

## Simposios

### S1-01. Toxocariasis: una zoonosis reemergente

Jorge Enrique Gómez Marín

Centro de Investigaciones Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Quindío

**Introducción:** La toxocariasis es una helmintiasis presente en perros y gatos domésticos. La infección en los niños puede dar lugar al síndrome de *larva migrans*, que puede resultar en la presencia de larvas intravítreas, lo cual, en caso de una respuesta inflamatoria seria, lleva a la pérdida funcional del ojo afectado. En los últimos años, hemos observado un aumento de casos de toxocariasis ocular en la consulta de medicina tropical del Centro de Salud de la Universidad del Quindío. Varios de estos casos, en niños entre 5 y 13 años, han resultado en la pérdida definitiva de la visión en el ojo afectado.

**Métodos:** Se hicieron estudios situacionales de casos en campo.

**Resultados:** Durante los estudios de caso, se encontró un alto grado de exposición en convivientes y vecinos de los casos índice; además, se observó un alto grado de exposición a heces caninas en los sitios visitados. En una revisión sistemática reciente de la epidemiología de la toxocariasis, se encontró una correlación entre mayor seroprevalencia y precipitación.

**Conclusiones:** La toxocariasis podría ser una zoonosis cuya reemergencia estaría ligada a anomalías de precipitación ocasionadas por el cambio climático global. Se requieren estudios epidemiológicos urgentes a nivel nacional en las ciudades sometidas a precipitaciones intensas y sobrepoblación canina y felina, que caractericen e identifiquen la situación de esta parasitosis y los factores determinantes para su aparición.

**Palabras clave:** toxocariasis, cambio climático, zoonosis, helmintiasis

**S1-02. Integralidad de la investigación básica, aplicada e innovadora en *Giardia* a lo largo del tiempo al servicio de la salud pública**

Adriana Arévalo Jamaica<sup>1</sup>, Sofía Duque Beltrán<sup>1</sup>

Instituto Nacional de Salud, Dirección de Investigación en Salud Pública, Laboratorio de Parasitología

**Antecedentes:** La giardiosis es una infección intestinal causada por el protozoo *Giardia* y su prevalencia está asociada al saneamiento ambiental inadecuado. El diagnóstico del parásito se realiza visualizándolo en heces mediante microscopía. Sin embargo, *Giardia* presenta excreción intermitente, como se ha demostrado en el jerbo, modelo animal para la giardiosis.

El grupo de investigación y multidisciplinario desarrolló, independientemente, en conejo y gallina, anticuerpos policlonales IgG e IgY anti-aislamientos colombianos de *Giardia*, respectivamente. Los anticuerpos policlonales IgG anti-aislamientos colombianos de *Giardia* han sido utilizados en estandarizaciones y evaluaciones mediante el ensayo inmunoenzimático (ELISA) directo e indirecto y dot-ELISA para detectar antígenos de *Giardia* en heces de jerbo y humanas, con sensibilidades que oscilan entre el 72 y el 100 %, y especificidades entre el 81 y el 100 %, respectivamente.

La detección de metabolitos de excreción y secreción (antígeno) de *Giardia* en heces utilizando anticuerpos policlonales anti-*Giardia* desarrollados contra aislamientos del parásito circulantes en la región, permite confirmar la infección en el huésped, aun cuando no se observen formas parasitarias al microscopio.

Con el propósito de mejorar la especificidad y evaluar la utilidad de los anticuerpos policlonales IgY anti-aislamientos colombianos de *Giardia*, se expresaron antígenos recombinantes específicos de excreción o secreción, y otro causante de enfermedad y, con ellos, un ELISA sándwich indirecto para tal fin. Por medio de la innovación de la tecnología aplicable para la detección específica de antígenos de *Giardia* en heces y su posible comercialización en un estuche inmunodiagnóstico, la tecnología se protegió mediante patente.

Actualmente, se desarrollan proteínas recombinantes de *Entamoeba histolytica* patógena y *Cryptosporidium* spp., para incluirlas en el estuche diagnóstico.

**Palabras clave:** *Giardia*, anticuerpos policlonales, ELISA, antígenos recombinantes

### **S1-03. Experiencias para el control del complejo teniasis-cisticercosis en países endémicos**

Julio César Giraldo Forero<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Universidad INCCA de Colombia, UNINCCA, Programa de Biología

<sup>2</sup> Universidad Militar Nueva Granada, UMNG, Facultad de Medicina

El complejo teniasis-cisticercosis es una zoonosis en la cual el hombre es el huésped definitivo del estadio adulto del parásito *Taenia solium* (lombriz solitaria) y, el cerdo, el intermediario de la fase larval o cisticerco en el ciclo natural.

La cisticercosis humana se adquiere al ingerir los huevos del parásito que proceden de una persona portadora de la fase adulta, con la probabilidad de padecer neurocisticercosis, enfermedad grave que afecta el sistema nervioso central.

La Organización Mundial de la Salud (OMS) clasifica esta parasitosis como una enfermedad infecciosa desatendida y la considera potencialmente eliminable por el hecho de que la forma adulta del parásito se desarrolla únicamente en el humano, lo cual puede evitarse al mejorar las condiciones de acceso a agua potable, saneamiento ambiental, estabulación de los cerdos y planes de educación.

Países endémicos como los africanos Tanzania y Mozambique, asiáticos como China, República Democrática Lao, India y Nepal, y latinoamericanos como México, Perú, Honduras, Venezuela y Bolivia, han trazado planes de control y posible eliminación de esta parasitosis con acciones que han demostrado disminución de la incidencia y de la prevalencia de la enfermedad, implementando estrategias de educación, mejora de hábitos higiénicos, vacunación y tratamiento de los animales con cisticercosis, y diagnóstico y tratamiento de las personas con teniasis.

En Colombia, se adelanta un “*Plan nacional e intersectorial para la eliminación del complejo teniasis/cisticercosis en Colombia, 2021-2031*”, basado en la vacunación de los animales, y la desparasitación y educación de las comunidades de las áreas endémicas.

**Palabras clave:** *Taenia solium*, cisticercosis, control, eliminación, plan nacional

**S1-04. ¿Es posible el control de *Fasciola hepatica* con *Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats* (CRISPR)?**

Luis Reinel Vásquez Arteaga

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

La distomatosis hepática es una de las enfermedades tropicales desatendidas zoonóticas de mayor distribución a nivel mundial; es causada por los trematodos *Fasciola hepatica* y *F. gigantica*. En su ciclo de vida, participan caracoles de agua dulce de la familia Lymnaeidae. Afecta frecuentemente al ganado bovino, pero otros huéspedes están comprometidos, entre estos, el ser humano.

Se estima que, a nivel mundial, 2,6 millones de personas se encuentran infectadas y, aproximadamente, 180 millones están en riesgo. A nivel mundial, se estima una pérdida económica por el impacto en la producción pecuaria por encima de USD\$ 3.000 billones al año, mientras que, en Colombia para 1996, fue de COP\$ 12.483 millones anuales y, en el departamento del Cauca, con un estudio serológico en ganado bovino en una central de sacrificio, fue de USD\$ 2'000.000, aproximadamente.

Se han desarrollado diferentes estrategias para el control de la distomatosis hepática con base en estudios epidemiológicos y ambientales con la comunidad e institucionalidad, intervención farmacológica y establecimiento de una red de vigilancia y, hoy día, la utilización de sistemas de información. Las intervenciones a nivel molecular en trematodos son escasas.

