Marta, Colombia

³ Grupo de Parasitología, Laboratorio Nacional de Referencia, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La enfermedad de Chagas es endémica en la Sierra Nevada de Santa Marta.

Objetivo. Describir la frecuencia de infección en cuatro comunidades de la zona, medir el estado cardiológico y la tolerabilidad del benznidazol pediátrico LAFEPE®.

Materiales y métodos. Un equipo profesional clínico y de diagnóstico tomó muestras en comunidades de las etnias kogui y wiwa, las cuales fueron procesadas en el Laboratorio de Parasitología del Instituto Nacional de Salud en Bogotá, Colombia. Establecido el estado de infección, se midió el estado cardiológico y se hizo tratamiento parasitológico con benznidazol pediátrico LAFEPE®.

Resultados. De la etnia wiwa, 17 (7,36 %) niños, y de la etnia kogui, 21 (9,09 %), fueron positivos en las pruebas serológicas, para un total de 38 (16,45 %) de 231 niños. Tres presentaron pérdidas de seguimiento y 25 fueron tratados. El 60 % acusó restricción de actividades físicas. El 25 %

de los niños presentaron anormalidades en el electrocardiograma. Hubo reacciones adversas leves al medicamento en 47, como dolor abdominal o cefalea. El 98,3 % de los individuos no presentó síntomas después del día 10 de tratamiento. Uno (2,7 %), presentó reacciones adversas leves al día 15. Ninguno experimentó reacciones adversas graves. El 5,4 % no terminó el tratamiento por razones culturales y 50 % de los niños no conocían el vector. Hubo entrega de toldillos y captura de triatomos durante los primeros días del rociado con piretroides, y 120 días después, no se había detectado presencia de triatomos infectados.

Conclusiones. Las prevalencias en niños de comunidades indígenas fueron muy altas, en comparación con la población general. La morbilidad cardíaca está presente en ellos y, a pesar de la presencia de vectores en la zona, hay baja percepción de riesgo acerca de la transmisión de la enfermedad. Es la primera vez que el benznidazol pediátrico LAFEPE® se usa en el país, el cual fue seguro y bien tolerado.



166. Frecuencia de infección por *Trypanosoma cruzi* en comunidades indígenas en el marco de un programa piloto en la Sierra Nevada de Santa Marta, Colombia, 2014

Andrés Caicedo¹, Helena Quintero¹, Duamaco Escribano¹, Carlos A. Valencia-Hernández¹, José Nacoguí², Lesly Guasmayan³, Juan Carlos Dib¹, Carolina Flórez³

¹ Dirección de Investigación en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

² Comunidades indígenas de la Sierra Nevada de Santa Marta, Colombia

³ Grupo de Parasitología, Laboratorio Nacional de Referencia, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Las prevalencias más altas de infección por *Trypanosoma cruzi* han sido estimadas en comunidades rurales y poblaciones

indígenas como en la Sierra Nevada de Santa Marta, un gran macizo aislado de la cordillera de los Andes habitado por cuatro etnias indígenas.

Objetivo. Describir la frecuencia de infección por *T. cruzi* en niños menores de 17 años de cuatro comunidades de la zona, en el marco de un programa piloto para atención integral de la enfermedad de Chagas.

Materiales y métodos. Se obtuvieron muestras de sangre de 231 niños de tres comunidades de la etnia kogui y una comunidad de la etnia wiwa. Se procesaron en el Laboratorio de Parasitología del Instituto Nacional de Salud en Bogotá, mediante dos técnicas, ELISA e inmunofluorescencia indirecta (IFI), con extractos antigénicos de cepas *T. cruzi*-Tcl colombianas, y hemaglutinación indirecta (HAI), en caso de discordancia. Una vez establecido el estado de infección, se procedió a la valoración clínica, las actividades de control vectorial y el tratamiento parasitológico.

Resultados. De los 231 niños, 38 (16,45 %) fueron seropositivos, de los cuales 17 (7,36 %)

pertenecían a la etnia wiwa y 21 (9,09 %) a la etnia kogui. Los seropositivos estaban distribuidos en comunidades diferentes, 17(44,74 %) pertenecían a Arimaka, 12 (31,58 %), a Bumkuamake, y el 23,68 % (9) restante, a Seywiaka y Umandita. La distribución por sexo de la infección en niños fue de 22 (57,89 %) y 16 (42,11 %) en niñas; la mayor frecuencia de infección se presentó en el grupo de edad de 11 a 17 años, con 44,74 % (17), y la menor, en el grupo de 0 a 5 años, con 13,16 % (5).

Conclusiones. La frecuencia de infección por *T. cruzi* en niños de las comunidades indígenas estudiadas, fue mayor, en comparación con el reporte de otros estudios (2000 a 2009). El diagnóstico serológico de enfermedad de Chagas para indígenas en Colombia, continúa siendo un factor limitante en términos de accesibilidad e interés por parte de las entidades públicas territoriales.

..... ☞☞☞

Tema 10

EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR

167. First description of *Entamoeba moshkovskii* in a rural area from central Colombia

Myriam Consuelo López¹, Cielo M. León^{1,2}, Jairo Fonseca¹, Patricia Reyes¹, Ligia Moncada¹,
Mario J. Olivera², Juan David Ramírez²

¹Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

²Grupo de Investigaciones Microbiológicas-UR (GIMUR), Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

Introduction. *Entamoeba histolytica*, *E. dispar* and *E. moshkovskii* are the most frequent species described in human infection where *E. histolytica* is the only true pathogen. The epidemiology of this infection is complex due to the absence of a routine exam that allows a correct discrimination of the *Entamoeba* species complex. Therefore, molecular methods appear as the unique epidemiological tool to accomplish the species discrimination. Herein, we conducted a cross-sectional study to determine the frequency of *Entamoeba* species infections in a group of asymptomatic individuals from a rural area in central Colombia.

Materials and methods. A total of 181 fecal samples from asymptomatic children under 16 years old from the hamlet La Virgen, Cundinamarca (Colombia) that voluntarily accepted to participate in the study were collected. The fecal samples were examined by light microscopy and DNA-extracted, subsequently submitted to molecular discrimination of *E. dispar*/*E. histolytica*/*E. moshkovskii* infection based on a multiplex PCR assay targeting the 18S

rRNA fragment. To confirm the species description, twenty samples were randomly submitted to DNA sequencing of the afore-mentioned fragment.

Results. By direct microscopic examination, frequency of the complex *E. histolytica*/*E. dispar*/*E. moshkovskii* was 18.8% (34/181). PCR showed a frequency of 27.6% (50/181), discriminated as 23.2% (42/181) that were positive for *E. dispar*, 25.4% (46/181) for *E. moshkovskii* and 0.005% (1/181) for *E. histolytica*. Also, mixed infections were detected between *E. dispar* and *E. moshkovskii* at 0.04% (8/181) of the samples. Molecular barcoding confirmed the diagnosis depicted by the multiplex PCR assay.

Conclusions. This is the first description of *E. moshkovskii* in Colombia and the second report in South America to our knowledge. Our results suggest the need to unravel the true epidemiology of *Entamoeba* infections around the world including the real pathogenic role that *E. moshkovskii* may have.

..... ☙☙☙

168. Epidemiología molecular de poblaciones extradomésticas de *Trypanosoma cruzi* en una zona endémica del Caribe colombiano, con transmisión asociada a vectores no domiciliados

Omar Cantillo-Barraza¹, Andrés Gómez-Palacio¹, Paula Marcet², Omar Triana¹

¹Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas, BCEI, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

²Division of Parasitic Diseases and Malaria, Entomology Branch, Centers for Disease Control and Prevention (CDC), Atlanta, GA, USA

Introducción. El estudio de la transmisión de *Trypanosoma cruzi* asociada a vectores no domiciliados, requiere conocer los actores involucrados

(vectores y huéspedes), la diversidad biológica de las poblaciones de parásitos y los circuitos de transmisión que los aproximan a las viviendas.

Materiales y métodos. Se desarrolló un análisis de secuencias del gen *SL-IR* y de 9 *loci* microsatélites a 114 clones obtenidos a partir de seis cepas aisladas en el peridomicilio (4 de *Didelphis marsupialis* y 2 de *Triatoma maculata*) y seis cepas silvestres aisladas de *Rhodnius pallescens*, provenientes de la isla de Mompós, departamento de Bolívar. A partir de parámetros de diversidad y polimorfismo genético, se hicieron análisis de diferenciación entre clones según el ciclo de transmisión y el origen biológico y geográfico.

Resultados. Todos los clones pertenecieron a TcI y el genotipo TcIb fue predominante. Además, los resultados mostraron una gran diversidad de haplotipos sin asociación con ciclos de transmisión u origen biológico. Se identificó un total de 75 genotipos en los 114 clones analizados y se observaron patrones de multiclonalidad dentro de

los aislamientos. Los indicadores de diversidad genética mostraron valores similares entre los dos ciclos y no se encontró estructuración de población (Rst, $p < 0,05$). Finalmente, el mismo genotipo se encontró en *D. marsupialis* y *R. pallescens* de la misma localidad, lo cual indica el papel de *D. marsupialis* como dispersor de *T. cruzi* desde el extradomicilio al peridomicilio.

Conclusión. La zona presenta un único ciclo de transmisión que se extiende desde el medio silvestre hasta el peridomicilio. La gran diversidad genética encontrada dentro de un mismo individuo, ciclos de transmisión y zona geográfica, indica una alta intensidad de transmisión de *T. cruzi*. La presencia del mismo genotipo en *R. pallescens* y *D. marsupialis* sugiere el papel de este huésped como transportador de *T. cruzi* desde el extradomicilio al peridomicilio.

..... ☸☸☸

169. Evaluación de técnicas moleculares para el diagnóstico y la genotipificación de pacientes en todas las fases de la enfermedad de Chagas en Colombia

Carolina Hernández^{1,2}, Zulma Cucunubá^{1,2}, Carolina Flórez², Mario Olivera^{1,2}, Carlos Valencia^{1,2}, Pilar Zambrano², Diana Agreda^{1,2}, Rafael Herazo¹, Lesly Guasmayan², Juan David Ramírez³

¹ Red Chagas Colombia, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

³ Grupo de Investigaciones Microbiológicas-UR (GIMUR), Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Las técnicas moleculares son promisorias como pruebas de diagnóstico y seguimiento de la enfermedad de Chagas.

Objetivo. Evaluar el desempeño de las pruebas de reacción en cadena de la polimerasa convencional (PCRc) y PCR en tiempo real (qPCR) para el diagnóstico de la enfermedad de Chagas en Colombia.

Materiales y métodos. Se incluyeron 692 pacientes. Se hicieron pruebas directas, serológicas (IFI, ELISA, HAI) y moleculares, PCRc y qPCR multiplex, dirigidas al ADN satélite de *Trypanosoma cruzi*. Para la genotipificación, se amplificaron cinco blancos (SL-IR (2), 24s, 18s y A10). Se evaluaron capacidades operativas y precisión diagnóstica de las pruebas moleculares, mediante sensibilidad, especificidad, valor diagnóstico positivo (*Positive Predictive Value*, PPV), valor diagnóstico negativo (*Negative Predictive Value*, NPV) y área bajo la curva ROC.

Resultados. De los 692 pacientes, 70 se encontraban en fase aguda, 481 en fase crónica (278 indeterminada y 203 cardíaca) y 141 tenían serología negativa. Para la fase aguda, la qPCR presentó sensibilidad de 94,2 % (IC_{95%} 88,1-98,5), especificidad de 97,2 % (IC_{95%} 92,9-98,9), PPV de 94,3 % (IC_{95%} 86,4-97,7), NPV de 97,8 % (IC_{95%} 93,9-99,2) y AUROC de 0,95 (IC_{95%} 0,92-0,98); mientras que, la PCRc presentó sensibilidad de 84,3 % (IC_{95%} 74,0-90,9), especificidad de 97,2 % (IC_{95%} 92,9-98,8), PPV de 93,65 % (IC_{95%} 84,7-97,5), NPV de 92,57 % (IC_{95%} 87,1-95,8). En la fase crónica, la qPCR presentó sensibilidad de 64,2 % (IC_{95%} 59,8-68,4), especificidad de 97,2 % (IC_{95%} 92,93-98,89), PPV de 98,7 % (IC_{95%} 96,7-99,5), NPV de 44,3 % (IC_{95%} 38,9-49,9) y AUROC de 0,80 (IC_{95%} 0,77-0,83); mientras que, la PCRc tuvo sensibilidad de 56,8 % (IC_{95%} 52,3-61,1), especificidad de 97,2 % (IC_{95%} 92,9-98,8), PPV de 98,5 % (IC_{95%} 96,3-99,4) y NPV de 39,7 % (IC_{95%} 34,6-44,9). La mediana de carga parasitaria en fase aguda fue 5,24 (Q1-Q3: 2,2-18,8), mientras

que en los crónicos asintomáticos fue 3,0 (1,6-7,4) y, en los cardiopatas, 2,2 (1,3-7,2). Los genotipos más frecuentes en la fase aguda fueron TcI-silvestre/TcIII (68,5 %) y, en la crónica, TcI-doméstico/TcII (81,8 %).

Conclusiones. Las pruebas moleculares presentaron mayor capacidad diagnóstica en la fase aguda

que en la fase crónica, siendo la qPCR superior a la PCRc. A pesar de la alta especificidad de la qPCR en la fase crónica, su bajo desempeño está dado por los bajos valores de NPV y sensibilidad que, probablemente, son un reflejo de la fluctuación de la parasitemia en esta fase.



170. Evaluación de la diversidad genética de *Leishmania* mediante el análisis de secuencia de multilocus en Colombia, resultados preliminares

Jorge Andrés Cárdenas-Portilla^{1,2,3}, Carolina Hernández^{1,2}, Cielo M. León^{2,3}, Martha S. Ayala¹, Myriam Consuelo López³, Juan David Ramírez²

¹Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

²Grupo de Investigaciones Microbiológicas, Universidad del Rosario (GIMUR), Bogotá, D.C., Colombia

³Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. El análisis de secuencia de multilocus (*Multilocus Sequence Analysis*, MLSA) es una técnica molecular utilizada para evaluar la diversidad genética de las secuencias de microorganismos, midiendo cambios en la secuencia de una serie de nucleótidos de los genes de *housekeeping*. El MLSA se ha utilizado ampliamente en *Leishmania* spp. del Viejo Mundo, y para las Américas únicamente se han hecho dos estudios en Brasil y Argentina; la diversidad genética en Colombia, se desconoce.

Objetivo. Determinar la variabilidad genética y la distribución de alelos de aislamientos obtenidos en casos de leishmaniasis cutánea en Colombia, mediante MLSA.

Materiales y métodos. Se seleccionaron 200 aislamientos de *Leishmania* spp. asociados a leishmaniasis cutánea, previamente tipificados mediante isoenzimas (MLEE) y anticuerpos monoclonales. En esta primera fase, se hizo la secuenciación del gen citocromo B y, posteriormente, se complementará con tres marcadores nucleares (glucosa-6-fosfato deshidrogenasa, 6-fosfogluconato deshidrogenasa, manosa fosfato

isomerasa). Se identificaron y tipificaron mediante un Blastn en NCBI y reconstrucción filogenética, usando secuencias de referencia del GenBank.

Resultados. *Leishmania braziliensis*, *L. panamensis*, *L. guyanensis*, *L. amazonensis*, *L. equatoriensis*, *L. infantum*, *L. mexicana* y *L. peruviana* fueron las especies identificadas por secuenciación del gen citocromo B. Los aislamientos identificados como *L. peruviana*, se confirmaron posteriormente por el gen *HSP70*, como *L. braziliensis*. En el análisis del polimorfismo del ADN se encontró que, del total de las secuencias analizadas, había 11 haplotipos (haplotipo 1 y 2, los de mayor tamaño), la diversidad haplotípica fue de 0,541, la diversidad nucleotídica π fue de 0,02222 y la diversidad nucleotídica theta fue de 0,04460. Los haplotipos fueron definidos por 97 sitios polimorfos, 72 sitios parsimoniosos, 353 sitios conservados y 450 mutaciones para el citocromo B.

Conclusión. Se observó una diversidad conservada para los alelos encontrados. Sin embargo, el análisis posterior con los otros tres marcadores nucleares proveerá mayor información sobre la diversidad críptica de *Leishmania* spp. en Colombia.



171. Detección de infección natural por *Leishmania* spp. en poblaciones de flebotominos (Diptera: Psychodidae) de los Montes de María, Colombia

Natalia M. Lastre, Alveiro Pérez-Doria, Luis E. Paternina, Margaret Paternina-Gómez, Lily P. Martínez, Daniel Verbel-Vergara, Eduar E. Bejarano

Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. En la Costa Caribe colombiana, la leishmaniasis es un importante problema de salud pública debido al carácter endémico que presenta en áreas rurales y urbanas. Sin embargo, se desconocen los vectores involucrados en la transmisión de esta enfermedad, como consecuencia de las dificultades para la detección de los parásitos en poblaciones naturales de flebotominos.

Objetivo. Detectar e identificar las especies de *Leishmania* spp. que infectan a flebotominos en la subregión de los Montes de María.

Materiales y métodos. El estudio se desarrolló en el área urbana del municipio de Ovejas y en la zona rural del municipio de Los Palmitos. Para el muestreo se utilizaron trampas de luz de tipo

CDC. La infección natural se determinó mediante la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR), en grupos de hasta 20 hembras de la misma especie, lugar y fecha de captura. En la PCR se amplificó un segmento del gen citocromo b con los cebadores LCBF1 y LCBR2M.

Resultados. Se procesaron, por biología molecular, 936 grupos de flebotominos pertenecientes a nueve especies del género *Lutzomyia*. En total, se detectaron 47 grupos positivos, de los cuales 42 correspondieron a *Lu. panamensis* y 5, a *Lu. evansi*.