La metodología CRISPR (*Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats*) se ha utilizado en *Opisthorchis* y *Schistosoma*. Esta metodología se podría utilizar en *F. hepatica* para intervenir en los estadios del parásito, así como posiblemente en el huésped intermediario; claro, es una hipótesis que valdría la pena explorar en zonas endémicas como las registradas en Colombia y en algunas regiones como el Cauca.

**Palabras clave:** *Fasciola hepatica*, distomatosis hepática, CRISPR, Colombia

## **S2-01. Sylvatic reservoirs of leishmaniasis and the importance of these for public health**

André Luiz Rodrigues Roque

Instituto Oswaldo Cruz/Fiocruz, Rio de Janeiro, Brasil

*Leishmania* species are zoonotic multi-host parasites that are responsible for visceral and cutaneous leishmaniasis.

In the Americas, visceral leishmaniasis is caused by *Leishmania infantum*, a parasite introduced by domestic dogs after America's colonization, which are its main reservoir host. Despite this recent introduction, *L. infantum* is found infecting mammals from other taxa, both in urban and sylvatic focuses. Some bat, rodent and marsupial species can be found infected in urban areas although these synanthropic mammals are rarely considered in public policies. In the wild, Primate, Pilosa, Carnivora and Chiroptera are some of the mammal orders already found infected by *L. infantum* in Americas.

Cutaneous leishmaniasis are related to different *Leishmania* species whose transmission is associated to sylvatic mammals and vectors, occurring also in anthropized areas surrounding urban centers. Different enzootic scenarios are recognized for each one of the *Leishmania* species associated with cutaneous leishmaniasis, for example: *L. guyanensis*, sloths and arboreal strata; *L. naiffii*, armadillo and terrestrial refuges; and *L. mexicana/L. amazonensis* and caviomorph rodents. *Leishmania braziliensis* is a heterogeneous parasite already found infecting species from Didelphimorphia, Rodentia, Primata, Carnivora and Chiroptera orders throughout South America.

Contrasting the knowledge about the role played by dogs in visceral leishmaniasis, the cutaneous leishmaniasis reservoirs are still unknown, and transmission is probably not related to a unique reservoir host, but to an assemblage of species responsible for parasite maintenance and transmission. Understanding the factors involved in the amplification of enzootic foci is essential to support effective and sustainable strategies for leishmaniasis surveillance.

**Key words:** reservoirs, leishmania, mammals, public health, investigation

**S2-02. Enzootic cycle of *Trypanosoma cruzi*: Environmental diagnosis and sentinel dogs**

Samanta Cristina das Chagas Xavier, Ana María Jansen  
Instituto Oswaldo Cruz/Fiocruz, Rio de Janeiro, Brasil

As a multi-host and paninfective parasite, *Trypanosoma cruzi* (Trypanosomatidae, Kinetoplastea) is maintained in nature by complex transmission cycles in which humans can be part and develop Chagas disease.

Currently, transmission of *T. cruzi* to humans occurs predominantly in the Amazon, through ingestion of food contaminated by wild, non-domiciled and infected triatomines. This new epidemiological framework requires new surveillance and control strategies for rapid adoption of control measures.

Here we propose three axes of action:

- 1) To monitor *T. cruzi* infection in domestic dogs as sentinels of the presence of an enzootic cycle happening in the vicinity of human living areas. Dogs are easily handled and traceable and it has already been shown that from six months onwards, when they start to roam in the environment, they may be exposed to *T. cruzi*. Localities where 30% of dogs display serological titers above 1:40 are areas of enzootic transmission.
- 2) The performance of the Chagas Lateral Flow Immunochromatographic Rapid Test (Bio-Manguinhos) that was evaluated and validated in house to use still in the field for the serological diagnosis of *T. cruzi* infection of dogs.
- 3) To conduct a spatial analysis and predictive models to implement socio-educational measures in risk areas to avoid new outbreaks and cases of Chagas disease, one of the most neglected diseases in Latin America, but that is increasingly expanding in the south of the United States and elsewhere in the world by migratory movements.

**Key words:** *Trypanosoma cruzi*, sentinel hosts, spatiotemporal monitoring, modelling

### **S2-03. Efecto de la transformación ecosistémica sobre el ciclo de transmisión vectorial de la enfermedad de Chagas**

Plutarco Urbano<sup>1,2</sup>, Camila González Rosas<sup>2</sup>, Diana Carolina Hernández<sup>3</sup>, Natalia Velásquez<sup>3</sup>, Nathalia Ballesteros<sup>3</sup>, Luisa Páez<sup>3</sup>, Cielo Maritza León<sup>2</sup>, Juan David Ramírez<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Grupo de Investigaciones Biológicas de la Orinoquía, Universidad Internacional del Trópico Americano, Yopal, Colombia

<sup>2</sup> Centro de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Tropical (CIMPAT), Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

<sup>3</sup> Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología-UR (CIMBIUR), Facultad de Ciencias Naturales, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

**Antecedentes:** *Trypanosoma cruzi* es el agente etiológico de la enfermedad de Chagas, la cual afecta a millones de personas en Colombia y el mundo. Aunque se conoce la transmisión vectorial como principal mecanismo de infección, no hay claridad sobre las principales fuentes alimenticias de los insectos en medio estrictamente silvestre, su forma de selección y su relación con la condición de conservación del hábitat.

**Métodos:** Los muestreos fueron realizados entre el 2019 y el 2021, en bosques con distintos tamaños y grados de fragmentación en zonas de sabana inundable del departamento de Casanare, Colombia.

**Resultados:** Los resultados preliminares muestran que la microdistribución espacial, densidad poblacional y colonización del vector varían con el grado de fragmentación del ecosistema. Además, los índices promedios de infección por *T. cruzi* encontrados tanto en reservorios (10,58 %) como en los insectos (91,26 %), presentan valores inversamente proporcionales al tamaño de los bosques. La variación de las fuentes alimenticias encontradas, indica recambio de especies de reservorios según la fragmentación, lo cual disminuye la composición de la oferta de alimento a medida que disminuye el tamaño del bosque.

**Conclusiones:** La fragmentación de los bosques, y especialmente de los palmares silvestres, afecta el éxito de la colonización y el establecimiento de *R. prolixus*. Además, los grandes valores de los índices de infección por *T. cruzi* encontrados en áreas fragmentadas, y demás índices poblacionales como infestación, agrupamiento y densidad, muestran el potencial riesgo que representan los procesos de fragmentación de bosques naturales en la transmisión de la enfermedad de Chagas a las personas desde ambientes silvestres.

**Palabras clave:** Orinoquia, palmas silvestres, reservorios, Chagas

**S2-04. Ecoepidemiología de huéspedes de *Trypanosoma cruzi* en Colombia: el papel en los ciclos de transmisión**

Omar Cantillo-Barraza

Laboratorio Biología y Control de Enfermedades Infecciosas (BCEI), Universidad de Antioquia

*Trypanosoma cruzi*, el agente causal de la enfermedad de Chagas, es un protozoo parásito que alterna su ciclo de vida entre insectos triatomíneos y mamíferos. En Colombia, la transmisión de *T. cruzi* está asociada a la domiciliación o intrusión de vectores desde el peridomicilio hasta los ambientes silvestres.

Sin embargo, diferentes actividades laborales o recreativas que se desarrollan en los ambientes selváticos generan infecciones con poblaciones de parásitos pertenecientes al ciclo enzoótico.