Conclusiones. Los resultados indican que tanto *Lu. panamensis* como *Lu. evansi* podrían desempeñarse como vectores domésticos en los Montes de María.

..... ☞☞☞

172. *Lutzomyia evansi* como vector permisivo de *Leishmania braziliensis* y *Leishmania infantum* en el departamento de Bolívar, Colombia

Luis Romero-Ricardo¹, Alveiro Pérez-Doria¹, Jorge Rodríguez¹, José Vergara¹, Ana Montesino¹, Lily Martínez¹, Suljei Cocherio^{1,2}, Luis Cortés³, Eduar Bejarano¹

¹ Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

² Secretaría Departamental de Salud de Sucre, Sincelejo, Colombia

³ Secretaría Departamental de Salud de Bolívar, Cartagena, Colombia

Introducción. En la subregión Montes de María de la Costa Caribe colombiana, *Lutzomyia evansi* es el vector primario de *Leishmania infantum*. Sin embargo, es poco lo que se sabe sobre los vectores de parásitos causantes de leishmaniasis cutánea.

Objetivo. Identificar los vectores que se infectan de forma natural con *Leishmania* spp. en la zona urbana del municipio del Carmen de Bolívar, con base en los reportes de casos urbanos autóctonos de esta enfermedad.

Materiales y métodos. Se hicieron cuatro muestreos en el municipio del Carmen de Bolívar, dos en época seca y dos en época de lluvias, con trampas de luz de tipo Shannon y por búsqueda directa en sitios de reposo. Las hembras recolectadas fueron disecadas para su identificación taxonómica y la búsqueda de parásitos flagelados en el intestino. Las especies de parásitos se identificaron mediante

análisis filogenético basado en secuencias de la región subtelomérica y del gen citocromo B.

Resultados. Se capturaron 1.466 hembras del género *Lutzomyia*. La especie más frecuente fue *Lu. evansi*, de la cual se encontraron dos individuos infectados con parásitos flagelados. La secuencia del gen citocromo B permitió identificar como *Le. infantum* a una de la cepas, mientras que la otra cepa se identificó como *Le. braziliensis* con la secuencia de la región subtelomérica, lo que corresponde a una tasa de infección de 0,07 % en cada caso.

Conclusiones. Estos resultados, sumados a la gran abundancia (99,25 %), la presencia en el domicilio y los hábitos antropofílicos de *Lu. evansi*, demuestran que este actúa como vector de ambas especies de parásitos en el área urbana del municipio del Carmen de Bolívar. Por lo tanto, estos datos se deben tener en cuenta a la hora de diseñar medidas de control vectorial de la enfermedad.

..... ☞☞☞

173. Epidemiología molecular de *Anopheles darlingi* en Colombia

Carol Yovanna Rosero¹, Gloria Isabel Jaramillo², Mauricio Corredor³

¹ Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, Pasto, Colombia

² Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, Villavicencio, Colombia

³ Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. *Anopheles darlingi* (Root, 1926) es el vector principal de malaria en el neotrópico, una especie muy antropofílica y eficiente en la transmisión de especies de *Plasmodium*.

Objetivo. Determinar, en Colombia, la existencia de estructuras genéticas en las poblaciones de esta especie.

Materiales y métodos. Se recolectaron hembras de cuatro poblaciones procedentes de las regiones oriental y occidental del país. El ADN se extrajo con el Ultraclean Tissue DNA Kit (Mobio) y se amplificó el gen *COI* usando cebadores de referencia UEA3 y UEA10. Las muestras amplificadas se cuantificaron por espectrofotómetro y se secuenciaron en MacroGen (Korea) en un equipo Applied Biosystem 3730XL. Las secuencias se analizaron mediante los programas Arlequin 3.5, Mega 6.06 y DNAsp 5.10.1.

Resultados. El análisis de 54 secuencias evidenció la presencia de 29 haplotipos (h) en un

fragmento de 483 pb. La diversidad haplotípica total (Hd) fue igual a 0,952, observándose mayor diversidad (Hd=1,0) en la población de Mitú (Vaupés). El número de haplotipos fue mayor en las poblaciones del occidente (h=20) que en las de oriente (h=13). El ANOVA evidenció alta diferenciación genética (Fst=0,162; p<0,05) entre las poblaciones de estudio. La diferenciación entre pares de poblaciones, resultó mayor entre Las Margaritas (Santander) y Mitú (Fst=0,393; p<0,05) y no se presentó entre Inírida (Guainía) y Mitú (Fst=-0,065; p<0,05).

Conclusiones. Según los resultados de este estudio, la gran diversidad genética observada podría explicarse por la diversidad genética de la distribución en el neotrópico y no se basa en la hipótesis de los refugios, originalmente propuesta por otros autores, sino que es el resultado de la formación de distintas poblaciones durante el pleistoceno, por la elevación de los Andes.

..... ☞☞☞

174. Infección natural de *Panstrongylus geniculatus* con *Trypanosoma cruzi* en el área urbana de Sincelejo, Sucre

Luis Romero-Ricardo, José Vergara, Lily Martínez, Alveiro Pérez-Doria, Eduar Bejarano

Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. En la Costa Caribe colombiana se han registrado más de ocho especies vectoras de *Trypanosoma cruzi*, agente causal de la enfermedad de Chagas, cuatro de las cuales se encuentran en el departamento de Sucre. Sin embargo, es poco lo que se sabe de la detección de infección natural de estos insectos en áreas urbanas de este departamento.

Objetivo. Estudiar los vectores presentes en el área urbana del municipio de Sincelejo, Sucre.

Materiales y métodos. Los insectos fueron capturados de forma casual por habitantes en el intradomicilio, en la zona urbana del municipio de Sincelejo. Se identificaron mediante las claves propuestas por Lent y Wygodzinsky (1979). La

detección de infección natural con *Trypanosoma* spp. se hizo mediante observación microscópica de heces de los reduvidos. Posteriormente, se extrajo el ADN de los parásitos. La detección y caracterización molecular de *T. cruzi*, se llevaron a cabo mediante la amplificación de una región repetitiva nuclear de *T. cruzi* y por secuenciación del gen ribosómico 18S.

Resultados. Se capturaron e identificaron ocho individuos *Panstrongylus geniculatus* y en las heces de todos ellos se observaron parásitos flagelados con formas tripomastigotes y epimastigotes. En la detección de *T. cruzi*, la región repetitiva nuclear mostró fragmentos del tamaño esperado (aproximadamente, 188 pb); las secuencias del

gen ribosómico 18S presentaron un 99 % de cobertura y entre 90 y 95 % de identidad, al ser comparadas con cepas de *T. cruzi* reportadas en el GenBank.

Conclusiones. En áreas urbanas del municipio de Sincelejo, existen poblaciones de *P. geniculatus* infectadas con *T. cruzi*, lo que implica un riesgo para la población humana.



175. Utilidad de la PCR-RFLP para la tipificación de especies de *Leishmania* en Colombia, ¿posible estándar de referencia?

Clemencia Ovalle-Bracho, Carolina Camargo-Paredes, Yira Díaz-Toro, Marcela Parra-Muñoz

Hospital Universitario, Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La electroforesis de enzimas de multilocus (*Multilocus Enzyme Electrophoresis*, MLEE) se considera el estándar de referencia para la tipificación de especies de *Leishmania*. Sin embargo, la prueba está restringida a laboratorios especializados por su complejidad técnica, costos y tiempo para obtener resultados. En el Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta, la metodología de tipificación validada es la reacción en cadena de la polimerasa (PCR-RFLP).

Objetivo. Establecer la concordancia entre las dos pruebas como métodos de tipificación a partir de aislamientos clínicos, para especies circulantes en Colombia.

Materiales y métodos. Se seleccionaron 96 aislamientos provenientes de pacientes con leishmaniasis cutánea o mucocutánea, de 51 municipios asociados a 15 departamentos del país. Las muestras fueron tipificadas por MLEE, utilizando 7 isoenzimas. Los mismos aislamientos fueron tipificados por PCR-RFLP con los blancos moleculares miniexón y Hsp70, usados

en conjunto. Las enzimas de restricción aplicadas fueron *HaeIII* y *Bccl*, respectivamente. El 74 % de los resultados obtenidos por PCR-RFLP se confirmaron por secuenciación. La concordancia entre MLEE y PCR-RFLP se calculó mediante el coeficiente kappa de Cohen y su respectivo IC₉₅%, utilizando el programa Stata IC 13.

Resultados. Las especies identificadas a partir de los 96 aislamientos por MLEE y PCR-RFLP, fueron *L. (V.) braziliensis*, *L. (V.) panamensis*, *L. (V.) guyanensis* y *L. (L.) amazonensis*. La secuenciación confirmó todos los resultados de tipificación obtenidos por PCR-RFLP. En el análisis estadístico, la concordancia fue muy buena según los criterios de Landis y Koch, al obtener un coeficiente de 0,98 (IC_{95%} 0,98-1,00).

Conclusión. Dada la concordancia obtenida entre las pruebas evaluadas, la PCR-RFLP usada con los blancos moleculares miniexón y Hsp70, puede considerarse una alternativa para la tipificación de las especies de *Leishmania* circulantes en Colombia, al alcance de un mayor número de laboratorios en el país.



176. Caracterización molecular de genotipos de *Trypanosoma cruzi* I causantes de brotes agudos de enfermedad de Chagas en el departamento de Santander

Sergio Gómez, Martha Díaz, Clara González

Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

Introducción. *Trypanosoma cruzi* se ha clasificado en seis unidades discretas de tipificación y TcI; la unidad discreta de tipificación más frecuente en Colombia, se ha subdividido en cinco genotipos (TcIa-TcIe). La variabilidad genética del

parásito podría correlacionarse con los ciclos de transmisión. La enfermedad aguda de Chagas es una enfermedad reemergente en Santander. Sin embargo, se desconoce la epidemiología molecular de los brotes presentados.

Objetivo. Caracterizar molecularmente aislamientos de TcI responsables de seis brotes de enfermedad aguda de Chagas en el departamento de Santander durante el periodo 2008-2012.

Materiales y métodos. Se hizo la genotipificación de 12 aislamientos de *T. cruzi*, obtenidos de pacientes de cinco municipios de baja endemia y clasificados como TcI por amplificación de siete marcadores, mediante secuenciación del motivo (GT)_n (ATGT)_n (AT)_n (GT)_n del gen miniexón y el gen mitocondrial del citocromo B. Las secuencias se alinearon en BioEdit 7.2.0., usando la plataforma ClustalW.

Resultados. En cinco aislamientos se presentó homología con el genotipo G2 y, en tres, con el G11 (TcIb y TcId, respectivamente) del miniexón.

Once aislamientos se clasificaron como genotipo C según el citocromo B y un subgrupo de seis presentó la variación (SNP) T/C en la posición 232. Los demás aislamientos no mostraron homología con los marcadores evaluados.

Conclusiones. Todos los genotipos de TcI identificados se han relacionado con el ciclo de transmisión selvático. Sin embargo, en las residencias periurbanas y rurales de los pacientes, no refieren vectores domiciliados. Esto sugiere que las poblaciones de *T. cruzi* circulantes en los cinco municipios, provienen de ecótopos externos y, debido a la superposición de los ciclos de transmisión, los humanos podrían infectarse con genotipos transportados por reservorios y vectores silvestres presentes en áreas boscosas contiguas a las viviendas.

..... ☼☼☼

177. Polimorfismo de los genes *Pfmsp-1*, *Pfmsp-2* y *Pf-glurp* en aislamientos clínicos de *Plasmodium falciparum* en Córdoba, Colombia

Virginia Rodríguez, Carlos Castro, María Yasnot, Luis Urango, Dafer Pérez

Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

Introducción. Las poblaciones de *Plasmodium falciparum* que se encuentran en un huésped son genéticamente diversas y varían de una región a otra. Su gran polimorfismo les permite evadir la respuesta inmunológica del huésped, diseminar la resistencia y favorecer la transmisión. Con marcadores moleculares, como el gen que codifica la proteína rica en glutamato (GLURP), y los genes de las proteínas de superficie del merozoito 1 y 2 (MSP 1, MSP2), se mide la diversidad genética de *P. falciparum*.

Objetivo. Determinar el polimorfismo de los genes *Pfmsp-1*, *Pfmsp-2* y *Pf-glurp* de *P. falciparum*, en pacientes con malaria en tres municipios de Córdoba.

Materiales y métodos. Se captaron 45 pacientes febriles con sospecha clínica de malaria, provenientes de los municipios de Montelíbano, Puerto Libertador y Tierralta. En las muestras con confirmación por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) como positivas para *P.*

falciparum, mediante PCR anidada, se buscaron las diferentes familias alélicas y el polimorfismo en el tamaño de los fragmentos de amplificación de los genes *Pfmsp-1*, *Pfmsp-2* y *Pf-glurp*. Se analizó mediante estadística descriptiva.

Resultados. En la población estudiada se encontraron las variantes alélicas MAD20 y RO33 para el gen *Pfmsp-1* y predominó MAD20, con el 77,79 % (35/45). La variante alélica K1 no se encontró. Para el gen *Pfmsp-2* se evidenció la presencia de las familias alélicas IC/3D7 y FC27, distribuidas de manera similar en la población de estudio. El polimorfismo del gen *Pf-glurp* permitió establecer la circulación de tres diferentes variantes alélicas (690 pb, 740 pb y 790 pb).

Conclusiones. El polimorfismo de los genes *Pfmsp1*, *Pfmsp2* y *Pf-glurp* brinda información valiosa que permite evidenciar fácilmente las variaciones entre las poblaciones de *P. falciparum* que circulan en esta zona del país, así como determinar la presencia de infecciones múltiples.

..... ☼☼☼

178. Polimorfismo genético del gen *Pvmsp-3α* de *Plasmodium vivax* en áreas con alto riesgo de malaria en Córdoba, Colombia

Carlos Castro, Virginia Rodríguez, María F. Yasnot

Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

Introducción. La diversidad genética de las poblaciones naturales de parásitos de *Plasmodium vivax* en áreas con gran riesgo de malaria en Córdoba (Colombia) fue estudiada mediante reacción en cadena de la polimerasa por el polimorfismo en la longitud de los fragmentos de restricción (PCR-RFLP) de la región variable del gen *Pvmsp-3α*.

Materiales y métodos. Se recolectaron 125 muestras de sangre a partir de pacientes con *P. vivax* que residían en los municipios de Tierralta, Puerto Libertador, Montelíbano, Moñitos y Tuchín. Se extrajo el ADN utilizando Chelex-100. La infección por *P. vivax* se confirmó mediante PCR anidada para amplificar un fragmento de 120 pb específico de *P. vivax*; en el caso de *P. falciparum*, el tamaño del producto de PCR que se debía obtener era de 205 pb. En las muestras con confirmación de *P. vivax*, se practicó la PCR-RFLP para el gen *Pvmsp-3α*; las enzimas de restricción utilizadas fueron *Alu I* y *Hha I*.

Resultados. De las 125 muestras analizadas por PCR anidada para el gen *Pvmsp-3α*, se amplificaron 116. El tamaño de los productos de PCR del gen *Pvmsp-3α* permitió evidenciar la circulación de tres diferentes genotipos (A, B y C). El 97,4 % de las muestras tenían infecciones simples y, el 2, 6 %, infecciones policlonales. La digestión de los productos de PCR del gen *Pvmsp-3α* con la enzima *Alu I*, mostró 10 diferentes patrones de restricción y 9 con la enzima *Hha I*. Los resultados de la restricción enzimática de las 113 muestras analizadas, revelaron que 35,3 % y 41,6 % de estas muestras presentaban infecciones policlonales.

Conclusiones. El gen *Pvmsp-3α* exhibió gran polimorfismo y las infecciones policlonales en la población estudiada tienen una gran frecuencia. Los resultados sugieren que este gen puede ser utilizado en Colombia como un marcador molecular epidemiológico para la genotipificación de *P. vivax*.

..... ☸ ☸ ☸

179. Detección molecular por qRT-PCR del virus del dengue en el departamento de Sucre

Sindy Martínez, Erwin Camacho, Sindy Cabarca, Pedro Blanco

Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. El dengue se considera la enfermedad viral transmitida por vectores más importante en los seres humanos. La rápida expansión y la distribución del dengue hacen de esta enfermedad un problema de salud pública con una gran carga económica e impacto social en los países donde se producen grandes epidemias.

Objetivo. Detectar los serotipos del virus del dengue presentes en el departamento de Sucre y determinar la presencia de anticuerpos específicos contra este virus.

Materiales y métodos. Se recolectaron 294 muestras sanguíneas de personas con síndrome febril indicativo de dengue, a las cuales se extrajo el ARN viral. El genoma del virus se detectó por reacción en cadena de la polimerasa, qRT-PCR, con cebadores dirigidos a la región 3' NC, conservada

en los cuatro serotipos. Se incluyeron cebadores para la expresión del gen *RNase P*, como control interno de la reacción. A las muestras positivas se les hizo tipificación con cebadores específicos de serotipos. Además, se detectaron los anticuerpos IgM e IgG específicos contra dengue mediante ELISA de captura.

Resultados. De las muestras analizadas, 53,4 % fueron positivas para virus del dengue (DENV). La detección de dengue por qRT-PCR se pudo hacer en muestras tomadas de los 1 a 18 días de aparición de los síntomas. Se encontraron los serotipos 1, 2, y 3, siendo este último el más frecuente. Hubo niveles detectables de IgM en 158 (49,22 %) de las muestras de suero y, de IgG, en 112 (35 %). Los anticuerpos IgM e IgG específicos para DENV se pudieron detectar desde los 5 hasta los 13 días.

Conclusiones. Los datos de este estudio demuestran que la técnica de qRT-PCR es sensible para la detección y la tipificación de DENV en muestras

clínicas sospechosas de infección por dengue. Se determinó la circulación de tres serotipos durante el periodo de estudio.

..... ☙☙☙

180. Prevalencia de infección por virus del papiloma humano 16 y 18 en mujeres con anormalidades citológicas del departamento de Sucre

Lercy Álvarez, Julia Pérez, Jussep Salgado, Pedro Blanco, Anais Castellar

Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. La persistencia de infección por los virus del papiloma humano (HPV) 16 y 18, es un factor de riesgo para el cáncer de cuello uterino.

Objetivo. Evaluar la prevalencia de los genotipos de HPV-16 y -18, en mujeres con lesión intraepitelial de bajo grado o atipia de significado indeterminado, en el departamento de Sucre.

Materiales y métodos. Entre noviembre de 2012 y febrero de 2014, se recolectaron 371 muestras de raspado endocervical de pacientes con anormalidades del cuello uterino de los municipios de Sincelejo, Tolú y San Marcos, a las que se les practicó detección genérica del HPV empleando el iniciador PGMY09/11. Para la genotipificación de los HPV-16 y -18, se emplearon sondas Scorpion específicas y controles positivos. Se determinó la prevalencia de infección por HPV para el departamento de Sucre y por municipio de estudio, discriminada por lesión y por genotipo.

Resultados. El 72,4 % y el 68,5 % de las mujeres fueron positivas para HPV-16 y HPV-

18, respectivamente. La frecuencia de infección por HPV oncogénico es comparable con los hallazgos de otros autores. Sin embargo, existen diferencias en prevalencia que podrían deberse a las características de la población o a las metodologías empleadas en cada estudio. La gran prevalencia de HPV-16/18 demuestra una alta tasa de infección por genotipos oncogénicos en mujeres con lesión intraepitelial de bajo grado y evidencia el riesgo que presentan aquellas con atipia de significado indeterminado de desarrollar un cáncer de cuello uterino.

Conclusiones. Se demuestra que los métodos de biología molecular, como la reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa, qPCR, debido a su alta sensibilidad, se podrían utilizar en pacientes con atipia de significado indeterminado para la prevención del cáncer de cuello uterino y que la genotipificación HPV-16/18 puede utilizarse para evaluar el riesgo en mujeres que presentan resultados citológicos anormales.

..... ☙☙☙

Tema 11

INTERACCIÓN ENTRE HUÉSPED Y PATÓGENO

181. Análisis proteómico de la hemolinfa de *Rhodnius prolixus* y posibles implicaciones en la transmisión selectiva de genotipos de *Trypanosoma rangeli* y *Trypanosoma cruzi* en América Latina

Yazmín Suárez¹, Clara González², Sneider Gutiérrez¹, Jenny Olaya¹, Diego Moncada³, Martha Díaz², Carlos Robello⁴, Marta Teixeira⁵, Julio Carranza¹, Gustavo Vallejo¹

¹Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

²Grupo de Inmunología y Epidemiología Molecular, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

³Grupo de Investigación GEPAMOL, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

⁴Instituto Pasteur, Montevideo, Uruguay

⁵Instituto de Ciencias Biomédicas de la Universidad de São Paulo, São Paulo, Brasil

Introducción. En estudios recientes se han demostrado asociaciones específicas entre diferentes especies de triatomíneos con genotipos de *Trypanosoma cruzi* y *Trypanosoma rangeli*. En la hemolinfa de *Rhodnius prolixus* se han observado factores líticos que afectan selectivamente algunos genotipos de estos parásitos.

Materiales y métodos. Se evaluó la presencia de actividad lítica en la hemolinfa de ocho especies de triatomíneos. La actividad lítica en la hemolinfa de *R. prolixus* y *R. robustus* se evaluó contra *T. cruzi* I-VI, *T. cruzi* bat y *T. cruzi* marinkellei y contra *T. rangeli* KP1 (+) y KP1 (-). Se hizo un análisis proteómico de la hemolinfa de *R. prolixus*, para identificar candidatos de la respuesta inmunológica posiblemente asociados con la actividad lítica. Se analizaron las hemolinfas de insectos sanos e insectos infectados con genotipos de *T. cruzi* y *T. rangeli*.

Resultados. Se demostró, de manera exclusiva, la presencia de actividad lítica diferencial contra

genotipos de *T. cruzi* y *T. rangeli*, en la hemolinfa de *R. prolixus* y *R. robustus*. Se observó un efecto lítico contra *T. cruzi* II, V y VI, *T. cruzi* bat y *T. cruzi* marinkellei, y contra la subpoblación *T. rangeli* KP1 (-). En el proteoma de la hemolinfa de *R. prolixus*, se identificaron proteínas implicadas en diferentes rutas metabólicas. Se identificaron proteínas de la respuesta inmune del tipo serina proteasas e inhibidores de serina proteasas, que se activan como reacción a la infección. Además, se identificó una serpina característica de *R. prolixus*, que está ausente en la hemolinfa de vectores que carecen de actividad lítica.

Conclusiones. Los factores inmunológicos encontrados pueden intervenir en la activación de cascadas enzimáticas, como el sistema profenol oxidasa, una vía que hace parte de la inmunidad celular y humoral en *R. prolixus* y *R. robustus*. Estos factores podrían estar involucrados en la lisis diferencial de la hemolinfa.

..... ☞☞☞

182. Capacidad patógena de los genotipos de *Trypanosoma rangeli* KP1 (+)/A y KP1 (-)/C para tres especies del género *Rhodnius* (*R. prolixus*, *R. colombiensis* y *R. pallescens*), infectadas por vía oral e intracelómica

Sneider Alexander Gutiérrez, Jenny Lorena Olaya, Yazmín Suárez, Julio César Carranza, Gustavo Adolfo Vallejo

Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

Introducción. *Trypanosoma rangeli* es uno de los tripanosomas de importancia epidemiológica

en América Latina, considerado inocuo para los vertebrados pero patógeno para los vectores

del género *Rhodnius*. Se desconoce el grado de capacidad patógena de los genotipos de *T. rangeli* KP1 (+) y KP1 (-) para los vectores en Colombia.

Objetivo. Estudiar la capacidad patógena de las subpoblaciones de *T. rangeli* KP1 (+)/A y KP1 (-)/C para los vectores *R. prolixus*, *R. colombiensis* y *R. pallescens*.

Materiales y métodos. Las cepas Choachí, Xe9c12 y Ortq09-1 de *T. rangeli*, se caracterizaron molecularmente por amplificación de los mini-círculos del kADN y del gen miniexón. Se evaluó el desarrollo de los parásitos en la hemolinfa de los vectores, mediante análisis de perfiles para mediciones repetidas ($IC_{95\%}$). Se infectaron ninfas de quinto estadio de las tres especies de vectores por vía oral (n=80) e intracelómica (n=22), con cepas de *T. rangeli* KP1 (+)/A y KP1 (-)/C, para evaluar la mortalidad como índice de capacidad patógena. Para la estimación estadística se usó

la prueba de proporciones binomiales, empleando el método de Blyth-Hutchinson ($IC_{95\%}$).

Resultados. Las cepas de *T. rangeli* KP1 (-)/C culminaron exclusivamente el ciclo en los vectores del grupo *pallescens* de origen local. Como una reacción innata del vector frente a la infección, se confirmó la presencia de actividad lítica solamente en *R. prolixus* sobre los epimastigotes cortos de *T. rangeli* KP1 (-)/C. La mayoría de los tratamientos mostraron aumento en la mortalidad tras infecciones orales, las cuales simulaban una infección natural. El elevado parasitismo observado en la hemolinfa de vectores infectados por vía intracelómica, se asoció con retrasos en la muda.

Conclusión. Ambos genotipos de *T. rangeli* inducen aumento en la mortalidad de los vectores evaluados, aun cuando las cepas no invaden la hemolinfa, lo cual indica que la capacidad patógena para el vector también se ejerce a nivel intestinal.



183. Metaciclologénesis *in vivo* de *Trypanosoma cruzi* I (Tcl) y *T. cruzi* II (TcII) en *Rhodnius prolixus*, *R. colombiensis*, *R. pallescens*, *R. robustus* y *Triatoma maculata* (Hemiptera: Reduviidae), como parámetro para evaluar su competencia vectorial

Karina Rueda¹, Jorge Eduardo Trujillo¹, Marleny Montilla², Martha Teixeira³, Julio César Carranza¹, Jairo Alfonso Clavijo⁴, Gustavo Adolfo Vallejo¹

¹ Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical, Facultad de Ciencias, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

² Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

³ Instituto de Ciências Biomédicas, Universidad de São Paulo, São Paulo, Brasil

⁴ Departamento de Matemáticas y Estadística, Facultad de Ciencias, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

Introducción. El proceso de metaciclologénesis es un paso esencial en el ciclo de vida de *Trypanosoma cruzi*, ya que por medio de él se da origen a estadios de tripomastigotes metacíclicos en el recto del vector. De acuerdo con lo anterior, la tasa de metaciclologénesis puede usarse como un parámetro para medir la eficacia en la transmisión del parásito en los vectores.

Objetivo. Evaluar la metaciclologénesis de los genotipos Tcl y TcII en los vectores *Rhodnius prolixus*, *R. colombiensis*, *R. pallescens*, *R. robustus* y *Triatoma maculata*.

Materiales y métodos. Se alimentaron ninfas de quinto estadio sobre ratones (*Mus musculus*) infectados con los genotipos Tcl (cepa MHOM/C0/04/MG) y TcII (cepa Y). Se contó el número de tripomastigotes metacíclicos presentes en la

ampolla rectal de los insectos, empleando el hemocitómetro de Neubauer (semanas 2, 4, 6, 8 y 10 después de la infección). El análisis estadístico se hizo mediante ANOVA y análisis de perfiles para mediciones repetidas.

Resultados. Con excepción de *R. pallescens*, todas las especies de triatomos estudiadas presentaron un promedio de tripomastigotes metacíclicos de Tcl significativamente superior al de TcII. *Rhodnius prolixus* presentó el mayor promedio de tripomastigotes metacíclicos de Tcl, entre los triatomos estudiados. Las tasas de metaciclologénesis de TcII variaron entre los insectos triatomos, con un promedio de tripomastigotes metacíclicos significativamente superior en el vector *R. pallescens*. En el caso de *T. maculata*, el promedio de tripomastigotes metacíclicos de TcII fue de cero.

Conclusiones. La mayoría de las especies del género *Rhodnius* estudiadas, mostraron un mayor potencial vectorial en la transmisión de TcI,

comparado con TcII. Por el contrario, en el vector *R. pallescens* se evidencia un mayor potencial vectorial para TcII.

..... ☞☞☞

184. Efecto de los extractos del intestino de siete especies de triatominos sobre la metaciclologénesis *in vitro* de *Trypanosoma cruzi* I y *T. cruzi* II

Jorge Eduardo Trujillo¹, Karina Rueda¹, Marleny Montilla², Martha Teixeira³, Julio César Carranza¹, Jairo Alfonso Clavijo⁴, Gustavo Adolfo Vallejo¹

¹ Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical, Facultad de Ciencias, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

² Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

³ Instituto de Ciências Biomédicas, Universidad de São Paulo, São Paulo, Brasil

⁴ Departamento de Matemáticas y Estadística, Facultad de Ciencias, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

Introducción. La tasa de metaciclologénesis es un parámetro importante que permite evaluar la capacidad de los triatominos para transmitir el parásito *Trypanosoma cruzi*. Dicho proceso es alterado por la interacción del parásito con distintos factores del intestino del vector y esto puede provocar una transmisión diferencial de las poblaciones del parásito.

Objetivo. Evaluar el efecto de extractos de tres regiones intestinales sobre la metaciclologénesis de TcI y TcII, en siete especies de triatominos.

Materiales y métodos. A veinte ninfas de quinto estadio de *Rhodnius pallescens*, *R. colombiensis*, *R. prolixus*, *R. robustus*, *Triatoma maculata*, *T. dimidiata* y *Panstrongylus geniculatus*, se les extrajo y maceró independientemente en PBS, el estómago, el intestino y el recto. Estos extractos fueron esterilizados mediante filtración. Se mezclaron 10 µl de suspensión con 3 x 10⁷ epimastigotes/ml de TcI (MHOM/CO/04/MG) y TcII (Y), en 40 µl de cada extracto; se incubaron a 28 °C y se efectuaron

recuentos semanales de las distintas formas durante tres semanas. Los análisis estadísticos se realizaron mediante ANOVA y análisis de perfiles para medidas repetidas.

Resultados. En la mayoría de las especies, el promedio de tripomastigotes generados con el extracto de recto, presentó diferencias significativas con el de estómago y el intestino. La cantidad de tripomastigotes de TcI fue mayor que TcII, exceptuando a *T. maculata* y *P. geniculatus*, en los cuales no hubo diferencia entre ambos genotipos. Además, *P. geniculatus* presentó la media más alta de tripomastigotes de TcII, mientras que *T. maculata* presentó los promedios más bajos con ambos genotipos.

Conclusiones. El extracto de recto posee factores que estimulan la metaciclologénesis. *Triatoma maculata* exhibe un potencial vectorial poco eficiente para la transmisión de ambos genotipos y *P. geniculatus* podría ser un buen vector de TcII en Colombia.

..... ☞☞☞

185. Análisis de variación estructural genómica de una cepa de *Leishmania panamensis* establecida en modelo de ratones que muestran fenotipo similar al de la leishmaniasis cutánea en humanos

Daniel Urrea^{1,7}, Hideo Imamura², Juan Alzate^{3,4}, Jorge Duitama⁵, Andrés Gómez-Palacio¹, José Ramírez-Pineda⁶, Jean-Claude Dujardin², Omar Triana¹

¹ Grupo de Biología y Control de Enfermedades Infecciosas, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Institute of Tropical Medicine, Antwerpen, Belgium

³ Grupo de Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁴ Centro Nacional de Secuenciación Genómica, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁵ Área de Investigación en Agrobiodiversidad, Centro Internacional de Agricultura Tropical, Cali, Colombia

⁶ Grupo de Inmunomodulación, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁷ Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

Introducción. Un aspecto clave en la lucha contra la leishmaniasis, es encontrar un buen modelo animal que permita valorar nuevos y potenciales medicamentos leishmanicidas y nuevas potenciales vacunas, y permita estudiar los mecanismos moleculares que generan la lesión.

Objetivo. Reportar el análisis genómico estructural de una cepa de *Leishmania panamensis* que produce lesiones con gran carga parasitaria y reproduce varias de las características de la leishmaniasis cutánea humana en un modelo de ratón, y su comparación con el genoma para la especie previamente reportado.

Materiales y métodos. El genoma se obtuvo siguiendo la ruta de trabajo PAGIT (*Post Assembly Genome Improvement Toolkit*) del Sanger Institute y, finalmente, se revisó manualmente. El análisis estructural se llevó a cabo empleando los programas NGSEP (*Next-Generation Sequencing Eclipse Plug-in*), SAMtools y *scripts* propios, con los cuales se analizaron variables estructurales como ploidia, variación en número de copias génicas, presencia de polimorfismo de un solo nucleótido y variantes de un solo nucleótido (*Simple Nucleotide*

Polymorphism, SNP) en regiones codificadoras y presencia de elementos extracromosómicos.

Resultados. El análisis de ploidia mostró que la cepa es predominantemente diploide. Sin embargo, se encontraron diferencias en los cromosomas 4, 23 y 30 con relación al genoma de *L. panamensis* previamente reportado. Además, se encontraron diferencias en el número de copias de minicromosomas y en algunos genes como amastinas, tuzinas, alfa-tubulina, cinesinas, enzimas involucradas en 'ubiquitinación', transportadores ABC, HSP70, factores de traducción, dineína y proteínas asociadas a ciclo celular, entre otras. La búsqueda de variantes de un solo nucleótido mostró que el genoma de la cepa que genera lesión en el ratón, es 39 % más variable en comparación con el genoma previamente reportado.

Conclusiones. Los resultados muestran que el análisis estructural del genoma de esta cepa establecida en modelo de ratón, sustenta estudios previos que sugieren que las principales diferencias fenotípicas vistas en el género *Leishmania* están asociadas a la plasticidad de su genoma.

..... ☸☸☸

186. Reconocimiento de componentes parasitarios de *Plasmodium falciparum* en la activación del sistema inmunológico innato

Álvaro Lasso¹, Douglas Golenbock², Carolina Gallego¹

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, CIDEIM, Cali Colombia

² University of Massachusetts Medical School, Worcester, MA, USA

Introducción. La malaria afecta a miles de personas en el mundo y una prioridad de investigación es la búsqueda de nuevas intervenciones terapéuticas y

profilácticas, dado que no se dispone de una vacuna efectiva. La enfermedad se caracteriza por una respuesta proinflamatoria exacerbada, producto

de la activación del sistema inmunológico innato. Dos moléculas de *Plasmodium* spp. son cruciales para la activación inmunológica: el ADN del parásito y la hemozoína. Estas moléculas pueden alcanzar el citoplasma de la célula huésped y ser detectadas por sensores citoplásmicos.

Objetivo. Determinar si productos de *Plasmodium falciparum* acoplados a ADN activan la respuesta inmunológica innata mediada por interferones de tipo I, en células THP-1.

Materiales y métodos. Se expusieron células de la línea monocítica THP-1, durante seis horas, a productos de *P. falciparum*: ADN, hemozoína natural y eritrocitos parasitados. Se usó la estimulación con virus sendai y lipopolisacárido como control de activación de la expresión de interferones. Se extrajo ARN y, posteriormente, se sintetizó ADNc. Se evaluó la expresión del gen

para IFN β por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en tiempo real, usando la expresión del gen para B-actina como normalizador. Se evaluaron las diferencias de expresión entre estímulos y la expresión de genes en los tratamientos control.

Resultados. La exposición de células THP-1 al ADN y la hemozoína natural de *P. falciparum* indujeron la expresión de IFN β de manera significativa, mientras que la exposición a eritrocitos infectados no indujo una expresión considerable de IFN β .