En ambos ciclos, diferentes grupos de mamíferos mantienen las poblaciones de parásitos. Los perros domésticos tienen un papel como reservorios sinantrópicos debido a su capacidad de llevar poblaciones del parásito desde el ambiente enzoótico a las viviendas. Sin embargo, en diferentes regiones de Colombia, los perros poseen un papel secundario debido a la baja parasitemia que se ha observado en ellos. Esto sugiere que el papel de esta especie es heterogéneo en las diferentes dinámicas de transmisión que se presentan a lo largo del territorio.

Por otro lado, *Didelphis marsupialis* y *Dasypus novemcinctus* son las especies de mayor importancia para la transmisión extradoméstica. Se ha reportado *D. marsupialis* con grandes valores de infección y parasitemia. Además, la selección positiva de *D. marsupialis* como consecuencia de la antropización del paisaje, se ha visto relacionada con un gran riesgo de transmisión vectorial u oral del parásito debido a su comportamiento sinantrópico.

Finalmente, algunas prácticas culturales, como el consumo de sangre de armadillo (*D. novemcinctus*) para el tratamiento del asma, se han sugerido como un potencial foco de transmisión en muchos lugares del país.

**Palabras clave:** *Trypanosoma cruzi*, ecoepidemiología, reservorios, transmisión



### S3-01. Arbovirus y COVID-19: ¿qué evidencia se ha acumulado en la pandemia?

Alfonso J. Rodríguez-Morales<sup>1,2,3,4</sup>

<sup>1</sup> Grupo de Investigación Biomedicina, Facultad de Medicina, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Risaralda, Colombia

<sup>2</sup> Programa de Maestría en Epidemiología Clínica y Bioestadística, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Científica del Sur, Lima, Perú

<sup>3</sup> Programa de Maestría en Investigación en Medicina Tropical y Salud Internacional, Universitat de Barcelona, España

<sup>4</sup> Universidad Privada Franz Tamayo, Cochabamba, Bolivia

Los virus transmitidos por artrópodos (arbovirus) han reemergido y emergido en diferentes regiones del mundo, como en Latinoamérica, donde ha sido notorio el impacto en la salud pública de virus como el del chikunguña, que causó epidemias en 2014 y 2015 en muchos países de la región, incluidos Colombia y Venezuela. El virus del Zika, que generó epidemias, especialmente en 2015 y 2016, y particularmente en Brasil, pero también en Colombia y Venezuela, países donde se observó también la microcefalia y otras consecuencias del síndrome congénito de Zika.

En el caso del virus del chikunguña, este también ha tenido importantes consecuencias crónicas, particularmente reumatológicas.

Este es el panorama, previo, que además ha tenido al dengue, como una enfermedad endemo-epidémica en la región, causando un gran impacto. En Latinoamérica, entonces con la llegada del COVID-19, empieza a cocircular y además a presentarse no solo como un diagnóstico diferencial, sino a observarse casos de coinfección con SARS-CoV-2 y el virus del dengue, que tienen múltiples implicaciones epidemiológicas, clínicas, diagnósticas, terapéuticas, y también, de evolución.

Diferentes casos y estudios han permitido comprender que la posibilidad de progresión a enfermedad grave en la coinfección, puede ser un tema de preocupación, ocurre, y puede llevar a un desenlace fatal, como ya se ha documentado. Por ello, es importante tomar esto en consideración cuando hay gran transmisión de ambos virus.

En la presente conferencia, se revisan aspectos epidemiológicos y clínicos a la luz de la nueva evidencia recientemente generada, que permite comprender su importancia, y su aproximación.

**Palabras clave:** SARS-CoV-2, COVID-19, dengue, arbovirus, epidemiología, Latinoamérica

**S3-02. Enfermedad de Chagas en tiempos de COVID-19: circulación y coinfección**

Wilmer Ernesto Villamil Gómez

Dirección de Investigación, Hospital Universitario de Sincelejo

**Antecedentes:** Durante los últimos meses, en los países endémicos para la enfermedad de Chagas, se ha empezado a observar la cocirculación de *Trypanosoma cruzi* e infección por SARS-CoV-2/COVID-19.

**Métodos:** Se analizaron las manifestaciones clínicas asociadas a la forma de transmisión oral de Chagas y la forma aguda de la enfermedad correlacionadas con la infección por SARS-CoV-2.

**Resultados:** Se considera caso sospechoso de coinfección SARS-CoV-2 y *Trypanosoma cruzi* (aguda) a: paciente con síntomas indicativos de enfermedad aguda de Chagas, tales como fiebre prolongada (>7 días), cardiopatía aguda, hepatomegalia, esplenomegalia, signo de Romaña o chagoma de inoculación, y que cumpla con uno o más de los siguientes criterios:

- 1) procedencia de área endémica de transmisión vectorial en los últimos 6 meses,
- 2) paciente transfundido o trasplantado, y
- 3) ingestión de alimentos sospechosos de contaminación por *T. cruzi*.

Es un caso confirmado cuando existen pruebas diagnósticas positivas, como IgM anti-*T. cruzi* por serología, identificación del hemoparásito en gota gruesa (prueba de Strout), o pruebas moleculares (PCR), RT-PCR o antígenos, en un paciente con sintomatología indicativa de infección por SARS-CoV-2 y COVID-19, como se ha definido en el Consenso.

**Conclusión:** No se observaron diferencias en su evolución clínica en comparación con los controles no infectados de enfermedad de Chagas. Esta no parece ser una significativa comorbilidad por COVID-19 grave, además de los riesgos asociados a la miocardiopatía.

**Palabras clave:** Chagas, COVID 19, *Trypanosoma cruzi*, circulación, coinfección

### **S3-04. Control de las enfermedades transmitidas por vectores en el contexto de la pandemia por COVID-19**

Rocío Cárdenas<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Centro de Medicina y Sociedad, Universidad de Freiburg

<sup>2</sup> Secretaría de Salud Municipal de San José de Cúcuta

La pandemia por COVID-19 mostró las debilidades de los sistemas sanitarios en el mundo, que llevaron a sus actores a priorizar unos programas a costa de otros, con el fin de cubrir las necesidades más apremiantes de las poblaciones humanas en cada región.

En los países endémicos para las enfermedades transmitidas por vectores que afrontan periódicamente sobrecargas en los servicios de salud a causa de las epidemias, los obstáculos por vencer han sido retadores.

¿Qué situaciones afrontaron los programas de enfermedades transmitidas por vectores durante las fases de la pandemia en Colombia? Responder esta pregunta es el propósito de esta revisión de información y entrevistas a profesionales y operarios en algunos servicios de salud ubicados en zonas endémicas para las enfermedades transmitidas por vectores.

Se revisa cronológicamente la respuesta de los programas de enfermedades transmitidas por vectores a las fases de la pandemia, así:

- i. planificación ante el avance de la pandemia y la evolución de algunos brotes;
- ii. el efecto de las medidas de restricción sobre las acciones de rutina de los programas de enfermedades transmitidas por vectores (2020);
- iii. las recomendaciones de la OMS y las primeras directrices nacionales para mitigar la malaria y el dengue;
- iv. el proceso de reactivación de equipos de trabajo en las direcciones territoriales de salud;
- v. Lecciones aprendidas por los programas de enfermedades transmitidas por vectores.

La funcionalidad de las medidas de los programas de enfermedades transmitidas por vectores se afectó dependiendo de la rigurosidad de la cuarentena, por lo cual se presentaron diferentes niveles de ejecución. Actualmente, se señala el fortalecimiento de los programas de salud pública para lograr respuestas acertadas ante los brotes.