Conclusiones. La fuerte inducción de la expresión de IFN β en células como reacción a la hemozoína y el ADN, sugiere que estos componentes de *Plasmodium* spp. son detectados por sensores citoplásmicos que activan la señalización de interferones durante la infección. Este mecanismo de activación innata podría participar en la patogénesis de la malaria.

..... ☯☯☯

187. Efecto de la proteína ROP16 de *Toxoplasma gondii* sobre los factores de transcripción STAT6/3 en individuos con toxoplasmosis ocular

Alejandro Hernández, Mateo Murillo, Jorge Enrique Gómez

Grupo de Estudio en Parasitología Molecular, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

Introducción. La toxoplasmosis ocular en Suramérica se caracteriza por la presencia de cepas polimorfas que causan grandes lesiones oculares y que, al parecer, tienen la capacidad de desviar la reacción inmunológica a Th2. La invasión y la supervivencia de *Toxoplasma gondii* dentro de la célula huésped, involucran una secreción concertada de proteínas. Una de estas proteínas es la ROP16, la cual mimetiza la acción de las JAK, fosforilando los factores de transcripción STAT3 y STAT6, que inhiben la inducción de IL-12 y limitan la respuesta protectora Th1 en ratones. Por lo tanto, queremos saber si la proteína ROP16 de *T. gondii* está interfiriendo los factores de transcripción de huéspedes con toxoplasmosis ocular en Suramérica.

Objetivo. Determinar el efecto de la proteína ROP16 de *T. gondii* sobre los factores de transcripción STAT3 y STAT6, en individuos con toxoplasmosis ocular.

Materiales y métodos. Se tomaron células mononucleares sanguíneas periféricas de individuos con toxoplasmosis ocular, crónicos, asintomáticos y negativos para toxoplasma. Estas células se cultivaron y estimularon con taquizoítos silvestres de la cepa RH y taquizoítos Δ ROP16, para determinar el papel de esta proteína en la fosforilación de STAT3/6 por medio de *Western blot* y correlacionarlo con la secreción de citocinas responsables de la respuesta Th1 (IL-12, IFN γ) y Th2 (IL-4, IL-10), por medio de la técnica ELISA.

Resultados. En individuos IgG negativos para *Toxoplasma* spp. y crónicos asintomáticos, se observa un incremento de IFN γ en células mononucleares sanguíneas periféricas estimuladas con taquizoítos Δ ROP16 respecto a las células estimuladas con taquizoítos silvestres de la cepa RH.

Conclusión. La proteína ROP16 de *T. gondii*, posiblemente, es uno de los factores involucrados en la manipulación de la vía STAT3/6.

..... ☯☯☯

188. Identificación de genes implicados en la inducción de daño hepático por *Fasciola hepatica*: análisis de la expresión génica mediante microarreglos

José Rojas-Caraballo^{1,2}, Julio López-Abán³, Pedro Fernández-Soto³, Belén Vicente³, Antonio Muro³

¹ Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, Santa Marta, Colombia

² Centro de Investigación en Salud para el Trópico, Santa Marta, Colombia

³ Instituto de Investigación Biomédica de Salamanca, Centro de Investigación de Enfermedades Tropicales de la Universidad de Salamanca (IBSAL-CIETUS), Facultad de Farmacia, Universidad de Salamanca, Salamanca, España

Introducción. La fasciolosis continúa siendo una de las trematodiasis de afectación animal y humana con mayor distribución a nivel mundial. La mayor incidencia en América Latina se encuentra concentrada en los países andinos, como Bolivia, Perú, Chile y Ecuador. Aunque se ha estudiado bastante la reacción inmunológica inducida por *Fasciola hepatica*, poco se sabe del perfil de expresión génica en el huésped definitivo durante las diferentes etapas de la infección, que causa la enfermedad característica.

Objetivo. Investigar el perfil de expresión génica en la etapa inicial de la infección y en etapas más avanzadas, en el hígado de ratones infectados utilizando microarreglos.

Metodología. Se utilizaron nueve ratones hembra BALB/c de seis semanas de edad. Seis ratones se infectaron por vía oral con siete metacercarias de *F. hepatica*, y tres se utilizaron como control y no recibieron ningún tratamiento. Los ratones se sacrificaron y sometieron a autopsia para extraer

el hígado, hacer el análisis histológico, extraer y purificar el ARN, elaborar el microarreglo y analizar el perfil de expresión génica en el día de la infección (t_0), y siete y veintiún días después de la infección (t_7) y (t_{21}), respectivamente.

Resultados. La infección causada por *F. hepatica* indujo la expresión diferencial de 436 genes: 128 en la fase inicial de la infección y 308 en etapas más avanzadas. El patrón de expresión génica demuestra que la mayoría de los genes diferencialmente expresados se encuentran sobrerregulados. El análisis bioinformático demostró que las rutas de señalización afectadas están asociadas con metabolismo, biosíntesis y degradación. Los genes con la mayor expresión diferencial se encuentran asociados a daño, toxicidad, fibrosis y muerte de hepatocitos.

Conclusión. Se identificaron los genes, y su perfil de expresión, que están implicados en la inducción del daño hepático en diferentes etapas de la infección por *F. hepatica* en un modelo de ratón.



Tema 12

PATOGÉNESIS DE ENFERMEDADES INFECCIOSAS

189. ¿Es factible un ensayo clínico de antagonismo neurohumoral en pacientes asintomáticos seropositivos a *Trypanosoma cruzi*? Patrones de prescripción y tolerancia

Eliana Váquiro¹, Consuelo Garavito¹, Juan Guillermo Pérez¹, Yeny Zulay Castellanos²,
Olga Lucía Cortés¹, Juan Carlos Villar^{1,2}

¹ Departamento de Investigaciones, Fundación Cardioinfantil-Instituto de Cardiología, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de Cardiología Preventiva, Universidad Autónoma de Bucaramanga, Bucaramanga, Colombia

Introducción. Aunque la recomendación de administrar ANH (betabloqueadores o antagonistas del sistema renina-angiotensina) en casos de falla cardíaca, sería para quienes tienen cardiomiopatía chagásica crónica sintomática, es incierta su extrapolación en fases menos avanzadas y asintomáticas.

Objetivo. Analizar la prescripción y la tolerancia a ANH en esta población.

Materiales y métodos. Previa selección y muestreo de registros clínicos (1 caso de cardiomiopatía sintomática por tres casos asintomáticos), se adelantó una encuesta telefónica en adultos seropositivos para *Trypanosoma cruzi*. Se describieron las características clínicas, la frecuencia de prescripción y la tolerancia (uso continuado durante dos meses o más, sin reducir dosis o cambiar medicamento).

Resultados. Se incluyeron 364 personas (57 % hombres, edad mediana 58, RIC 14 años), 91 (25 %) con cardiomiopatía sintomática y 273 (75 %) sin síntomas. La prevalencia de hipertensión arterial fue similar en los grupos (52 % y 50 % en aquellos con síntomas y sin ellos, respectivamente). La

fracción de eyección media fue menor en las personas con cardiomiopatía sintomática (26 % Vs. 73 %). La prescripción de ANH fue de 27 % (50 % Vs. 19 %). Entre quienes recibieron ANH, más pacientes sintomáticos recibieron algún tipo de ANH como monoterapia (93 % Vs. 73 % para antagonistas del sistema renina-angiotensina; y 94 % Vs. 55 %, para betabloqueadores). El uso de ANH combinado también fue mayor en los sintomáticos (87 % Vs. 29 %). La tolerancia fue menor en pacientes con cardiomiopatía sintomática (78,3 % Vs. 94,2 %). Todas las personas sin síntomas y sin hipertensión arterial sistémica que recibieron ANH combinado (n=5), toleraron el tratamiento. La prescripción de ANH fue modificada por hipotensión (n=7), bradicardia (n=4) o tos (n=2).

Conclusiones. Aunque la prescripción de ANH fue mayor en pacientes con cardiomiopatía sintomática, esta también se usa en personas sin síntomas o sin hipertensión, con adecuada tolerancia. Estos patrones representan un potencial para conducir ensayos clínicos que validen el beneficio del ANH sobre la evolución de la cardiomiopatía chagásica crónica.



190. Activación de la respuesta proinflamatoria por complejos inmunológicos y ADN en pacientes con malaria

Carolina Gallego^{1,2}, Isabella Hirako³, Ricardo Gazzinelli^{2,3}, Douglas Golenbock¹

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, CIDEIM, Cali, Colombia

² Division of Infectious Diseases and Immunology, University of Massachusetts Medical School, Worcester, MA, USA

³ Fundación Oswaldo Cruz, Belo Horizonte, Brasil

Introducción. Los altos niveles de citocinas proinflamatorias, como IL-1 β , TNF α e IFN γ , producidas

durante la infección con *Plasmodium* spp. subyacen a las complicaciones de la malaria. En estudios

previos se ha determinado la presencia de anticuerpos anti-ADN en pacientes con malaria. Sin embargo, aún se desconocen cuáles moléculas del parásito activan el sistema inmunológico innato y causan inflamación.

Objetivo. Evaluar la actividad inmuno-estimuladora de los complejos inmunológicos que contienen ADN de *Plasmodium* spp., en la inducción de la producción de citocinas en pacientes con malaria.

Materiales y métodos. Se estimularon polimorfonucleares de sangre periférica de donantes sanos con complejos inmunológicos purificados a partir de sueros y plasmas de pacientes con malaria aguda por *Plasmodium falciparum* y *P. vivax*. Se determinó la producción de $\text{TNF}\alpha$, IL-6 e IL-1 β por ELISA y *Western-blot* y la activación del “inflammasoma” por microscopía confocal. La presencia de ADN de *Plasmodium* spp. se confirmó por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y se determinó la concentración de ADN en los

complejos inmunológicos usando Picogreen. Se analizó la significancia estadística de los datos por el test de Mann-Whitney, usando Prism, versión 6.

Resultados. Se observó un aumento significativo en la producción de $\text{TNF}\alpha$, IL-6 e IL-1 β en polimorfonucleares de sangre periférica en reacción a los complejos inmunológicos y sueros de pacientes con malaria, en comparación con la reacción a sueros de donantes sanos. Se identificó la producción de la forma madura de IL-1 β 17 kDa, lo cual sugiere la activación del “inflammasoma”. Se determinó la presencia de ADN de *Plasmodium* spp. en los complejos inmunológicos.

Conclusiones. Los complejos inmunológicos son un mecanismo de transporte de ADN del parásito que resulta en la activación de las células de la reacción inmunológica innata mediante la producción de citocinas proinflamatorias y el ensamblaje del “inflammasoma”, lo cual sugiere su participación en la patogénesis de la malaria.

..... ☸☸☸

Tema 13

CASOS CLÍNICOS EN MEDICINA TROPICAL

191. Un caso de leptospirosis fatal con falla multiorgánica y afectación pulmonar en la Costa Caribe colombiana

Nohra Díaz^{1,2}, Francisco Camargo², Claudia Romero-Vivas¹, Andrew K.I. Falconar¹

¹ Grupo de Investigaciones en Enfermedades Tropicales, Universidad del Norte, Barranquilla, Colombia

² Clínica Zayma, Montería, Colombia

Introducción. La leptospirosis es una enfermedad zoonótica bacteriana causada por *Leptospira* spp. La forma grave en el hombre cursa con afectación multiorgánica que incluye ictericia, insuficiencia renal, necrosis hepática y diátesis hemorrágica. La afectación pulmonar asociada con síndrome de dificultad respiratoria, es muy rara en la infección grave por leptospira.

Materiales y métodos. Se describe un caso clínico de leptospirosis fatal, con afectación multiorgánica y pulmonar, en una paciente hospitalizada desde 30 días antes.

Resultados. Se trata de una paciente de 16 años de edad con un cuadro clínico de astenia, adinamia, dolor abdominal intenso en el epigastrio, ictericia, cefalea global, náuseas e hiporexia. Fue hospitalizada por el Servicio de Pediatría y presentó evolución clínica tórpida, con compromiso multiorgánico progresivo, signos de disfunción hepatocelular, alteración de la coagulación, compromiso sensorial, aumento de reactantes de fase aguda y signos de respuesta inflamatoria sistémica. Presentó opacidades alveolares en ambos campos pulmonares e infección

urinaria complicada, para lo que recibió piperacina-tazobactam. Por el cuadro clínico de fiebre icterohemorrágica se sospechó leptospirosis y se inició manejo con doxiciclina.

Presentaba importante compromiso multisistémico, choque séptico con hipoxemia grave, alteración del estado de conciencia con necesidad de asistencia respiratoria mecánica, lesión renal aguda (F en la escala RIFLE) en terapia de reemplazo renal, choque microvascular e hipoxia citopática resistente al tratamiento médico. La progresión de la enfermedad continuó, presentó bradicardia, paro cardiorrespiratorio y falleció. Los resultados de IgM, IFI y MAT fueron positivos para leptospirosis.

Conclusión. El tratamiento de la leptospirosis se basa principalmente en la administración de antibióticos y la terapia de apoyo. Sin embargo, el uso de antibióticos en pacientes con afectación pulmonar no ha reducido la mortalidad, como en este caso, en el cual la gravedad de la enfermedad y el compromiso de la reserva fisiológica orgánica, llevaron a un desenlace fatal.

..... ☸ ☸ ☸

192. Post-chikungunya chronic arthralgia: A first retrospective follow-up study of 39 cases in Colombia

Alfonso J. Rodríguez-Morales, Wilmer Villamil-Gómez, Mara Merlano-Espinosa, Laure Simone-Kleber

Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia;

Grupo de Enfermedades Infecciosas, Hospital Universitario de Sincelejo, Sincelejo, Colombia;

Programa del Doctorado de Medicina Tropical, Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia;

Universidad del Atlántico, Barranquilla, Colombia; Secretaría de Salud, Sincelejo, Colombia

Introduction. Chikungunya virus disease (CHIK) has emerged in Latin America as a significant acute infectious disease condition, but also with

multiple implications during its chronic phase, including the post-Chikungunya chronic inflammatory rheumatism (pCHIK-CIR).

Materials and methods. We detailed here the prevalence of pCHIK chronic polyarthralgia (pCHIK-CPA) in patients that suffered from confirmed CHIK at least six weeks before current assessment with a maximum follow-up of 65 weeks (15 months) (median time of 35 weeks).

Results. Out of 39 patients that suffered CHIK (diagnosed by PCR during acute phase) between April, 2014, and May, 2015, attended in Sincelejo, Sucre (one of the newly endemic departments), Colombia, 30 (76.9%) corresponded to female patients, with a median age of 61 years (range: 17-88). Of them 89.7% developed persistent polyarthralgia (pCHIK-CPA) that met the American College of Rheumatology-European League Against Rheumatism 2010 criteria for seronegative RA presented persistent polyarthralgia, during the last week when all of them were reassessed after

CHIK infection (June, 2015), 92.3% during the last month. A cumulated prevalence of pCHIK-CPA curve was drawn using the Kaplan-Meier method to describe the pCHIK-CPA persistence time. After the follow-up, only 10.3% patients remain free of the polyarthralgia. The median time for pCHIK-CPA in this cohort was 37 weeks (95% CI 31.4-42.6).

Conclusions. Among studies assessing pCHIK-CIR, its relative frequency is highly variable, ranging from 14.4% to 87.2% (including variable number of patients and follow-up times). The current cohort, the first in Latin America, shows a higher prevalence. These findings will require more detailed prospective studies, but despite its limitations it shows the long and frequent persistence of chronic consequences and their implications in disability and costs of the ongoing epidemics in Colombia and probably in Latin America.



193. Electrocardiographic alterations in patients with chikungunya fever from Sucre, Colombia: A 30-case series

Wilmer Villamil-Gómez^{1,2}, Eduardo Ramírez-Vallejo^{3,4}, Jaime A. Cardona-Ospina⁴,
Luz Alba Silvera², Alfonso J. Rodríguez-Morales^{1,4}

¹ Grupo de Enfermedades Infecciosas, Hospital Universitario de Sincelejo, Sincelejo, Sucre, Colombia

² Programa del Doctorado de Medicina Tropical, Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia

³ Medicina Interna y Cardiología, Universidad del Atlántico, Barranquilla, Colombia ⁴ Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

Introduction. Chikungunya virus (CHIKV) fever is significantly affecting the Americas since 2014. Cardiovascular disorders such as arrhythmias, myocarditis, pericarditis and myocardial infarction have occurred in previously healthy cases. However, there is a lack of publications assessing it. We report a series of 30 cases of patients with CHIKV infection with suspicion of cardiovascular and electrocardiographical alterations (myocarditis) from an endemic area, Sucre, Colombia.

Methods. We assessed CHIKV infection (serological/virologically), clinical features and ECG findings in patients attended in Sucre department health institutions, Colombia, during September, 2014, until July, 2015.

Results. Fifteen of the patients included in this report were female (50%), with a median age of 65.5 years (IQR 40.3-74.5, only 15 of them were >65 years-old, 8 were <40 years-old). All the patients presented with fever/polyarthralgia

with serological (IgM ELISA) and/or molecular confirmation (RT-PCR) of CHIKV infection (no dengue). All patients presented chest pain, palpitations and fainting. Myocarditis was suspected in all of them. ECG alterations were observed in 80% of them, being the repolarization disturbances the most frequent (33.3%). Other alterations seen were: left ventricular hypertrophy, 20%; U waves, 13.3%, and poor R wave progression at precordial leads, 10%. All of them had more than one ECG alteration (ranging from 0 to 6) (33% one, 25% two, 16.7% three and 25% four or more).

Conclusions. As in other series, ECG alterations were seen in patients previously healthy and young. The current series is among the first retrospective series of cases which show significant cardiovascular manifestations and would lead to a prospective systematic ECG assessment in patients with CHIKV. Cardiovascular system involvement

in CHIKV has the potential to cause significant morbidity and even sometimes mortality. Although its limitations, since echocardiographic assessment

was not done, this series –the first in the Caribbean region– adds evidence of ECG alterations in patients with confirmed CHIKV infection.