**Palabras clave:** COVID-19, enfermedades transmitidas por vectores, programas de salud.

**S4-01. El Cauca, un departamento por descubrir: virus y rickettsias**

Marylin Hidalgo

Facultad de Ciencias, Departamento de microbiología, Pontificia Universidad Javeriana

**Introducción:** En los últimos años, se ha presentado un incremento mundial en la emergencia y reemergencia de enfermedades infecciosas, principalmente por los cambios medioambientales y la movilización demográfica. Los mosquitos y en segundo lugar las garrapatas, son los principales vectores de microorganismos de gran importancia para la salud humana y animal. Varios arbovirus han emergido y reemergido en el Nuevo Mundo durante las pasadas décadas, causando brotes de proporciones significativas, tales como el dengue, el Zika y el chikunguña; por otro lado, cada vez se reportan más casos de rickettsiosis transmitidos por garrapatas y pulgas.

**Métodos:** Se realizó un estudio de corte transversal, con la recolección de 506 muestras, sobre las cuales se realizó una vigilancia serológica para los virus del dengue, chikungunya, de la encefalitis venezolana, de Mayaro y Oropouche, además, para bacterias del género *Rickettsias* transmitidas por garrapatas y pulgas, en ocho zonas rurales priorizadas en cuatro municipios del departamento del Cauca, Colombia.

**Resultados:** Se encontró una seroprevalencia del 30 % para dengue; 2,6 % para chikunguña; 4,4 % para virus de la encefalitis equina venezolana; 1 % para el Mayaro y 2 % contra el de Oropouche. La seroprevalencia contra *Rickettsias* del grupo de las fiebres manchadas fue del 86 % y, para *Rickettsias* transmitidas por pulgas, la seropositividad fue del 60 %.

**Conclusiones:** Este estudio provee la evidencia de circulación de virus como el Mayaro y el de Oropouche, y de rickettsias, en el departamento del Cauca; se resalta la importancia de fortalecer e incluir en los sistemas de vigilancia nuevos agentes con posibilidad de ocasionar brotes y tener en cuenta estos agentes como causales del síndrome febril agudo indiferenciado.

**Palabras clave:** virus, rickettsia, Cauca, Colombia

**S4-02. Ehrlichiosis y anaplasmosis humana: ¿en qué estamos en Colombia?**Álvaro A. Faccini-Martínez<sup>1,2</sup><sup>1</sup> Instituto de Investigaciones, Fundación Universitaria de Ciencias de la Salud - FUCS, Bogotá, D.C., Colombia<sup>2</sup> Servicios y Asesorías en Infectología - SAI, Bogotá, D.C., Colombia

**Antecedentes:** En Colombia, no se ha descrito la presencia de especies de garrapatas reconocidas como vectores competentes de *Ehrlichia* spp. y *Anaplasma* spp., patógenas para los seres humanos. Recientemente, se ha publicado evidencia molecular de *Ehrlichia* spp. y *Anaplasma* spp., a partir de garrapatas antropofílicas del género *Amblyomma* ampliamente distribuidas en Latinoamérica. Lo anterior sugiere la hipótesis de posibles casos humanos aún no reconocidos en esta región de las Américas.

**Métodos:** Se realizó una revisión narrativa de la literatura científica respecto a estudios serológicos y descripción de casos clínicos autóctonos relacionados con la infección por *Ehrlichia* spp. y *Anaplasma* spp. en seres humanos de Colombia.

**Resultados:** Utilizando la técnica de inmunofluorescencia indirecta, se ha descrito una prevalencia de anticuerpos IgG frente a *Ehrlichia* spp. y *Anaplasma* spp. que oscila entre 0 y el 60 % en diferentes grupos poblacionales de los departamentos de Córdoba, Sucre, Cundinamarca, Antioquia y Cauca. Por su parte, entre 2012 y 2021, se publicaron cuatro casos probables de ehrlichiosis humana, de los cuales, uno presenta informaciones clínicas y paraclínicas convincentes para apoyar dicho diagnóstico etiológico.

**Conclusiones:** Los estudios serológicos realizados en Colombia sugieren exposición a *Ehrlichia* spp. y *Anaplasma* spp. en seres humanos. A pesar de la publicación de un caso probable de ehrlichiosis humana, no fue confirmada la especie infecciosa involucrada. Se recomienda realizar estudios de investigación para determinar el papel de la ehrlichiosis y la anaplasmosis humana en la etiología del síndrome febril en Colombia, y el papel de las garrapatas del género *Amblyomma* como posibles vectores competentes en Latinoamérica.

**Palabras clave:** ehrlichiosis, anaplasmosis, humano, zoonosis, garrapatas, Colombia

#### **S4-04. Caracterización del síndrome febril agudo indiferenciado en el Urabá antioqueño**

Cristian Camilo Serna-Rivera<sup>1</sup>, Francisco Javier Díaz Castrillón<sup>2</sup>, Juan David Rodas González<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidad de Antioquia, Grupo de Investigación Centauro

<sup>2</sup> Universidad de Antioquia, Grupo de Investigación Inmunovirología

**Introducción:** El síndrome febril agudo indiferenciado es causa frecuente de morbimortalidad asociada a infecciones bacterianas, parasíticas o virales. En áreas tropicales, se reporta una gran proporción de casos del síndrome sin diagnóstico etiológico, lo que dificulta la vigilancia epidemiológica y el tratamiento. Otros estudios realizados en Latinoamérica reportan frecuentes diagnósticos de dengue que pueden corresponder a otras arbovirosis.

**Métodos:** Se evaluaron muestras de pacientes con síndrome febril agudo indiferenciado que consultaron en Apartadó, Antioquia, inicialmente con una prueba inmunocromatográfica rápida para dengue y, posteriormente, se utilizaron pruebas ELISA IgM para dengue y chikunguña. Además, cada muestra se evaluó por dos RT-qPCR múltiples para la detección de virus del dengue, de mayaro y de chikunguña (Trioplex 1), y virus de la encefalitis equina venezolana, fiebre amarilla y Oropouche (Trioplex 2). En las muestras con resultado positivo, se procedió a la identificación por aislamiento viral.

**Resultados:** Los siguientes son resultados preliminares positivos: prueba rápida para antígeno NS1, 13,2 % (21/159); ELISA IgM 18,75 % (18/96) para dengue y 2,08 % (2/96) para chikunguña; el trioplex 1 ha permitido identificar dengue en el 14,25 % (15/116), además un caso de chikunguña y otro de mayaro; no se han detectado virus por el trioplex 2. Hasta la fecha, se ha identificado el serotipo en cinco aislamientos de dengue.

**Conclusiones:** Si bien el virus del dengue se detecta de forma recurrente, otros arbovirus diferentes, como chikunguña y mayaro, pueden estar involucrados en la etiología del síndrome febril agudo indiferenciado en la zona estudiada.

**Palabras clave:** arbovirosis, síndrome febril agudo indiferenciado, PCR, prueba de diagnóstico rápido

**S5-01. Diferencias en la interacción parásito-huésped-fármaco en la infección con subpoblaciones de *Leishmania (V.) panamensis* circulantes en Colombia**

Olga Lucía Fernández

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

**Introducción:** Las cepas de *Leishmania (V.) panamensis* que circulan en la costa del Pacífico de Colombia pertenecen predominantemente a dos subpoblaciones clasificadas de acuerdo con el perfil isoenzimático, como zimodemas 2.2 y 2.3. Según estudios previos de nuestro grupo, las cepas del zimodema 2.3 muestran una significativa resistencia *in vitro* al antimonio, mientras que las cepas del zimodema 2.2 presenta un perfil sensible. Además, en estudios recientes, se muestra una mayor proporción de falla terapéutica con antimonio en pacientes infectados con cepas del zimodema 2.3 (27/46; 59 %), en comparación con aquellos infectados con las cepas de zimodema 2.2 (13/38; 34 %).

**Métodos:** Se realizó el análisis del perfil transcriptómico de macrófagos humanos primarios infectados con cepas de zimodema 2.2 o 2.3.

**Resultados:** Se evidenció que la infección con cepas del zimodema 2.2 (n=6) y 2.3 (n=6) activan de forma diferente el macrófago; en las cepas del zimodema 2.3, se modula un número significativamente mayor (1.041) de genes que en las cepas del zimodema 2.2 (427). Varios de los genes inducidos por cepas del zimodema 2.3 estaban enriquecidos en la desintoxicación de ROS. En coherencia con estos resultados, el análisis funcional mostró una detección de ROS significativamente menor en los macrófagos infectados con cepas del zimodema 2.3, en comparación con la infección por 2.2.

**Conclusiones:** Estos hallazgos sugieren que la resistencia natural al antimonio de las cepas del zimodema 2.3 podría ser una consecuencia de la modulación del macrófago hacia un perfil de activación que favorece la supervivencia del parásito, incluso bajo la exposición a antimonio.

**Palabras clave:** *Leishmania (V.) panamensis*, zimodemas, antimonio, resistencia

### **S5-02. Host-parasite interactions in cryptic erythrocytic infections of *Plasmodium vivax* malaria**

Alberto Ayllon-Hermida<sup>1,2</sup>, Marc Nicolau-Fernández<sup>1,2</sup>, Hernando A. del Portillo<sup>1,2,3</sup>, Carmen Fernández-Becerra<sup>1,2,4</sup>

<sup>1</sup> ISGlobal, Barcelona Institute for Global Health, Hospital Clínic - Universitat de Barcelona, España

<sup>2</sup> IGTP, Institut d'Investigació Germans Trias i Pujol, Badalón, España

<sup>3</sup> Institució Catalana de Recerca i Estudis Avançats (ICREA), España

<sup>4</sup> CIBERINFEC, ISCIII -CIBER de Enfermedades Infecciosas, Instituto de Salud Carlos III, España

**Introduction:** The spleen and bone marrow have recently emerged as cryptic erythrocytic niches of natural *Plasmodium vivax* infections where the largest parasite biomass is hidden, previously *P. vivax* spleen-dependent genes were associated with cytoadhesion and bone marrow dyserythropoiesis induction. Last, we have shown that circulating extracellular vesicles contain parasite proteins, and act as intercellular communicators facilitating cytoadherence of infected reticulocytes to human spleen fibroblasts. The aim was functionally characterized parasite genes whose expression is dependent on an intact spleen as well as genes upregulated in the bone marrow to try unveiling the role of extracellular vesicles.

**Methods:** We select a list of spleen-dependent genes based on global transcriptional analysis in experimental monkey infections. Moreover, RNAseq analysis of bone marrow samples revealed a list of *P. vivax*-genes preferentially expressed in this tissue. Due to the lack of *in vitro* culture system for *P. vivax*, we are generating transgenic lines of *P. falciparum* expressing selected genes using CRISPR-Cas9 technology.

**Results:** Expression of a hypothetical spleen-dependent gene was confirmed by protein expression and confocal microscopy. In addition, extracellular vesicles from patients facilitated the binding of such transgenic line to human spleen fibroblasts. Last, to study the role of extracellular vesicles as intercellular communicators, we performed single-cell transcriptomics of human spleen fibroblasts and CD34+ cells after uptake of plasma-derived extracellular vesicles from *P. vivax* patients.

**Conclusions:** This study will enable us to gain better understanding about the physiopathology and the parasite's tropism towards these reticulocyte-rich tissues. Studies on the role of extracellular vesicles in these tissues will also unveil molecular insights on the formation of these cryptic erythrocytic niches.

**Key words:** *P. vivax*, cryptic niches, spleen, bone marrow, extracellular vesicles, CRISPR-Cas9



**S05-03. *Toxoplasma gondii* inhibe la actividad del factor de transcripción Forkhead box O3a para bloquear el proceso de autofagia en la célula huésped.**

Andres Diez, Louis-Philippe Leroux, Maritza Jaramillo  
Institut National de la Recherche Scientifique (INRS), Quebec, Canadá

**Introducción:** El parásito intracelular *Toxoplasma gondii* activa la vía de señalización dependiente de la cinasa AKT para evitar el reclutamiento de la vacuola parasitófora por el autofagolisosoma. Sin embargo, el mecanismo molecular no se encuentra aún bien definido. Dado que el factor de transcripción Forkhead box O3a (FOXO3a) controla la autofagia y su actividad es inhibida por AKT, este estudio fue diseñado para determinar si *T. gondii* bloquea el proceso de autofagia inhibiendo el FOXO3a.

**Métodos:** Infección de la línea celular de fibroblastos HFF con la cepa de tipo 1 RH. Combinación de técnicas bioquímicas y de biología molecular (inmunofluorescencia, Western blot, transducción celular, etc.).

**Resultados:** Nuestros datos preliminares indican que *T. gondii* promueve la fosforilación de FOXO3a dependiente de AKT así como su exclusión nuclear. La expresión de genes regulados por FOXO3a que están relacionados con la autofagia se redujo durante la infección por *T. gondii* de manera dependiente de AKT. Asimismo, se observó que *T. gondii* pierde la capacidad de inhibir el reclutamiento de la vacuola parasitófora al lisosoma tras el bloqueo farmacológico de AKT o la sobreexpresión de la forma mutante de FOXO3a insensible a AKT.

**Conclusiones:** Este estudio indica que *T. gondii* suprime programas transcripcionales regulados por FOXO3a para evitar la muerte mediada por autofagia dentro de la célula huésped. Investigación en curso y futura en nuestro laboratorio contribuirá a comprender mejor cómo *T. gondii* manipula la actividad de los miembros de la familia FOXO para subvertir las funciones de la célula huésped y promover la infección.

**Palabras claves:** *Toxoplasma gondii*, Forkhead box O3a (FOXO3a), autofagia, AKT, interacciones huésped-parásito

**S5-04. Multiómica del huésped en la enfermedad de Chagas**

Martha Lucía Díaz<sup>1</sup>, Richard Burchmore<sup>2</sup>, Karl Burgess<sup>3</sup>, María Adelaida Echeverría<sup>5</sup>, Vivian Gómez de los Ríos<sup>6</sup>, Ignacio Casal<sup>6</sup>, Javier Martín, Clara Isabel González<sup>7</sup>

<sup>1</sup> Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Santander, Colombia

<sup>2</sup> Glasgow Polyomics, Glasgow University, Glasgow, Scotland, United Kingdom

<sup>3</sup> School of Biological Sciences, University of Edinburgh, Scotland, United Kingdom

<sup>4</sup> Fundación Cardiovascular de Colombia, Bucaramanga, Santander, Colombia

<sup>5</sup> Centro Internacional para Entrenamiento Médico e Investigación, CIDEIM, Cali, Colombia

<sup>6</sup> Biological Research Center, CSIC, Madrid, España

<sup>7</sup> Instituto de Parasitología y Biomedicina, IPBLN-CSIC, Granada

**Introducción:** La cardiomiopatía chagásica crónica es una enfermedad compleja y multifactorial, desarrollada por 15 a 30 % de infectados; es la forma clínica más común y seria de la enfermedad de Chagas. El papel genético del sistema inmunológico y la inflamación crónica no están totalmente esclarecidos, así como tampoco las vías biológicas, proteínas y metabolitos relacionados con la afectación y progresión del daño miocárdico en pacientes con cardiomiopatía chagásica crónica.