..... ☸☸☸

194. Tratamiento exitoso con antimonio de meglumina intralesional en leishmaniasis cutánea recidivante

Rosalba Vivas, Natalia Giraldo, Nuria Vidal, Margarita Arboleda

Universidad CES, Medellín, Colombia; Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Sabaneta, Colombia; Hospital de la Santa Creu i Sant Pau, Barcelona, España

Introducción. El antimonio de meglumina, compuesto antimonial pentavalente con actividad leishmanicida, aunque sigue siendo efectivo, también es conocido a nivel mundial por su posible y común toxicidad. Como tendencia, se están estudiando cada vez más tratamientos tópicos o locales para disminuir los efectos adversos, exponiendo al paciente a una menor cantidad del medicamento a nivel sistémico y, también, reduciendo la cantidad y la frecuencia de las punciones.

Caso clínico. Se presenta una paciente pediátrica con una lesión única recidivante, cuatro meses después de finalizar tratamiento con antimonio de meglumina intramuscular para siete lesiones por leishmaniasis cutánea. Una vez documentada parasitológicamente la recidiva, se decidió aplicar 1 ml de antimonio de meglumina intralesional,

distribuido uniformemente dentro de la lesión, con una semana de intervalo entre cada aplicación. Al cabo de cuatro sesiones, la paciente reunía los criterios de curación y se dio de alta con seguimiento hasta seis meses después, sin evidencia de reactivación.

Conclusión. Como alternativa a la exposición sistémica (intramuscular) del antimonio de meglumina, su aplicación intralesional puede ser efectiva en lesiones únicas e, incluso, en lesiones recidivantes como en el caso expuesto. Aún se carece de evidencia suficiente, pero es una opción interesante, la cual debe ser estudiada con mayor profundidad ya que la leishmaniasis sigue siendo prevalente en nuestro medio y su tratamiento es complejo, teniendo en la cuenta los posibles efectos secundarios y lo común de las recidivas.

..... ☸☸☸

195. Malaria por *Plasmodium vivax* complicada por edema pulmonar agudo

Marco Maldonado, Laura Jaramillo, Margarita Arboleda

IPS Universitaria, Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Sabaneta, Colombia

Introducción. La malaria es un problema de salud pública en Urabá, donde es más frecuente *Plasmodium vivax* y ocasiona mayor número de casos complicados. La lesión pulmonar aguda (edema pulmonar-síndrome de dificultad respiratoria del adulto) no cardiogénica, es una complicación frecuentemente descrita en la infección por *P. falciparum* y, poco, con *P. vivax*. Este compromiso suele presentarse cuando la parasitemia es negativa y se asocia con la respuesta inmunológica del paciente.

Caso clínico. Se trata de una paciente de 15 años, procedente de Apartadó, con antecedente

de desplazamiento a Sapzurro, área rural de Acandí (Chocó), 8 días antes de presentar el cuadro clínico, que consultó por fiebre, escalofríos, cefalea, náuseas, vómitos y epigastralgia. En la gota gruesa se reportó *P. vivax*, 5.560/mm³. En los exámenes de laboratorio, se encontró: recuento normal de leucocitos, neutrofilia, trombocitopenia, anemia microcítica hipocrómica sin criterio de transfusión, aumento de reactantes de fase aguda e hiperbilirrubinemia leve a expensas de la directa. Se inició tratamiento con cloroquina y primaquina. Tuvo una evolución tórpida; al segundo día la gota gruesa fue negativa, disminuyó 3 g la hemoglobina,

persistía el dolor abdominal, recibió transfusión sanguínea, y se le formuló ceftriaxona y doxiciclina. En el tercer día, presentó disnea y moderada dificultad respiratoria, con edema generalizado, acidosis metabólica compensada, hipoxemia (PAFI: 239) y alteración del estado de conciencia.

En la radiografía de tórax se observó lesión pulmonar aguda indicativa de edema pulmonar. Se trasladó a la unidad de cuidados intensivos por presentar grave trastorno de la oxigenación y la perfusión, con necesidad de inotrópicos y asistencia respiratoria mecánica. Después de tres

días de soporte, se le pudo retirar el tubo de tórax; continuó con tratamiento antibiótico y antipalúdico con primaquina.

Conclusión. En los pacientes con malaria por *P. vivax*, la lesión pulmonar aguda no cardiogénica es una causa de complicación importante en la región de Urabá. El seguimiento diario y acucioso mediante el examen clínico y gota gruesa, permite identificar precozmente las complicaciones y evitar desenlaces fatales. Las enfermedades concomitantes asociadas no se descartan en estos pacientes.

..... ☼☼☼

196. Seguimiento mediante PCR y qPCR de un caso agudo de enfermedad de Chagas adquirida por accidente laboral

M. Montilla¹, Y. Bogotá², F. Guhl²

¹Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá. D.C., Colombia

²Centro de Investigaciones de Microbiología y Parasitología Tropical, Universidad de los Andes, Bogotá. D.C., Colombia

Introducción. La enfermedad de Chagas es una antroponozoonosis transmitida por: heces de triatomíneos, transfusiones sanguíneas, trasplante de órganos, transmisión congénita, transmisión oral y por accidentes de laboratorio asociados al contacto con cultivos de *Trypanosoma cruzi* recientemente aislados, exposición a heces infectadas de triatomíneos o sangre con el parásito, así como al manejo de ratones de laboratorio. En el presente estudio se muestra el seguimiento después del tratamiento de un caso agudo de la enfermedad de Chagas en un paciente de 58 años, adquirida por un accidente laboral al manipular sangre de ratón infectada; se hizo mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y PCR en tiempo real (qPCR).

Materiales y métodos. De acuerdo con las manifestaciones clínicas presentadas por el paciente, se practicaron diferentes exámenes paraclínicos, serológicos y hemocultivo. Después de recibir tratamiento con Lampit® (nifurtimox) según los protocolos establecidos por la OMS/OPS, se hizo diagnóstico molecular a partir del cuarto día después del tratamiento y durante seis meses, mediante PCR y determinación de la carga parasitaria utilizando qPCR.

Resultados. Los exámenes paraclínicos revelaron miocarditis aguda y escaso derrame pericárdico. El diagnóstico serológico mostró que, a los 21 días después de la infección, el paciente era negativo y, a los 30 días, el diagnóstico serológico fue positivo. El hemocultivo permitió identificar la presencia del parásito a los 30 días después de la infección y, a los 51 días después del tratamiento, la prueba fue negativa. Las técnicas moleculares empleadas indicaron ADN del parásito a partir del cuarto día después del tratamiento y hasta el final del estudio. El seguimiento mediante qPCR permitió observar una disminución progresiva en la carga parasitaria de 97.744 equivalentes-parásito/ml hasta 12.206 equivalentes-parásito/ml.

Conclusiones. Mediante pruebas serológicas, hemocultivo, PCR y qPCR, fue posible hacer el seguimiento de un paciente infectado con *T. cruzi* en fase aguda. La qPCR permitió determinar la carga parasitaria en cada una de las muestras suministradas durante seis meses de estudio, evidenciando la eficiencia y el potencial de esta técnica como herramienta de curación parasitológica.

..... ☼☼☼

197. Coinfección de leishmaniasis y VIH: reporte de casos

Daniel Alberto Vásquez, Alejandra Jiménez, Andrés Mazo, Sara M. Robledo, Iván D. Vélez

Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Resumen. La leishmaniasis es una enfermedad endémica a nivel mundial que abarca 88 países, entre ellos, se destaca la elevada incidencia de la región mediterránea. Colombia está entre los países con incidencia elevada, según las tablas de la Organización Mundial de la Salud. Actualmente, la incidencia ha aumentado debido a la coinfección con el virus de la inmunodeficiencia humana, ya que entre estos dos microorganismos se genera una relación de sinergia.

Objetivo. Describir las características sociodemográficas y clínicas de los pacientes con leishmaniasis y coinfección con HIV, atendidos en el Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET).

Materiales y métodos. Es un estudio descriptivo, retrospectivo y prospectivo, con análisis porcentual de los datos obtenidos, en el cual, previo consentimiento informado, se recolectó la información de las características y la gravedad de las diferentes

manifestaciones de la leishmaniasis en pacientes positivos para HIV que asistieron al PECET.

Resultados. Se recolectaron tres casos de coinfección HIV/leishmaniasis, dos de ellos de origen rural, y los tres con diferentes presentaciones clínicas: uno de leishmaniasis cutánea localizada, uno de leishmaniasis cutánea diseminada y uno de leishmaniasis cutánea visceral; uno de ellos presentó recaída.

Conclusiones. En los tres casos se lograron identificar variables sociodemográficas y clínicas que impactan la enfermedad y sus resultados, entre estos, bajo conteo de CD4, ausencia de tratamiento oportuno y difícil acceso a los servicios de salud para lograr un diagnóstico y un tratamiento oportunos; este difícil acceso también afecta la casuística que, en Antioquia, resulta ser escasa. Se resalta la necesidad de hacer búsqueda activa de la enfermedad y reportarla ante las entidades de vigilancia epidemiológica.

..... ☞☞☞

Tema 14

PARASITISMO TISULAR

198. Factores asociados a fracaso terapéutico en niños y adultos con leishmaniasis cutánea de tres zonas endémicas de Colombia, 2004-2013

María del Mar Castro¹, Alexandra Cossio¹, Lyda Osorio²

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM), Cali Colombia

² Grupo de Epidemiología y Salud Poblacional (GESP), Escuela de Salud Pública, Facultad de Salud, Universidad del Valle, Cali, Colombia

Introducción. Los reportes de fracaso terapéutico en leishmaniasis cutánea con antimonio con meglumina (Glucantime®) y miltefosina, varían (25-75 %) y pueden explicarse por factores del huésped, del medicamento y del parásito, poco comprendidos aún.

Objetivo. Determinar los factores asociados al fracaso terapéutico con estos medicamentos en leishmaniasis cutánea, en tres zonas endémicas de Colombia.

Materiales y métodos. Se estudió una cohorte retrospectiva de niños (2-12 años) y adultos (18-65 años) con leishmaniasis cutánea, participantes de estudios clínicos llevados a cabo por el CIDEIM en Cali, Tumaco y Chaparral. Se estimó la incidencia de fracaso terapéutico por medicamento y grupo de edad. Se hizo el análisis bivariado, múltiple con regresión logística y posterior a la estimación de modelos para la cohorte completa y los niños.

Resultados. Se incluyeron 230 participantes (miltefosina: 112; Glucantime®: 118), el 60,4 % eran niños y 83,9 % estaban infectados con *Leishmania (V.) panamensis*. La incidencia de fracaso terapéutico global fue de 15,65 % (IC_{95%} 10,92-20,38), menor con miltefosina (8,92 %; IC_{95%}

3,59-14,26) que con Glucantime® (22,03%; IC_{95%} 14,48-29,58) (p=0,006).

Los factores asociados significativamente con fracaso terapéutico, fueron: edad menor de 8 años (OR=3,29; IC_{95%} 1,37-7,89), tiempo de evolución menor de un mes (OR=2,85; IC_{95%} 1,29-6,28), presencia de adenopatía regional (OR=2,72; IC_{95%} 1,10-6,70), tratamiento con Glucantime® (OR=3,98; IC_{95%} 1,66-9,50) y cumplimiento del tratamiento menor de 90 % (OR=3,59; IC_{95%} 1,06-12,11). En niños, un mejor estado nutricional (puntaje Z de talla para la edad) fue un factor protector (OR=0,58; IC_{95%} 0,36-0,93), mientras el tratamiento antimonial fue un factor de riesgo (OR=40,82; IC_{95%} 2,45-677,85), con interacción significativa con la edad (p=0,03).

Conclusiones. Varios factores clínicos, modificables y no modificables, y del medicamento, determinan el fracaso terapéutico en la leishmaniasis cutánea. El gran riesgo de fracaso con Glucantime® en niños, indica la necesidad de reconsiderar este medicamento como primera línea de tratamiento en este grupo de edad. Se requieren cohortes multicéntricas para vigilar la efectividad de los tratamientos antileishmania en Colombia.

..... ☼☼☼

199. Epidemiología de la cisticercosis humana en pacientes sintomáticos neurológicos en la consulta neurológica en Popayán, Cauca

Luis Reynel Vásquez¹, Tomás O. Zamora^{1,2}, Víctor H. Vivas¹, Juan C. Casas^{2,3,4}, Julio C. Giraldo⁵

¹Centro de Estudios en Microbiología y Parasitología (CEMPA), Departamento de Medicina Interna, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca. Popayán, Colombia

²Hospital Universitario San José, Popayán, Colombia

³Liga Colombiana contra la Epilepsia, capítulo Cauca, Popayán, Colombia

⁴Clínica La Estancia, Popayán, Colombia

⁵Grupo de investigación en Parasitología y Microbiología Tropical, Universidad INCCA de Colombia, Bogotá, Colombia

Introducción. La teniasis y la cisticercosis son zoonosis consideradas como un problema de salud pública en países en desarrollo, causadas por *Taenia solium*. Cuando las personas se infectan con los huevos, pueden desarrollar neurocisticercosis, que puede ser desde asintomática hasta incapacitante.

Objetivo. Determinar la seroprevalencia de cisticercosis humana en pacientes sintomáticos neurológicos, atendidos en la consulta neurológica en Popayán, Cauca, 2014.

Materiales y métodos. Es un estudio descriptivo de corte transversal que incluyó pacientes que asistieron a la consulta neurológica en Popayán. Se solicitó el consentimiento informado para recolectar 5 ml de sangre y se hizo una encuesta. En el suero se determinaron los anticuerpos anticisticercosis con la fracción proteica de 53 kDa, con la prueba ELISA

(sensibilidad de 95,3 % y especificidad de 100 %). Se utilizó el paquete estadístico SPSS® 19 para el análisis estadístico.

Resultados. Participaron 200 pacientes con una edad promedio de 43 años y el 53,5 % presentó anticuerpos anticisticercosis. Se encontró asociación estadísticamente significativa con el consumo de verduras y la utilización de la resonancia magnética.

Conclusiones. En este estudio se informa los resultados seropositivos más altos para cisticercosis humana registrados en Colombia e, incluso, en América Latina. Esta parasitosis es endémica en el departamento del Cauca. Es importante que las autoridades pertinentes consideren la inclusión de esta parasitosis en la política institucional de salud pública.



200. Producción de factores de crecimiento asociados a la reparación tisular en leishmaniasis cutánea experimental

Andrés Montoya, Lina Yépez, Raúl Henao, Alexander Bedoya, Iván D. Vélez, Sara M. Robledo

Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET), Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La leishmaniasis cutánea se caracteriza por la producción de lesiones crónicas en la piel que al resolverse generan cicatrices. Tanto las lesiones como las cicatrices causan estigma social, daño psicológico y sufrimiento en los pacientes. Los tratamientos disponibles están dirigidos a eliminar el parásito, sin importar la apariencia de las cicatrices. La reparación tisular es un proceso dinámico, con producción de factores de crecimiento responsables de la inflamación, la proliferación celular y la remodelación del tejido. En la búsqueda de nuevos y mejores medicamentos para tratar la enfermedad, es necesario evaluar

su eficacia y la capacidad de los compuestos de ayudar en el proceso de reparación tisular, y con ello, mejorar la apariencia clínica de las cicatrices.

Objetivo. Evaluar la producción de EGF, TGFβ, PDGF y FGF durante la leishmaniasis cutánea experimental, para identificar los marcadores de cicatrización en candidatos a medicamentos anti-*Leishmania*.

Materiales y métodos. La producción de factores de crecimiento se evaluó en piel de hámsteres durante la infección experimental con *Leishmania panamensis* y durante el tratamiento con diferentes

compuestos. A partir de biopsias o raspados, se extrajo ARN y se determinó el nivel de inducción mediante qRT-PCR calculando el $\Delta\Delta CT$.

Resultados. A la segunda semana después de la infección, se aumentó la expresión de EGF, FGF y PDGF. Una semana después del tratamiento, se aumentó la expresión de TGF β y EGF. Sin embargo, en animales curados los niveles de TGF β fueron inferiores a los del EGF y en los animales

con mejoría, la expresión de EGF fue mayor que en los animales con fracaso terapéutico.

Conclusión. *Leishmania panamensis* induce la producción de factores de crecimiento asociados con la cicatrización. Los niveles varían según el tiempo de infección y la reacción al tratamiento. El EGF podría ser un biomarcador de compuestos con potencial cicatrizante.

..... ☙☙☙

201. Evidencia experimental e *in silico* de la cinasa AKT-like de *Leishmania panamensis* como potencial blanco terapéutico

Didier Tirado-Duarte, Marcel Marín-Villa, Rodrigo Ochoa, Gustavo Blandón-Fuentes, Amaya Ortega-Pajares, Rubén Varela-Miranda

Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET),
Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. Aproximadamente, 350 millones de personas están en riesgo de contraer leishmaniasis, enfermedad que causa diferentes manifestaciones clínicas en el humano. Los parásitos presentan un ciclo de vida heteroxeno, en el cual experimentan diferentes tipos de estrés que inducen cambios morfológicos adaptativos. Modificaciones posteriores a la traducción, como la activación de cinasas, controlarían la diferenciación, la supervivencia y la proliferación celular. Dada su homología con la proteína cinasa AKT humana, la AKT-like de *Leishmania* spp. podría estar involucrada también en la supervivencia celular de tripanosomátidos.

Objetivo. Determinar si la cinasa AKT-like está implicada en la supervivencia de *Leishmania panamensis* bajo estrés celular y demostrar que su inhibición específica es deletérea

Materiales y métodos. El proyecto contempla dos enfoques: bioinformático y experimental. El bioinformático comprende la modelación de la estructura 3D (I-Tasser) de la proteína AKT-like secuenciada y el *docking* molecular contra una subbiblioteca de 600.000 compuestos (ZINC¹²

database) para identificar inhibidores químicos específicos. En la parte experimental, se evaluó *in vitro* el inhibidor bajo diferentes condiciones de estrés celular y la viabilidad se determinó por citometría de flujo (IP y DIOC6). Además, se buscaron los posibles sustratos de la cinasa en una red de interacción de proteína con proteína.

Resultados. Se seleccionó el inhibidor con menor energía libre de interacción (-10,4 kcal/mol en una escala de 0 a -14) (UBMC1). El UBMC1 induce en parásitos estresados *in vitro* la pérdida del potencial de la membrana mitocondrial, cambios en la morfología y altos porcentajes de células con hipodiploidía. En ensayos de inhibición de la proliferación, el UBMC1 presenta un IC₅₀ en *L. panamensis* intracelulares de $9,3 \pm 0,8 \mu M$ y, en macrófagos humanos, de $29 \pm 1,2 \mu M$. Con la red proteína-proteína se identificaron 54 posibles sustratos.

Conclusiones. La AKT-like de *Leishmania* spp. está implicada en la supervivencia celular bajo condiciones de estrés. La inhibición química es deletérea a concentraciones con baja toxicidad para los macrófagos humanos.

..... ☙☙☙

202. Actividad antiparasitaria de aceites esenciales del género *Lippia* (familia Verbenaceae) obtenidos de plantas colombianas contra tripanosomátidos

Laura Neira¹, Heider Carreño¹, Angélica Vera¹, Álex Velásquez¹, Elena Stashenko², Patricia Escobara¹

¹ Centro de Investigación de Enfermedades Tropicales (CINTROP), Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

² Centro de Investigación en Biomoléculas (CIBIMOL), Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

Introducción. El género *Lippia* es un grupo de plantas medicinales distribuidas ampliamente en el territorio colombiano. Contienen aceites esenciales que han mostrado actividad *in vitro* contra diferentes especies de *Leishmania* y *Trypanosoma cruzi*. Dependiendo de sus componentes mayoritarios, se han identificado diferentes quimiotipos de *Lippia*.

Objetivo. Determinar la actividad antiparasitaria y citotóxica de diferentes quimiotipos de aceites esenciales del género *Lippia* contra tripanosomátidos.

Materiales y métodos. Se evaluaron los aceites esenciales (AE) de: *Lippia origanoides*, quimiotipos fenaldreno (AE1), carvacol (AE2) y timol (AE3); *L. alba*, quimiotipo carvona (AE4) y citral (AE5), y *L. citriodora* (AE6). contra las formas extracelulares e intracelulares de *T. cruzi*, *Leishmania (Viannia) panamensis*, *L. (V.) braziliensis* y células de mamífero Vero y THP-1. La actividad antiparasitaria y la citotóxica se determinaron por microscopia de luz y ensayo colorimétrico de MTT. Los resultados se

expresaron como concentración inhibitorias (IC₅₀) o citotóxica (CC₅₀) para el 50 % de parásitos o células, y se calcularon los índices de selectividad (IS) (CC₅₀/IC₅₀).

Resultados. Los aceites esenciales fueron activos contra las formas libres de *Leishmania* spp. (CI₅₀=0,28 a 11,77 µg/ml). Los AE3 y AE6 fueron activos contra las formas intracelulares de *L. (V.) panamensis* (AE3: CI₅₀=42,7 µg/ml; IS=1,23; y AE6: CI₅₀=41,09 µg/ml; IS=0,45). Los AE1 y AE2 fueron activos contra *L. (V.) braziliensis* (AE1: CI₅₀=95,42 µg/ml; IS=0,73; y AE2: CI₅₀=72,65 µg/ml; IS=0,6). La actividad en células THP-1 fue de CC₅₀ 22,6 a 79,68 µg/ml y, en células Vero, fue de CC₅₀ 27,92 a 43,5 µg/ml. La actividad de la anfotericina B en amastigotes intracelulares de *L. (V.) panamensis*, fue CI₅₀ 0,49 µg/ml y IS=32 y, en *L. (V.) braziliensis*, CI₅₀ 0,008 µg/ml y IS=2.000.

Conclusión. En el presente trabajo, se demostró la actividad antiparasitaria de los aceites esenciales de quimiotipos de diferentes especies de *Lippia*.

..... ☙ ☙ ☙

203. *Toxoplasma gondii* en *Bos indicus* de cuatro predios pecuarios de Norte de Santander: seroprevalencia y descripción de factores predisponentes

Yurai Fernández¹, Jessenia Cedeño¹, Fabio Sierra-Zuleta², Yesmit Karina Ríos-Ramírez¹

¹ Universidad de Santander, Cúcuta, Colombia

² Instituto Colombiano Agropecuario, ICA, seccional Norte de Santander, Cúcuta, Colombia

Introducción. La toxoplasmosis es causada por el protozoario *Toxoplasma gondii* y es la antroponosis más prevalente a nivel mundial. La vía oral es probablemente la principal ruta por la que tanto seres humanos como animales pueden adquirir la infección, al consumir agua o alimentos contaminados con el parásito, por el consumo de huéspedes intermediarios infectados o por el contacto con tierra y heces. La toxoplasmosis es un problema de salud pública; sin embargo, se desconoce el impacto real de estas infecciones en bóvidos de la región.

Objetivo. Determinar la seroprevalencia de toxoplasmosis en *Bos indicus* y describir factores predisponentes en cuatro predios pecuarios de Norte de Santander.

Materiales y métodos. Se obtuvieron muestras de sangre de 94 bóvidos pertenecientes a cuatro predios pecuarios ubicados en los municipios de El Zulia, Villa del Rosario, Puerto Santander y Cúcuta, en Norte de Santander, para determinar los anticuerpos circulantes con el kit Id Screen® Toxoplasmosis Indirect Multi-Species IgG y estimar la prevalencia. Además, se registraron datos

como sexo, raza, edad, movilidad, antecedentes reproductivos, número de partos, registro sanitario, finalidad productiva y factores predisponentes a la toxoplasmosis. Los resultados obtenidos se analizaron con SPSS®, versión 21.

Resultados. La frecuencia de anticuerpos anti-*T. gondii* obtenida en los bóvidos evaluados, fue de 1,1 %, evidenciándose la circulación del parásito en la región. No se encontraron diferencias

estadísticas entre los factores predisponentes para el parásito, excepto la transferencia de animales de hato a hato ($p=1,00$).

Conclusiones. El nivel de anticuerpos hallados en *Bos indicus* muestreados en las fincas, no exhibe una asociación importante con toxoplasmosis activa, lo que significa que en algún momento de su vida tuvieron contacto con el parásito. Este es el primer reporte de infección por *T. gondii* en bóvidos de la región.

..... ☙☙☙

204. Conocimientos sobre el complejo teniasis-cisticercosis en una población femenina escolar de un colegio privado en Popayán, Cauca

Isabella Vásquez¹, Katherin Alegría¹, María Isabel Burbano¹, Paula Martínez¹,
María del Mar Salazar¹, Luis Reynel Vásquez²

¹ Colegio San José de Tarbes, Popayán, Colombia

² Centro de Estudios en Microbiología y Parasitología (CEMPA),
Departamento de Medicina Interna, Facultad Ciencias de la Salud,
Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

Introducción. El complejo teniasis-cisticercosis es causado por *Taenia solium* y representa un problema de salud pública en países en desarrollo. Cuando se infectan con huevos del cestodo, las personas pueden desarrollar neurocisticercosis, que puede ser asintomática o incapacitante.

Objetivo. Determinar el grado de conocimiento en estudiantes de un colegio de vocación femenina, sobre el complejo de teniasis/cisticercosis, durante 2014.

Materiales y métodos. Se hizo una entrevista con un cuestionario estructurado a niñas del grado séptimo al undécimo de un colegio privado en

Popayán, que indagaba el grado de conocimiento sobre el ciclo de vida de *T. solium*. Se creó una base de datos en Excel®.

Resultados. En la entrevista participaron 30 estudiantes de sexo femenino. La edad promedio fue de 13 años. Se observó que las estudiantes tienen un pobre nivel de conocimientos sobre el complejo teniasis-cisticercosis.

Conclusiones. Nuestro estudio indica un bajo nivel de conocimientos sobre el complejo teniasis-cisticercosis. Es importante profundizar el conocimiento de esta parasitosis en zonas endémicas, desde la edad escolar.

..... ☙☙☙

205. Estudio de foco del complejo teniasis-cisticercosis y variables asociadas en la zona urbana y periurbana del municipio de Coyaima, Tolima, 2012-2013

Milena Marcela Riaño-Rodríguez¹, Julio C. Giraldo¹, Luis Reynel Vásquez²

¹ Grupo de investigación en Parasitología y Microbiología Tropical, Universidad INCCA de Colombia,
Bogotá, D.C., Colombia

² Centro de Estudios en Microbiología y Parasitología (CEMPA), Departamento de Medicina Interna,
Facultad Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

Introducción. La cisticercosis porcina causada por la larva de *Taenia solium*, ocasiona graves pérdidas económicas para sus tenedores y es un riesgo para la salud pública en Colombia y en el

mundo, como en Asia, África y Latinoamérica. Esta parasitosis se propaga con facilidad en zonas que tienen precarias condiciones higiénico-sanitarias, ambientales y socioeconómicas.

Objetivo. Determinar la prevalencia de cisticercosis porcina y establecer la asociación con las variables del estudio.

Materiales y métodos. Se hizo un estudio descriptivo de corte transversal en 159 personas de Coyaima (Tolima), que diligenciaron una encuesta y una ficha epidemiológica estructurada durante el periodo 2012-2013. Se solicitó el consentimiento informado. También, se tomó una muestra de sangre de 102 cerdos mediante punción en el pabellón auricular y se impregnaron en discos de papel de filtro. Se determinaron los anticuerpos anticisticercos con la fracción proteica de 53 kDa con la prueba ELISA. En cuanto a los tenedores de porcinos y demás participantes, se les solicitó una muestra de heces que fue conservada en reactivo de mertiolate-yodo-formol al 5 %. Se utilizó el

paquete estadístico SPSS® 19 para el análisis estadístico. El proyecto fue avalado por el Comité de Ética de la Universidad INCCA de Colombia.

Resultados. De los 102 cerdos, el 17 % (17/102) presentó anticuerpos anticisticercos. La prevalencia general de parasitismo intestinal fue de 43,3 % y se hallaron huevos de *Taenia* spp. en 11,1 % (3/159). Se encontró que las fuentes de agua eran una variable estadísticamente significativa para la presencia de parasitismo intestinal ($p < 0,005$) y, un OR=2,18, para la tenencia de cerdos.

Conclusiones. Este estudio reveló una cifra significativa de seroprevalencia de cisticercosis porcina en el área de estudio, que impone una importante carga económica y de la salud pública a los criadores de cerdos o pequeños agricultores de la comunidad coyaimuna.

..... ✎ ✎ ✎

Tema 15

DESARROLLO DE MEDICAMENTOS

206. Actividad antiviral del flavivir contra los virus del dengue y el chikungunya *in vitro* e *in vivo*

Andrea Trujillo¹, James Weger-Lucarelli¹, Sara Robledo¹, Jorge Osorio²

¹ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET), Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Department of Pathobiological Sciences, University of Wisconsin, Madison, WI, United States

Introducción. Los virus transmitidos por mosquitos, como el virus del chikungunya (CHIKV) y el virus del dengue (DENV), son un gran problema de salud pública en las regiones tropicales. Ambos pueden producir síntomas febriles y son difíciles de diagnosticar tempranamente. Además, no existe una vacuna o un tratamiento aprobado.

Objetivo. Evaluar la actividad antiviral del flavivir sobre la replicación de DENV y CHIKV en un modelo *in vitro* e *in vivo*.

Materiales y métodos. La citotoxicidad del compuesto se evaluó en células A549, BHK-21, MRC-5 y VERO, utilizando la prueba colorimétrica MTT. La actividad antiviral se evaluó antes, durante y después de la inoculación. En el modelo *in vivo*, el compuesto se administró dos veces al día, empezando antes de la infección en ratones C57BL/6 (CHIK) y AG129 (DENV).

Resultados. Los resultados de citotoxicidad mostraron que el flavivir solo reduce la viabilidad

significativamente cuando se usa en altas concentraciones. En los ensayos antivirales se observó un efecto dependiente de la dosis, en el cual se inhibe drásticamente la producción de partículas virales de ambos virus. El tratamiento con flavivir en el caso de CHIKV es eficaz para reducir la viremia y la inflamación de la pata en el modelo de ratón competente C57BL/6, además de algunas citocinas proinflamatorias. En el modelo animal inmunodeficiente para DENV, no se observaron diferencias significativas entre el control y el tratamiento.

Conclusiones. El flavivir es un potente antiviral para DENV y CHIKV en diferentes líneas celulares, observándose un mayor efecto en células no deficientes en interferón. El tratamiento antiviral fue efectivo para CHIKV en ratones C57BL/6 pero no para DENV; esto puede deberse a que el mecanismo de acción podría estar relacionado con la estimulación de la respuesta inmunológica antiviral y estos ratones son deficientes en interferón de tipo I y II.



207. Potente inhibidor de la actividad metil-transferasa del virus del dengue identificado mediante *docking* molecular

Andrea Trujillo-Correa^{1,2}, Rodrigo Ochoa¹, James Weger², Carlos Muskus¹, Iván D. Vélez¹, Jorge E. Osorio^{1,2}, Sara Robledo¹

¹ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET), Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Department of Pathobiological Sciences, School of Veterinary Medicine, University of Wisconsin, Madison, WI, USA

Introducción. En ausencia de una vacuna licenciada, es fundamental el descubrimiento de medicamentos antivirales dirigidos contra el virus del dengue (DENV). Se han utilizado herramientas bioinformáticas para encontrar posibles inhibidores específicos contra el DENV.

Objetivo. Evaluar el mecanismo antiviral de compuestos identificados por *docking*, sobre la infección por DENV en un modelo *in vitro* e *in vivo*.

Materiales y métodos. Se hicieron ensayos de *docking* para identificar ligandos teóricos para el dominio metil-transferasa de la proteína

NS5 en más de 50.000 moléculas de la base de datos ZINC. Las coordenadas de la proteína se obtuvieron de la base de datos de proteínas (PDB: 2P41) y, junto con los ligandos, se prepararon en AutoDock 1.5.4. Las moléculas se acoplaron utilizando AutoDock Vina *software* y se seleccionaron tres de las moléculas con mayor afinidad. La citotoxicidad de los compuestos se evaluó en células VERO y U937, utilizando la prueba colorimétrica MTT. La actividad antiviral se evaluó en los cuatro serotipos de DENV bajo diferentes esquemas terapéuticos, antes, durante y después del tratamiento, por el método de titulación por ensayo de placa. El compuesto con mejores resultados *in vitro* se evaluó *in vivo* en el modelo animal de ratón A129.

Resultados. De las 60.485 moléculas analizadas, estos resultados muestran que uno de los compuestos puede unirse al sitio catalítico de la actividad metil-transferasa de NS5 y, de esta manera, inhibir la infección *in vitro* e *in vivo*. Uno de los compuestos mostró bajos niveles de citotoxicidad y una actividad antiviral significativa a diferentes MOI, con algunas variaciones según el serotipo viral. Se observó disminución de la viremia *in vivo* con algunos cambios clínicos e histopatológicos significativos entre el tratamiento y el control.

Conclusión. Los resultados de este estudio demuestran que la combinación de un estudio virtual y la validación en el laboratorio, es un enfoque viable para el descubrimiento de nuevos agentes antivirales.

..... ☸☸☸

208. Caracterización fisicoquímica, toxicológica y biofarmacéutica de una sal de amonio cuaternario para el tratamiento de la leishmaniasis

Maritza Fernández¹, Rodrigo Ochoa¹, Natalia Arbeláez¹, Javier Murillo¹, Adriana Restrepo¹, Jenny Ceballos¹, Amalia Ríos², Rogelio Ocampo², Teresa Garrigues³, Iván Vélez¹, Sara Robledo¹

¹ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET), Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Síntesis y Mecanismos de Reacción en Química Orgánica, SIMERQO, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

³ Departamento de Farmacia, Tecnología Farmacéutica, Universidad de Valencia, Valencia, España

Introducción. La caracterización fisicoquímica y biofarmacéutica de un ingrediente farmacéutico activo, son pasos decisivos en el desarrollo de un medicamento. En estudios previos se identificó una sal de amonio cuaternario halometilada, como un compuesto líder para el desarrollo de medicamentos, no solo por su actividad anti-protozoaria, sino también, por su capacidad de inhibir la enzima colina/etanolamina de *Leishmania infantum*; esta es una enzima importante para la síntesis de fosfolípidos por el parásito.

Objetivo. Hacer la caracterización fisicoquímica y toxicológica del compuesto C6 y, con ello, avanzar en el desarrollo de un medicamento para la leishmaniasis.

Materiales y métodos. Los ensayos de preformulación del compuesto líder C6, incluyeron: 1) la caracterización química del compuesto según modelos computacionales, *docking* molecular de la enzima colina cinasa de *L. infantum* y parámetros de Lipinski; 2) la caracterización fisicoquímica

(solubilidad, Dsc, Log D, difracción de rayos X, estabilidad preliminar), y 3) determinar el perfil de toxicidad aguda y subaguda, y el perfil de absorción intestinal, según las guías internacionales.

Resultados. Los ensayos de *docking* mostraron mayor afinidad del compuesto C6 que su sustrato natural y su posibilidad de administración oral, según los criterios de Lipinski. La caracterización fisicoquímica evidenció que el compuesto C6 es medianamente soluble en agua, y posee estructura cristalina y un coeficiente Log D 0,97; es estable en soluciones acuosas hasta por tres meses de observación y al calentamiento no mayor de 50 °C. A nivel toxicológico, se evidenciaron algunas alteraciones gastrointestinales leves. El perfil de absorción demostró la absorción intestinal del compuesto.