**Métodos:** Es un estudio de casos y controles para rastreo del genoma o GWAS, genotipificando 10 millones de variantes en 2.124 pacientes de Santander. El perfil proteómico y metabolómico del miocardio se analizó en explantes de pacientes con cardiomiopatía chagásica crónica y miocardiopatía dilatada no chagásica. Las proteínas y metabolitos fueron identificados mediante cromatografía líquida acoplada a espectrometría de masa (LC-MS). El análisis de proteínas se realizó con los programas MeV, Phanter y STRING; para metabolitos, HDMB, METLIN y MetaboAnalyst, y para integración, Ingenuity.

**Resultados:** Cuatro variantes sugestivas fueron asociadas a infección; en metaanálisis con tres cohortes latinoamericanas, una estuvo significativamente asociada con nivel GWAS de cardiomiopatía chagásica crónica y tres fueron sugestivas. Las proteínas asociadas a cardiomiopatía chagásica crónica están implicadas en la remodelación del citoesqueleto, organización de la matriz extracelular y reacción inmunitaria. Los metabolitos identificados fueron triptofanamina y triptófano 9, 10, 13 trihome y quinurenina. Las rutas identificadas fueron señalización de RhoA, actina, biosíntesis de L-carnitina y degradación del triptófano.

**Conclusiones:** Estos resultados soportan el papel de genes del huésped en la infección y la cardiomiopatía chagásica crónica, y una compleja interacción entre células inmunitarias, miocardio y vías metabólicas asociadas a la cardiomiopatía chagásica crónica.

**Palabras clave:** cardiomiopatía chagásica, proteómica, metabolómica, rastreo genoma, Rho

**S6-01. Efecto de las ómicas en el estudio del comportamiento del vector de la enfermedad de Chagas *Rhodnius prolixus***

José Manuel Latorre Estivalis

Laboratorio de Insectos Sociales, Instituto de Fisiología, Biología Molecular y Neurociencias, Universidad de Buenos Aires - CONICET, Buenos Aires, Argentina

**Introducción:** *Rhodnius prolixus* es vector de la enfermedad de Chagas en Colombia y Venezuela. En 2015, se publicó su genoma lo cual permitió el desarrollo de proyectos que buscaban entender aspectos moleculares de la fisiología, bioquímica o comportamiento de este insecto. Nuestro objetivo es entender la fisiología sensorial de *R. prolixus* desde un punto de vista molecular.

**Métodos:** Se realizó análisis genómico de *R. prolixus* bajo diferentes condiciones y el análisis transcriptómico para identificar genes sensoriales clave en el comportamiento sexual y la búsqueda de huésped.

**Resultados:** Mediante el genoma, pudimos identificar y analizar diferentes familias de receptores sensoriales; posteriormente, mostramos cómo las condiciones fisiológicas, estado nutricional o edad, modulaban la expresión de ciertos receptores en las antenas, consideradas el principal órgano sensorial en los insectos. El análisis transcriptómico de antenas de ninfas de quinto estadio, y de machos y hembras adultos, mostró que la expresión de la mayoría de los receptores olfativos aumentaba en el estadio adulto, sustentando la mayor complejidad comportamental observada durante este estadio. En un segundo RNA-Seq, se observó cómo la expresión de la antena de ciertos receptores y transportadores de olor cambiaba significativamente con la edad, mostrando un correlato con los datos comportamentales.

**Conclusiones:** Por medio del estudio del genoma de *R. prolixus* y de los datos transcriptómicos, hemos podido identificar receptores sensoriales que podrían ser blancos para manipular el comportamiento de estos insectos en un futuro. No obstante, todavía son necesarios los estudios funcionales para tener un conjunto de candidatos más robusto.

**Palabras clave:** enfermedad de Chagas, *Rhodnius prolixus*, fisiología sensorial, transcriptómica, receptores

**S6-02. Organización, arquitectura y plasticidad genómica de *Trypanosoma cruzi***Gonzalo Greif<sup>1</sup>, Carlos Sanz<sup>1</sup>, Fernando Álvarez-Valín<sup>2</sup>, Carlos Robello<sup>1,2</sup>, Luisa Berná<sup>1,2</sup><sup>1</sup> Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay<sup>2</sup> Universidad de la República, Uruguay

**Introducción:** El genoma de *Trypanosoma cruzi* esconde las claves de su éxito como parásito, en cómo genera la plasticidad que le permite evadir el sistema inmunológico e infectar a millones de personas en nuestro continente. Su complejidad se basa en la cantidad de secuencias repetitivas, familias multigénicas, retrotransposones y repetidos en tándem que, a su vez, son variables entre dos compartimentos bien definidos, *core* y disruptivo.

**Métodos:** A partir de nuevas secuenciaciones con secuencias Nanopore e Illumina, se realizó un nuevo ensamblaje usando CANU, Pilon, BWA y Samtools. Para los estudios de genómica comparativa y expresión, se utilizaron *scripts* en bash, R y visualizaciones en IGV y ACT.

**Resultados:** El genoma de *T. cruzi* está compuesto por dos compartimentos con diferente contenido génico y GC. El compartimento disruptivo, compuesto por familias multigénicas mucinas, MASP, TS, algunas GP63 y DGF-1 y varios tipos de retrotransposones, tiene policistrones considerablemente más pequeños (<25 kb), y expresión diferencial entre estadios. Además, este compartimento es muy divergente entre sus haplotipos, lo que permitió separarlos y cuantificar su divergencia y variación génica. De esta forma, identificamos gran plasticidad y eventos de recombinación entre haplotipos no homólogos.

**Conclusiones:** La plasticidad del genoma de *T. cruzi* viene dada por la capacidad de variación del compartimento disruptivo, donde ocurren rearreglos, duplicaciones en tándem, pérdidas de secuencias y recombinación no homóloga. Esta plasticidad junto con cambios epigenéticos y modulaciones en la expresión génica, juegan un papel fundamental en la versatilidad del parásito, su interacción con el huésped y la capacidad de infectar y evadir el sistema inmunológico.

**Palabras clave:** organización genómica, plasticidad, haplotipos, divergencia

### **S6-03. Aplicaciones de estudios de célula única en la interacción huésped-parásito**

Yesid Cuesta-Astroz

Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Universidad CES, Medellín, Colombia

**Antecedentes:** Las interacciones moleculares huésped-parásito mediadas por biomoléculas tales como ADN, ARN, proteínas y metabolitos, son esenciales para entender los procesos de infección y adaptación local dentro del huésped. La comprensión de esta comunicación molecular proveerá conocimiento de las interacciones específicas que podrían ser relevantes para bloquear el proceso de parasitismo. Esta charla busca mostrar cómo avances computacionales y experimentales han abierto nuevas posibilidades para el estudio de interacciones huésped-parásito, siendo ambas metodologías complementarias.