Conclusiones. El perfil preclínico del compuesto C6 muestra resultados prometedores para ser un compuesto que puede ser administrado por vía oral.

..... ☸☸☸

209. Uso de nanoemulsiones como sistema de administración de una sal de amonio cuaternario para el tratamiento de la leishmaniasis

Maritza Fernández, Jenny Ceballos, Yasmín Quintero, Sara Robledo

Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET),
Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. El compuesto C6 es una sal de amonio cuaternario halometilada que ha demostrado potencial para convertirse en un medicamento para el tratamiento de la leishmaniasis debido a su potente actividad anti-*Leishmania in vitro e in vivo*. Infortunadamente, su actividad se ve limitada por la baja solubilidad en agua, por lo que se requiere desarrollar un sistema que permita su solubilidad en ambientes acuosos y posibilite su administración por vía oral. Las nanoemulsiones son una alternativa debido a su capacidad para encapsular compuestos con diferentes polaridades y porque son biocompatibles y biodegradables.

Objetivo. Diseñar un sistema a base de nanoemulsiones para la administración oral del compuesto C6.

Materiales y métodos. Las nanoemulsiones se formaron con ultrasonificación. Los componentes se seleccionaron según las pruebas de estabilidad. Aquellas formulaciones que conservaron apariencia translúcida, se seleccionaron y caracterizaron según el tamaño de partícula, el potencial Z, la estabilidad y la liberación. Además, se evaluó la respuesta terapéutica de

una nanoemulsión seleccionada en el modelo de leishmaniasis cutánea en hámster.

Resultados. De 10 nanoemulsiones, se seleccionaron tres que presentaron tamaño entre 10 y 12 nm, potencial Z de -10 (mv) y un pH medianamente ácido. La nanoemulsión número 3 presentó una reología de tipo fluido no newtoniano. Todas presentaron liberación del compuesto activo hasta por 24 horas y, la número 1, hasta por 48 horas. Las características organolépticas de las tres formulaciones se observaron después de seis meses, y todas fueron inestables a 4 y 40 °C, pero estables a 25 °C. La formulación número 1 produjo mejoría de las lesiones cutáneas en el hámster, sin cura completa luego de tres meses de haber sido tratados con 15 mg/kg/día.

Conclusiones. A pesar de que las nanoemulsiones mejoraron la solubilidad del compuesto C6, fueron inestables a diferentes condiciones de almacenamiento y no generaron cura de la lesión. Es necesario continuar mejorando las alternativas de encapsulación que favorezcan la administración oral y mejorar la respuesta terapéutica observada en el hámster.

..... ☯☯☯

210. Respuesta terapéutica de compuestos híbridos derivados de triclosán con actividad leishmanicida *in vitro*

Natalia Arbeláez¹, Javier Murillo¹, Wilson Cardona², Elver Otero², Iván Vélez¹, Sara Robledo¹

¹ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET), Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Grupo de Química de Plantas Colombianas, Instituto de Química, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. Colombia es un país endémico para la leishmaniasis y es el segundo país en América con mayor número de casos. Actualmente, se registran alrededor de 12.000 casos anuales, aunque se estima que, por cada caso registrado, dejan de registrarse de 2,5 a 4 casos. Los compuestos de antimonio pentavalente, el isetionato de pentamidina y la miltefosina son los medicamentos aceptados en el país para el tratamiento de todas las formas de la enfermedad.

Sin embargo, tienen numerosas desventajas y no siempre son efectivos, haciéndose necesario trabajar en el desarrollo de nuevos tratamientos.

Objetivo. Validar el potencial leishmanicida de seis compuestos híbridos del triclosán con actividad anti-*Leishmania* demostrada *in vitro*, dado que el triclosán inhibe la enoil-ACP reductasa de tipo II, enzima fundamental en la síntesis de ácidos grasos de los protozoos, entre ellos *Leishmania* spp.

Materiales y métodos. Se infectaron experimentalmente hámsteres de seis semanas de edad, en piel del dorso, con *Leishmania braziliensis*. Una vez desarrollaron la lesión típica en piel, se trataron con los diferentes compuestos administrados por vía tópica, en esquemas terapéuticos diarios durante 28 días. Se hizo el seguimiento clínico general y de las lesiones, durante y después del tratamiento. Además, se analizaron la función renal y la hepática mediante química sanguínea e histopatología, para evaluar la toxicidad asociada con el tratamiento.

Resultados. Tres de los compuestos produjeron mejoría y cura de las lesiones, entre el 85 % y el 70 %, respectivamente. Los compuestos mostraron ser seguros, ya que no hubo toxicidad renal ni hepática asociada al tratamiento de la piel.

Conclusiones. Se validó *in vivo* la actividad anti-*Leishmania* mostrada por los híbridos del triclosán. La respuesta terapéutica observada les confiere potencial para convertirse en moléculas líderes en el desarrollo de un medicamento para el tratamiento tópico de la leishmaniasis cutánea.



211. Detección *in vitro* e *in vivo* de compuestos con potencial actividad anti-*Leishmania*, anti-*Plasmodium* y anti-*Trypanosoma* en plantas colombianas

Sara Robledo¹, Omar Torres², Wilson Cardona³, Felipe Otalvaro⁴, Edison Osorio⁵, Yulieth Upegui¹, Iván Vélez¹, Diana Muñoz¹, Victoria Ospina¹, Adriana Restrepo¹, Javier Murillo¹, Natalia Arbeláez¹, Fernando Torres⁶, Wiston Quiñones⁶, Gustavo Escobar⁶, Fernando Echeverri⁶

¹ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET), Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Investigación, Desarrollo y Evaluación de Fármacos, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

³ Química de Plantas Colombianas, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁴ Facultad de Ciencias Farmacéuticas y Alimentarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁵ Grupo de Investigación en Sustancias Bioactivas, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁶ Química Orgánica de Productos Naturales, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La malaria, la leishmaniasis y la enfermedad de Chagas causan gran morbilidad, sobre todo en los países pobres. Todas ellas afectan a miles de personas anualmente y son causa de estigma social y daño psicológico en los enfermos. El panorama se complica por la falta de alternativas terapéuticas y los efectos secundarios que producen los medicamentos. Además, la industria farmacéutica no está interesada en el desarrollo de nuevos fármacos para este tipo de enfermedades, debido a los altos costos y retornos económicos bajos. La medicina tradicional es una fuente de sustancias bioactivas importantes, pero es necesario avanzar en la búsqueda, pasando de bioensayos *in vitro* a ensayos en los modelos animales adecuados según la enfermedad.

Materiales y métodos. Más de 500 compuestos, tanto de origen natural como compuestos de síntesis obtenidos de plantas colombianas, se analizaron *in vitro* en amastigotes de *Leishmania panamensis*

y *Trypanosoma cruzi* y cultivos asincrónicos de *Plasmodium falciparum*, utilizando citometría de flujo, colorimetría y fluorimetría, respectivamente. La citotoxicidad de estos compuestos se evaluó mediante la prueba colorimétrica MTT. La respuesta terapéutica de algunos compuestos más activos, se evaluó en el modelo animal correspondiente: hámsteres infectados con *L. panamensis* y ratones infectados con *P. berghei*.

Resultados. Cerca del 40 % de todo el material ensayado *in vitro* mostró una actividad de moderada a alta contra *L. panamensis*, *P. falciparum* o *T. cruzi*. El diez por ciento de los compuestos ensayados mostró una buena respuesta terapéutica contra *L. panamensis* o *P. berghei*.

Conclusión. Los compuestos con actividad anti-parasitaria validada *in vivo*, podrían considerarse como moléculas líder para el desarrollo de fármacos para tratar estas enfermedades parasitarias.



212. Efecto antiplasmodio y leishmanicida de productos naturales

Yulieth Upegui¹, Wiston Quiñones², Fernando Torres², Gustavo Escobar², Fernando Echeverri², Sara Robledo¹

¹ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET), Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Grupo de Química Orgánica de Productos Naturales, Instituto de Química, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La malaria y la leishmaniasis son enfermedades prevalentes en Colombia. Sus manifestaciones clínicas causan incapacidad que puede desencadenar en muerte o estigma social y daño psicológico en las personas enfermas. La problemática viene en aumento debido al cambio climático, al desplazamiento de la población, al reducido arsenal farmacológico y a la eficacia disminuida de los tratamientos; por ello, es necesario disponer de alternativas terapéuticas. Los productos naturales ofrecen información para buscar y desarrollar nuevas y potentes moléculas, y para ello se requieren estudios biodirigidos que permitan desarrollar estructuras innovadoras con potencial terapéutico.

Materiales y métodos. Se llevaron a cabo ensayos biodirigidos para extractos y fracciones cromatográficas para la caracterización de sustancias puras. La actividad leishmanicida se evaluó en amastigotes de *Leishmania panamensis* por citometría de flujo y la citotoxicidad se evaluó en células U937 por la prueba colorimétrica MTT. La actividad antiplasmodio se determinó sobre cultivo

asincrónico de *Plasmodium falciparum* por el método de tinción de ADN parasitario con bromuro de etidio y, la actividad hemolítica, por colorimetría.

Resultados. De 58 sustancias evaluadas, 10 mostraron actividad selectiva contra *L. panamensis* y dos contra *P. falciparum*, con EC₅₀ o IC₅₀ menores de 10 µg/ml. El estudio biodirigido a partir de extractos de *Piper nigrum* y *Baccharis tola*, demostró potencial leishmanicida para *B. tola*. Los derivados de las moléculas encontradas en el extracto de *B. tola* mostraron la relación del grupo hidroximetilo en la actividad leishmanicida. *Eucalyptus* sp. y *Maprounea* sp. mostraron la mejor actividad antiplasmodio, sin efecto citotóxico ni hemolítico.

Conclusiones. La actividad demostrada para los metabolitos derivados del extracto de *B. tola*, sugiere que dichos metabolitos pueden convertirse en moléculas "hit" para continuar el desarrollo de un medicamento contra la leishmaniasis. Para los extractos de *Eucalyptus* sp. y *Maprounea* sp., es necesario continuar los estudios biodirigidos para identificar los metabolitos activos.

..... ☙☙☙

213. Utilidad de la ecografía en el seguimiento de la infección por *Leishmania infantum* en el modelo hámster (*Mesocricetus auratus*)

Javier Murillo¹, Lina Carrillo¹, Bernardo Rodríguez², Sara Robledo¹

¹ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET), Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Laboratorio de Patología Animal, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. En la última década se ha venido impulsando el desarrollo de nuevos tratamientos para la leishmaniasis. Los modelos animales cumplen un papel fundamental, ya que de los resultados obtenidos en las infecciones experimentales depende la continuación hacia las fases clínicas de evaluación de la seguridad y la eficacia del nuevo tratamiento. El modelo de leishmaniasis visceral por *Leishmania infantum* en el hámster, aunque adecuado, presenta dificultades, no solo en la determinación del establecimiento de la infección, sino además, en su seguimiento, ya

que dicha infección transcurre sin signos clínicos evidentes diferentes a la pérdida sutil de peso (que a veces se enmascara con ascitis).

Objetivo. Validar el uso de la ecografía como herramienta útil en el seguimiento de la infección, sin necesidad de recurrir a procedimientos invasivos, lo cual reduce el número de animales requeridos.

Materiales y métodos. Se inocularon intraperitonealmente hámsteres dorados (*Mesocricetus auratus*), juveniles y de ambos sexos, con

promastigotes de *L. infantum*. El seguimiento de la infección se hizo semanalmente durante tres meses mediante control ecográfico y del peso corporal. Los hallazgos ecográficos se correlacionaron con la carga parasitaria determinada por qRT-PCR en muestras de hígado y sangre.

Resultados. No se evidenció disminución en la ganancia de peso. Los hallazgos ecográficos más comunes fueron congestión hepática y dilatación venosa, parénquima hepático y renal heterogéneo,

bazo con bordes irregulares e hipoeoico, y ascitis leve. Las mayores variaciones ecográficas se observaron en los animales con mayor carga parasitaria en sangre e hígado.

Conclusiones. La ecografía abdominal es útil para detectar cambios sensibles en los órganos afectados por *L. infantum* y facilita la toma de biopsia hepática para la determinación de la carga parasitaria. Se sugiere que el peso no es un parámetro fiable que indique infección.

..... ❀ ❀ ❀

214. Optimización del método de evaluación de medicamentos con actividad leishmanicida usando *Leishmania tarentolae* fluorescente en comparación con *Leishmania tarentolae* silvestre

Yesenia Valencia, Tatiana Pineda, María F. Flórez, Sara Robledo

Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET),
Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La leishmaniasis es un problema de salud pública en los países endémicos. La búsqueda de alternativas terapéuticas es una prioridad debido a la gran toxicidad de los medicamentos actuales y el poco cumplimiento del tratamiento que conlleva a la aparición de resistencia. En la búsqueda de alternativas terapéuticas, es necesario generar modelos experimentales *in vitro* que permitan la evaluación de medicamentos de manera efectiva, fácil y segura. Por ello, las evaluaciones sobre *Leishmania tarentolae*, una especie no patógena para humanos, representa una alternativa porque se puede manipular en laboratorios de baja complejidad, facilitando la evaluación de candidatos a medicamentos.

Objetivo. Asociar al genoma de *L. tarentolae* la proteína verde fluorescente y comparar *in vitro* el comportamiento de la cepa fluorescente con el de la cepa silvestre, mediante citometría de flujo, microscopía de fluorescencia y fluorometría.

Materiales y métodos. Se generó la cepa de *L. tarentolae* que expresaba la proteína verde fluorescente a partir de un vector de integración, que sustituye a una copia del ARN 18S en el cromosoma con la secuencia codificante de dicha proteína mediante recombinación homóloga. La cepa fluorescente y la silvestre se compararon según la curva de crecimiento, el perfil de sensibilidad a los medicamentos leishmanicidas estándar y la capacidad infecciosa en células U937.

Resultados. *Leishmania tarentolae* fluorescente se comportó de manera similar a la cepa silvestre, lo cual indica que el constructo no afectó su viabilidad. Con las metodologías empleadas, se logró que el constructo fuera estable a lo largo del tiempo.

Conclusión. La cepa *L. tarentolae* fluorescente se puede utilizar como modelo de experimentación *in vitro* para laboratorios con cualquier nivel de bioseguridad, que se dediquen a la búsqueda de nuevos medicamentos leishmanicidas.

..... ❀ ❀ ❀

215. Sensibilidad *in vitro* diferencial a medicamentos anti-*Leishmania* entre especies de *Leishmania* presentes en América

Génesis Palacios, Adriana Parodi, Yulieth Upegui, Carol Mesa, Iván Vélez, Sara Robledo

Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET), Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La leishmaniasis es un problema de salud pública a nivel mundial para cuyo tratamiento existen pocas alternativas. Por ello, es urgente desarrollar mejores medicamentos. La Organización Mundial de la Salud recomienda tratar los casos no complicados de leishmaniasis cutánea según la especie. Sin embargo, la respuesta al tratamiento difiere según la especie de *Leishmania* causante del cuadro clínico, lo que sugiere que existe una sensibilidad diferencial entre especies de *Leishmania*, que puede ser responsable de los fracasos terapéuticos.

Objetivo. Validar *in vitro* los diferentes niveles de sensibilidad a los medicamentos antileishmania actualmente disponibles.

Materiales y métodos. Se evaluó la sensibilidad a isetionato de pentamidina, miltefosina y anfotericina B, en amastigotes intracelulares de *Leishmania panamensis*, *L. braziliensis*, *L. guyanensis*, *L. mexicana* y *L. amazonensis*, usando cuatro diluciones seriadas de cada medicamento. El efecto se evaluó por citometría de flujo en parásitos transfectados con el gen de la proteína verde fluorescente.

Resultados. *Leishmania panamensis* y *L. amazonensis* fueron muy sensibles al isetionato de pentamidina (CE_{50} de 2,95 y 12,2 $\mu\text{g/ml}$, respectivamente) mientras que *L. braziliensis*, *L. guyanensis* y *L. mexicana* mostraron sensibilidad moderada (CE_{50} de 27,2, 40,6 y 44,5 $\mu\text{g/ml}$, respectivamente). Por su parte, todas las especies de *Leishmania* fueron muy sensibles a la anfotericina B, con valores de CE_{50} que oscilaron entre 0,2 y 0,3 $\mu\text{g/ml}$. Por el contrario, todas las especies fueron moderadamente sensibles a la miltefosina, con valores de CE_{50} de 36,3 $\mu\text{g/ml}$ para *L. braziliensis*, de 39,1 $\mu\text{g/ml}$ para *L. mexicana*, de 44,0 $\mu\text{g/ml}$ para *L. guyanensis*, y de 46,2 $\mu\text{g/ml}$ para *L. amazonensis* y *L. panamensis*. Aunque sólo se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre especies cuando se expusieron a isetionato de pentamidina, todas las especies fueron sensibles.

Conclusiones. Las variaciones en la sensibilidad a los medicamentos empleados para el tratamiento de la leishmaniasis entre especies, son leves y, por lo tanto, no afectan la efectividad del medicamento.

..... ☙☙☙

216. Actividad antiprotozoaria de hidrazonas quinolónicas

Juan Carlos Coa¹, Wilson Castrillon¹, Wilson Cardona¹, Miguel Carda², Victoria Ospina³,
Judy Andrea Muñoz³, Iván D. Vélez³, Sara M. Robledo³

¹Química de Plantas Colombianas, Instituto de Química, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

²Departamento de Química Inorgánica y Orgánica, Universidad Jaume I, Castellón de la Plana, España

³Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET), Sede de Investigación Universitaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La leishmaniasis cutánea y la enfermedad de Chagas son enfermedades parasitarias transmitidas por vectores y causan graves riesgos a millones de personas que viven en zonas afectadas por la pobreza. Ambas son un problema de salud importante en América Latina y, en la actualidad, los fármacos para su tratamiento presentan importantes problemas relacionados con la eficacia o la toxicidad, que es necesario abordar.