**Métodos:** Con el fin de integrar enfoques experimentales y computacionales, desarrollamos la herramienta OrthoHPI 2.0, la cual da contexto a las interacciones huésped-parásito a nivel de tejido y de célula única. Con el advenimiento de las tecnologías de célula única, se ha facilitado una mayor comprensión de las propiedades de las células que interactúan con parásitos; en este aspecto, iniciativas como *Human Cell Atlas* y el proyecto JAGUAR (*Joining All: Genes, immUnity And diveRsity*) contribuirán con la elaboración de atlas celulares específicos de poblaciones con el fin de conocer más sobre las potenciales respuestas inmunitarias específicas de los huéspedes.

**Resultados:** Con los métodos computacionales y experimentales, es posible obtener un amplio número de interacciones huésped-parásito basadas en diferentes tipos de biomoléculas. Utilizando OrthoHPI 2.0, se obtuvieron 18 interactomas de diferentes tipos de parásitos y su huésped humano. Gracias a los diferentes proyectos será posible la incorporación de datos de célula única que complementarán las predicciones computacionales.

**Conclusiones:** Nuevos enfoques posibilitarán que surjan nuevas estrategias de medicamentos y vacunas, además de tener una mejor comprensión de la patogénesis de la enfermedad.

**Palabras clave:** secuenciación de célula única, interactomas, biología de sistemas, bioinformática, redes biológicas

**S7-01. Protozoarios transmitidos por alimentos: lecciones de los estudios en restaurantes escolares**

Jorge Enrique Gómez Marín

Grupo de Parasitología Molecular (GEPAMOL), Centro de Investigaciones Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Quindío

**Introducción:** Nuestro grupo ha venido trabajando en la caracterización del riesgo de parásitos transmitidos por los alimentos. Luego de varios reportes sobre la frecuencia en alimentos específicos y de desarrollar un método para el aislamiento, concentración e identificación en matrices vegetales, de frutas y cárnicos, llevamos a cabo el primer estudio sobre la presencia de parásitos y sus factores de riesgo en alimentos en restaurantes escolares en Colombia.

**Métodos:** Se estudiaron los cinco protozoos de mayor pertinencia para el país por su frecuencia e impacto en la salud de la población infantil: *Toxoplasma*, *Giardia*, *Cryptosporidium*, *Cyclospora* y *Blastocystis*.

**Resultados:** Se encontró que *Toxoplasma*, *Blastocystis*, *Cryptosporidium* y *Giardia* están presentes en alimentos y agua, y pueden detectarse en superficies vivas e inertes. Hubo asociación con las condiciones higiénico-sanitarias evaluadas por la encuesta de inspección sanitaria y que algunos factores pesan más para ciertos parásitos que otros.

**Conclusiones:** El cumplimiento de las normas se relacionó con una menor presencia de parásitos en los alimentos y superficies, y con menor prevalencia de parásitos en los niños que asisten a ellos. Se requiere un seguimiento al cumplimiento de las normas de inspección sanitaria y su impacto en la reducción de este riesgo. Los resultados de este trabajo han tenido difusión en medios locales y nacionales, y efectos inmediatos mediante acciones de la Secretaría de Educación de Armenia, la Procuraduría Regional y del INVIMA a nivel nacional por la dirección de alimentos y bebidas, y conocimiento por las autoridades nacionales de control y vigilancia de alimentos.

**Palabras clave:** enfermedades transmitidas por alimentos, protozoarios, *Toxoplasma*, *Giardia*, *Cryptosporidium*, *Blastocystis*

## S7-02. Impacto de los parásitos intestinales en el microbioma y la nutrición en niños

Rojelio Mejía<sup>1</sup>, Miryan Margot Sánchez Jiménez<sup>2</sup>, Ashish Damania<sup>1</sup>, Patricia Bryan<sup>1</sup>, Giovanni Torres<sup>2</sup>, Marcela Romero<sup>2</sup>, Barton Slatko<sup>1</sup>, Alejandro Restrepo<sup>3</sup>, Marcos Restrepo<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Laboratory of Human Parasitology, National School of Tropical Medicine, Baylor College of Medicine, Houston, TX, USA

<sup>2</sup> Instituto Colombiano de Medicina Tropical-Universidad CES, ICMT-CES, Sabaneta, Antioquia, Colombia

<sup>3</sup> Clinical Assistant Professor, Department of Medicine, UTMB Health, League City, TX, USA

**Introducción:** Dependiendo de la especie, los parásitos pueden alterar la flora bacteriana intestinal, afectando el estado nutricional. Uso de PCR en tiempo real cuantitativa multiparalela (qPCR) y análisis de secuenciación del genoma completo para identificar microbiota bacteriana y *Giardia intestinalis*.

**Métodos:** Las muestras de heces se recolectaron de 200 niños de Argentina, Colombia y Ecuador. Se analizaron los grupos no infectados frente a los de diferentes parásitos, en cuanto a microbiomas y diferencias metagenómicas, y se compararon con los retrasos en el crecimiento.

**Resultados:** En los niños infectados solo con *Giardia*, se demostró un aumento en la biodiversidad bacteriana en comparación con los no infectados, lo que se correlacionó con el aumento de la carga de *Giardia* (diversidad alfa de Shannon) (*Giardia* solo 2,7; no infectados 2,1;  $p=0,0317$ ; Spearman  $r = -0,5491$ ,  $p=0,0244$ ). El análisis metagenómico de la microbiota bacteriana mostró que la proporción de bacterias productoras de vitamina B<sub>12</sub> (Bifidobacteriaceae) disminuyó en el grupo infectado con *Giardia* en comparación con el grupo no infectado ( $p=0,038$ ). Genes específicos en la vía de síntesis de cobalamina (cobinamida cinasa, ATP corrinóide adenosiltransferasa) disminuyeron proporcionalmente con la carga de infección por *Giardia* ( $p<0,05$ ).

**Conclusiones:** Nuestros datos proporcionan evidencia de un efecto de las infecciones parasitarias que permiten el crecimiento permisivo de bacterias anaerobias como Prevotella y Bifidobacteriaceae, lo que altera la capacidad de biosíntesis de vitamina B<sub>12</sub> y afecta el crecimiento en los niños.

**Palabras clave:** helmintos, protozoos, cobalamina, microbioma

### **S7-03. Estado actual y perspectivas para el diagnóstico de helmintos intestinales y esquistosomiasis**

Elizabeth Ferrer<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Investigaciones Biomédicas "Dr. Francisco J. Triana Alonso" (BIOMED-UC), Venezuela

<sup>2</sup> Departamento de Parasitología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Carabobo, Maracay, Venezuela

Las helmintiasis intestinales son una de las enfermedades con mayor prevalencia, siendo un problema de salud pública en muchos países del mundo, principalmente aquellos de baja renta. La Organización Mundial de la Salud estima que más de 2.000 millones de personas están infectadas con helmintiasis en todo el mundo. Estos parásitos se encuentran en zonas tropicales y subtropicales, principalmente en Latinoamérica, África y Asia, en áreas donde las condiciones socioeconómicas y sanitarias son deficientes.