Objetivo. Presentar la actividad biológica (citotoxicidad, leishmanicida y actividades tripanocidas) de diez híbridos quinolina-hidrazona.

Materiales y métodos. Los compuestos se evaluaron contra amastigotes de *Leishmania* (*V. panamensis*, que es la especie de *Leishmania* de mayor prevalencia en Colombia, y *Trypanosoma cruzi*, que son las principales especies patógenas para los seres humanos. Se evaluó la citotoxicidad contra los macrófagos humanos U-937.

Resultados. Los compuestos 6b, 6c y 8 mostraron actividad contra *L. (V) panamensis* con EC_{50} de $6,5 \pm 0,8$ mg/ml ($21,2 \mu M$), $0,8 \pm 0,0$ mg/ml ($2,6 M$) y $3,4 \pm 0,6$ mg/ml ($11,1 M$), respectivamente. Los compuestos 6a y 6c tuvieron actividad contra *T. cruzi*, con valores de EC_{50} de $1,4 \pm 0,3$ mg/ml ($4,8 M$) y $6,6 \pm 0,3$ mg/ml ($4,6 mM$), respectivamente. Incluso, el compuesto 6a mostró mejor actividad frente a *T. cruzi* que el benznidazol, medicamento estándar con EC_{50} de $10,5 \pm 1,8$ mg/ml ($40,3 M$).

Conclusiones. Los resultados obtenidos contra la leishmaniasis indican que la actividad antiparasitaria se relaciona con la presencia de quinolina 2-sustituida (núcleo isoquinolínicos) y el grupo hidroxilo en las posiciones 3 y 4 del anillo aromático. Aunque la mayoría de estos compuestos eran muy citotóxicos, la actividad antiparasitaria fue mayor que la citotoxicidad y, por tanto, se consideran como moléculas candidatas para el desarrollo de nuevos fármacos antiprotozoarios.

..... ☪ ☪ ☪

Tema 16

ENVENENAMIENTO POR ANIMALES, PLANTAS O MICROORGANISMOS – TOXINOLOGÍA

217. *Lonomia antivenom recovers coagulopathy induced by Lonomia achelous* bristles extracts from Colombia

Isabelle V. Anjos¹, Camila González², Nazario Rivera³, Roberto H. P. Moraes⁴,
Luís R. C. Gonçalves¹, Ida S. Sano-Martins¹

¹ Laboratório de Fisiopatologia, Instituto Butantan, São Paulo, Brasil

² Centro de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Tropical, CIMPAT, Facultad de Ciencias, Universidad de los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

³ Secretaría de Salud de Casanare, Tauramena, Colombia

⁴ Laboratório Especial de Coleções Zoológica, Instituto Butantan, São Paulo, Brasil

Introduction. Numerous cases of accidental envenoming caused by skin contact with *Lonomia* (*L.*) *obliqua* and *L. achelous* caterpillars have been reported in South America. Since 1995, skin contact with *L. obliqua* caterpillars has been treated successfully using *Lonomia* antivenom produced in Brazil, which is effective for normalizing coagulation disturbances and hemorrhagic syndrome, reducing the number of fatal cases. Similar envenoming has been reported in Colombia. Some fatal cases and other patients who were treated successfully with *Lonomia* antivenom have been reported, but there are no experimental studies showing the efficacy of *Lonomia* antivenom in neutralizing envenomation induced by *L. achelous* toxins.

Objective. In this study we experimentally evaluated the effectiveness of *Lonomia* antivenom in reversing the envenoming symptoms induced by *L. achelous* bristle extract in rats.

Methods. *Lonomia achelous* bristles extract was obtained from a colony of 50 individuals of 5th-6th instars, collected in Casanare, Colombia. Five individuals were raised to adults to perform

taxonomical identification. Rats were injected (*i.d.*) with 100 µg of bristle extract and 2 hours after, one group was treated (*i.v.*) with 1 ml of *Lonomia* antivenom, and other group received saline (*i.v.*) instead of *Lonomia* antivenom and hematological parameters were evaluated 24 hours after treatment.

Results. Two hours after envenoming, rats presented hemoglobinuria and uncoagulable blood. Twenty-four hours after the treatment, hematological results (*Lonomia* antivenom vs. saline treated groups) showed fibrinogen (0.72 ± 0.19 vs. 0.10 ± 0.01 g/L), platelets (567.6 ± 146.1 vs. $330.7 \pm 85.2 \times 10^9$ /L), hematocrit (43 ± 1 vs. 31 ± 10 %) and hemoglobin (130 ± 0.1 vs. 97 ± 29 g/L). Thromboelastometry analyses confirmed these data. All these parameters presented statistically significant differences ($p \leq 0.05$) between groups treated with saline and *Lonomia* antivenom.

Conclusion. These results show that *Lonomia* antivenom is effective in neutralizing and recovering the envenomation symptoms induced by *L. achelous* in rats.



218. Caracterización proteómica y biológica del veneno de *Micrurus dumerilii*

Paola Rey-Suárez, Vitelbina Núñez, Bruno Lomonte

Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia; Universidad de Costa Rica, San Pedro, Costa Rica

Introducción. En Colombia ocurren aproximadamente de 4.200 a 4.211 accidentes ofídicos

al año, de los cuales el 2,8 % son ocasionados por serpientes coral. *Micrurus dumerilii*

es la segunda especie de mayor distribución e importancia clínica.

Objetivo. Conocer la composición del veneno de *M. dumerilii* y los efectos biológicos asociados.

Materiales y métodos. Las proteínas del veneno de *M. dumerilii* se separaron por RP-HPLC, SDS-PAGE, se digirieron en gel con tripsina y se asignaron a familias mediante espectrometría de masas MALDI-TOF/TOF. Las actividades biológicas evaluadas *in vivo* fueron: letalidad, miotoxicidad, capacidad de edema y capacidad hemorrágica; *in vitro*, se evaluaron las actividades proteolítica, citotóxica, de la fosfolipasa A₂ y de la L-aminoácido oxidasa. Para el análisis de los datos se empleó ANOVA de una y dos vías y la prueba t de Student.

Resultados. Los componentes del veneno identificados fueron fosfolipasas A₂ (52 %), neurotoxinas de tres dedos (28,1 %) y, en menor proporción,

inhibidores de tipo Kunitz, L-aminoácido oxidasas, fosfolipasas B, metaloproteasas, serinoproteasas, hialuronidasas, fosfodiesterasas, lectinas de tipo C, nucleotidasas y algunos componentes no proteicos. El veneno tuvo una DL₅₀ de 1,05 µg/g, además fue miotóxico, productor de edema, proteolítico y procoagulante, pero careció de actividad citotóxica y hemorrágica.

Conclusiones. El veneno de *M. dumerilii* es letal e induce significativos daños en el tejido muscular, lo cual está asociado con el gran contenido de fosfolipasas. Es levemente productor de edema, proteolítico y procoagulante; y carece de actividad citotóxica y hemorrágica. La composición de *M. dumerilii* mostró diferencias con la descrita para el veneno de *M. mipartitus*, lo cual sugiere que el veneno de *M. dumerilii* podría ser necesario en la formulación de la mezcla inmunizante para la producción de un antídoto anticoral para el país.

..... ☸☸☸

219. Identificación de las secuencias codificantes para proteínas de tres dedos en la glándula venenosa de *Micrurus mipartitus*, serpiente coral rabo de ají

Uday Torres¹, Vitelbina Núñez^{1,2}, Marcel Marín^{3,4}

¹ Programa de Ofidismo/Escorpionismo, Facultad de Ciencias Farmacéuticas y Alimentarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET), Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁴ Grupo de Bacterias y Cáncer, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. Los venenos de las serpientes son mezclas complejas de sustancias proteicas y no proteicas, con diferentes actividades biológicas. En América, la familia Elapidae está representada por las serpientes de los géneros *Micrurus*, *Micruroides* y *Leptomicrurus*, o serpientes coral. Sus venenos causan efectos principalmente neurotóxicos, los cuales pueden provocar parálisis respiratoria y la muerte. La producción de antídotos está supeditada a la disponibilidad del veneno; lo anterior se debe a la poca adaptación de las corales al cautiverio y la escasa cantidad de veneno producida por cada ejemplar. En trabajos previos se encontró mediante proteómica, que las toxinas de tres dedos son las más abundantes en el veneno de la coral rabo de ají (*Micrurus mipartitus*) y son las principales responsables de su toxicidad.

Objetivo. Identificar los genes codificantes para estas toxinas y, a partir de ellos, obtener las secuencias completas de las toxinas para su posterior producción en forma recombinante.

Materiales y métodos. A la glándula venenosa de un ejemplar fallecido de *M. mipartitus*, de la colección del serpentario de la Universidad de Antioquia, se le extrajo el ARNm. A partir de este, se hizo la retrotranscripción a ADNc y se amplificaron por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) las secuencias para las toxinas de tres dedos con iniciadores para la región 3' y 5' UTR. Estos amplificados fueron clonados en el vector pGEMT-easy y en *Escherichia coli* DH5α. Finalmente, se aislaron 20 clones, los cuales fueron secuenciados.

Resultados. Se identificaron tres secuencias codificantes para toxinas de tres dedos de cadena corta, dos de ellas de 60 aminoácidos, y la tercera de 58 aminoácidos.

Conclusiones. Una de las secuencias identificada de las toxinas de tres dedos presentes en la glándula venenosa de *M. mipartitus*, perteneció a la mipartoxina-I descrita previamente; las otras dos presentaron porcentajes de identidad de 60 a 86 % entre ellas.

Tema 17

MODELOS DE EXPERIMENTACIÓN ANIMAL

220. *In vitro* development of *Haemoproteus columbae* (Haemosporida: Haemoproteidae), a widespread dove blood parasite

Arelis A. Coral¹, Gediminas Valkiūnas², Angie D. González¹, Nubia E. Matta¹

¹Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

²Nature Research Centre, Akademijos 2, Vilnius, Lithuania

Introduction. Knowledge of factors that affect parasite development is essential to develop infection control strategies. *Haemoproteus columbae* Kruse 1980, is an avian haemosporidian parasite, which is specific to pigeons and doves (Columbiformes) and is transmitted by *Pseudolynchia canariensis* (Diptera, Hippoboscids), has been an important model in the study of avian haemosporida, and it is a suitable model to obtain more information about the biology of gametogenesis of these parasites.

Objective. To investigate *in vitro* gametogenesis and ookinete to characterize the development of *H. columbae* at different temperatures under controlled laboratory conditions over 48 hours.

Materials and methods. The naturally *Columba livia* (rock pigeon) was sampled in Bogotá (Colombia) by brachial vein puncture, and the exflagellation process was initiated. The morphological events leading to the exflagellation, fertilization and ookinetes were followed *in vitro* for 48 hours, at 40 °C, 19 °C and 15 °C.

Results. Morphological and morphometric features of these stages *in vitro* were described

and illustrated. Macrogametes, microgametes, zygotes and initial stages of ookinete development were observed at all temperatures; ookinetes developed only at 40 °C. The largest diversity of sporogonic stages of *H. columbae* were present at 40 °C. However, exflagellation, fertilization of macrogametes and development of immature ookinetes were also observed at 15 °C and 19 °C.

Conclusions. These findings imply a requirement of high temperature for completing development of ookinetes of *H. columbae*. The largest diversity and the number of sporogonic stages of *H. columbae* are present at 40 °C. However, parasites can also exflagellate, fertilize macrogametes and produce immature ookinetes at 15 °C. This study shows that species of the subgenus *Haemoproteus* readily exflagellate *in vitro* conditions and numerous microgametes develop, as is the case in *Parahaemoproteus* spp. We recommend this procedure for obtaining large amounts of pure DNA for genomic studies of species of the subgenus *Haemoproteus*.

..... ☞☞☞

Tema 18

RESISTENCIA MICROBIANA (BACTERIANA, FÚNGICA, PARASITARIA O VIRAL)

221. Estudio de genes de *Trypanosoma* spp. posiblemente involucrados en la resistencia a benznidazol, mediante aproximaciones de genómica funcional

Claudia L. Jaramillo¹, María C. Echeverry¹, Ana M. Mejía-Jaramillo², Omar Triana-Chaves²

¹ Laboratorio de Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de Biología y Control de Enfermedades Infecciosas, BCEI, Sede de Investigación Universitaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La prevención y el tratamiento de la enfermedad de Chagas conllevan una serie de dificultades que han impedido un efectivo control de la transmisión. El nifurtimox y el benznidazol han demostrado ser útiles en el tratamiento de la fase aguda de la enfermedad y, por el contrario, existe mucha controversia sobre su utilización en la fase crónica. El fracaso terapéutico en la enfermedad de Chagas se ve agravado por la resistencia que muestran algunos aislamientos de *Trypanosoma cruzi* a los fármacos disponibles. Se ha demostrado que esta resistencia puede estar presente naturalmente y se sabe que la enzima parasitaria nitrorreductasa I está involucrada en el mecanismo de acción y de resistencia del nifurtimox y el benznidazol. En un trabajo previo del Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas (BCEI), se hizo un análisis comparado del transcriptoma en clones sensibles y resistentes al benznidazol. El análisis del transcriptoma permitió identificar una lista de genes candidatos con expresión diferencial, que podrían estar involucrados en las vías de resistencia a este fármaco. Sin embargo, los datos producidos por ensayos de alto rendimiento requieren una rápida validación experimental.

Objetivo. Presentar la evaluación experimental de dos genes detectados con expresión diferencial

entre clones de *T. cruzi* sensibles y resistentes al benznidazol.

Metodología. Se utilizó una aproximación de silenciamiento génico (*knock down*) mediante la utilización de un sistema inducible de ARN de interferencia (RNAi) de los genes ortólogos en el contexto de *Trypanosoma brucei*. Se hizo el análisis de sensibilidad al benznidazol y la determinación del IC₅₀ mediante el método de resazurina, y se hizo la citolocalización de las proteínas, mediante la introducción de una etiqueta de detección c-myc.

Resultados. Se determinó el IC₅₀ del benznidazol en formas sanguíneas de *T. brucei*, en las que los genes de interés habían sido silenciados y se hizo la comparación con *T. brucei* que expresan de manera regular los genes de interés. Esto permitió establecer que los genes estudiados podrían estar expresados de manera diferencial por un mecanismo compensatorio y no parecen jugar un rol directo en la resistencia.

Conclusión. Se evaluaron funcionalmente dos genes ortólogos de *T. cruzi*, en el modelo de *T. brucei*, y se determinó su rol en cuanto a crecimiento parasitario y respuesta *in vitro* al tratamiento con benznidazol.

..... ☞☞☞

222. Caracterización clínica y parasitológica de pacientes con cuadro de leishmaniasis cutánea en el fracaso terapéutico con Glucantime®

María C. Echeverry¹, Jairo E. Pérez-Franco^{2,3}, Mónica L. Cruz-Barrera¹, Marta L. Robayo^{3,4}, Myriam C. López¹, Ángela Bedoya^{3,4}, María L. Mariño^{3,4}, Carlos A. Daza⁴, Carlos H. Saavedra²

¹ Laboratorio de Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

² Departamento de Medicina Interna, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

³ Hospital Militar Central, Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Facultad de Medicina, Universidad Militar Nueva Granada, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Los antimoniales pentavalentes son los medicamentos de primera línea para el tratamiento de la leishmaniasis cutánea en Colombia. El fracaso terapéutico con estos medicamentos es de alrededor del 25 % en leishmaniasis cutánea y es multifactorial. A la fecha, no existe un medicamento más efectivo que los antimoniales pentavalentes para esta enfermedad.

Objetivo. Describir el perfil clínico y parasitológico de una cohorte de pacientes con diagnóstico de leishmaniasis cutánea que presentaron fracaso o recidiva después del tratamiento con antimoniales pentavalentes, para entender cómo se configura un cuadro de fracaso terapéutico en esta enfermedad.

Materiales y métodos. Se trata de una serie de casos con muestreo por conveniencia (43 pacientes con fracaso terapéutico que habían recibido, por lo menos, un ciclo completo, 20 días de Glucantime®, 20 mg/kg/día), con caracterización clínica, paraclínica, epidemiológica y parasitológica.

Resultados. El 95,5 % de las infecciones correspondió a *Leishmania braziliensis* y el 2 %, a *L. guyanensis*. El parásito se aisló en 53,3 %

de los pacientes. Se calculó la dosis inhibitoria 50 de Glucantime® para el crecimiento *in vitro* de las formas intracelulares y se encontró que el 35 % de los aislamientos presentan una sensibilidad 5 a 10 veces menor al Glucantime® (grado de resistencia) que la de un aislamiento de referencia.

Los aislamientos provinieron predominantemente de la Orinoquia y la Amazonia, y el grado de resistencia mostró una correlación negativa con la capacidad infecciosa *in vitro* ($r=-0,726$; $IC_{95\%} -0,890$ a $-0,393$) ($p=0,0004$) y con el tamaño de la lesión ($r=-0,548$; $IC_{95\%} -0,813$ a $-0,0941$), ($p=0,0185$). La correspondencia entre mayor número de ciclos recibidos y la resistencia parasitaria, fue muy significativa ($p<0,01$).

Conclusión. La especie predominante en los pacientes con leishmaniasis cutánea con fracaso terapéutico fue *L. braziliensis*, la resistencia parasitaria no explicó el 65 % de los casos de fracaso terapéutico y los pacientes expuestos previamente a antimoniales pentavalentes son propensos a presentar recidivas o reinfecciones con *Leishmania* spp. resistente a antimoniales pentavalentes.

..... ☞☞☞