Las especies de helmintos que mayormente infectan al humano son: *Ascaris lumbricoides*, *Trichuris trichiura* y los anquilostomas *Necator americanus* y *Ancylostoma duodenale* (principalmente). Para estas especies se establecen medidas de control comunes ya que comparten similitud en el diagnóstico y tratamiento, así como en factores de riesgo (geohelmintos). *Strongyloides stercoralis*, aunque también es un geohelminto, presenta características diferentes en cuanto a diagnóstico y tratamiento, por lo que las medidas de control son diferentes. *Enterobius vermicularis* es un pequeño nematodo parásito del hombre, que causa enterobiasis. Por otro lado, la esquistosomiasis es una enfermedad parasitaria causada por *Schistosoma mansoni* en América.

Para el diagnóstico de las helmintiasis intestinales se utilizan técnicas parasitológicas que generalmente tienen baja sensibilidad, por lo que las técnicas moleculares cada vez se están utilizando más en los laboratorios modernos; especialmente, la técnica de PCR para la detección simultánea de varios parásitos que permite automatizar el diagnóstico.

Es necesario contar con técnicas de diagnóstico y tratamientos adecuados para poder implementar medidas de control efectivas que permitan la disminución o interrupción de la transmisión.

**Palabras clave:** parásitos, helmintos, diagnóstico, PCR, epidemiología



**S7-04. Vacunas antiparasitarias frente a helmintos: un recorrido histórico**

Gisela María García Montoya

Grupo de Microbiología Ambiental, Facultad de Medicina, Departamento de Microbiología y Parasitología, Universidad de Antioquia

Las estrategias de vacunación en las enfermedades infecciosas representan una de las intervenciones inmunológicas más eficaces para mantener la salud de las poblaciones. Los tipos de antígenos, las formas de obtenerlos y de administrarlos, han ido cambiando, adaptándose, y perfeccionándose, desde aspectos inmunológicos, microbiólogos y biotecnológicos.

Sin embargo, a pesar de la alta prevalencia, morbilidad y mortalidad de las geohelmintiasis, a la fecha no existe una vacuna de uso en humanos validada por la OMS. Podrían ser diversas las razones que han dificultado el desarrollo de estas vacunas: 1) helmintos y humanos son organismos eucariotas; 2) ciclos biológicos complejos con diferentes estadios y antígenos específicos; 3) tipo de reacción inmunitaria que inducen, y 4) falta de interés de los gobiernos y la industria farmacéutica en apoyar iniciativas de investigación y producción.

Desde hace décadas, la administración masiva de medicamentos a niños en edad escolar, y las campañas de educación y saneamiento, se han implementado para controlar las geohelmintiasis sin obtener los resultados de control esperados; por el contrario, estas infecciones se están extendiendo a nuevas áreas, se confirman casos de resistencia farmacológica y no ha sido posible el control de las reinfecciones en zonas endémicas después del tratamiento farmacológico.

Ante este panorama, existe pues una sólida justificación para seguir trabajando en el desarrollo de vacunas univalentes o multivalentes (panantihelmínticas) como estrategias de control y disminución de la morbilidad y mortalidad asociadas con las infecciones por geohelmintos, proporcionando, además, un método inmunológico rentable a largo plazo.

**Palabras clave:** geohelmintos, vacuna, biotecnología, morbilidad, mortalidad

### **S8-01. Control de vectores de malaria en las Américas: midiendo el impacto de los mosquiteros de larga duración impregnados y el rociamiento residual intradomiciliario**

Manuela Herrera-Varela<sup>1</sup>, Carlos Morales<sup>2</sup>, Diana Lucumí-Aragón<sup>1</sup>, Martha Ahumada<sup>3</sup>, María Riascos-Cuenú<sup>1</sup>, Jarrinson Aguirre<sup>1</sup>, Edward Vargas<sup>1</sup>, Martha Castro<sup>1</sup>, Anderson Piamba<sup>2</sup>, Hernando Gil<sup>2</sup>, Liliana Santacoloma<sup>4</sup>, Susanne Ardila<sup>4</sup>, Iván Cárdenas<sup>5</sup>, Tania Tibaduiza<sup>5</sup>, Rebecca Levine<sup>6</sup>, Audrey Lenhart<sup>6</sup>

<sup>1</sup> USAID PMI VectorLink Project, Abt Associates, Colombia

<sup>2</sup> Secretaría Departamental de Salud del Cauca, Popayán, Colombia

<sup>3</sup> Grupo de Entomología, Subdirección de Investigación Científica y Tecnológica, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

<sup>4</sup> Grupo de Entomología, Laboratorio Nacional de Referencia, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

<sup>5</sup> Grupo Endemo-epidémicas, Subdirección de Enfermedades Transmisibles, Ministerio de Salud y la Protección Social, Bogotá, D.C., Colombia

<sup>6</sup> Centers for Disease Control and Prevention, Entomology Branch, USA

**Introducción:** El control de vectores de malaria en las Américas ha dependido del uso de MILD y el RRI; sin embargo, la efectividad de estas herramientas ha sido poco evaluada en vectores de esta región.

**Métodos:** Se diseñó un estudio aleatorizado por conglomerados de dos brazos, para determinar el impacto entomológico de los MILD y RRI en la Costa Pacífica del Cauca. Los conglomerados se asignaron al azar para recibir MILD (alfa-cipermetrina) o RRI (deltametrina). La línea base se realizó en enero de 2021, las intervenciones en marzo de 2021 y el seguimiento va hasta marzo de 2023. El seguimiento ha incluido medición de la abundancia y paridad en mosquitos y evaluación de la bioeficacia usando conos de la OMS en 40 mosquiteros y 40 casas.

**Resultados:** Después de un año de seguimiento, 100.238 anofelinos han sido recolectados (80 % *Anopheles neivai*, 20 % *An. albimanus*). No se detectaron diferencias significativas entre las abundancias en el intradomicilio y peridomicilio para ninguna especie. La bioeficacia en MILD, después de 6 meses de distribuidos, fue baja, con un derribo del 3 % y mortalidad del 5 %. Aunque el 67 % de los MILD tenía al menos un orificio, el 80 % permanecía en condiciones útiles. La bioeficacia en paredes, 7 días después de la fumigación, exhibió un derribo del 80 % y mortalidad del 40 %. Sólo se detectó una reducción en la proporción de hembras paridas un mes después de la intervención.

**Conclusiones:** Estos datos preliminares plantean preocupaciones sobre la eficacia de las intervenciones en poblaciones de *Anopheles* sensibles a insecticidas en el Pacífico caucano.

**Palabras clave:** malaria, control vectorial, mosquiteros, *Anopheles*, rociamiento residual intradomiciliario

## **S8-02. Escalamiento de intervenciones y acción multisectorial para la prevención y control de enfermedades transmitidas por vectores**

Juliana Quintero  
Fundación Santa Fe de Bogotá, Bogotá, D.C., Colombia

**Introducción:** La eficacia y la efectividad de los programas y proyectos son esenciales en los objetivos de desarrollo sostenible, con la necesidad de aunar recursos para su escalamiento rápido y sostenible. Se consideran cuatro tipos de escalamiento: espontánea, guiada-horizontal, guiada-vertical y de diversificación.

**Métodos:** Se evaluó el escalamiento de una intervención para la prevención y el control de *Aedes aegypti* en Colombia (“Girardot libre de *Aedes*”).

**Resultados:** La evaluación del escalamiento mostró un proceso complejo no lineal y los elementos críticos que influyeron en él, revelando factores facilitadores, limitaciones y lecciones aprendidas. La intervención fue validada con todos los actores sociales implicados en la prevención y el control de las enfermedades transmitidas por *Aedes*. Una de las principales estrategias de facilitación fue la creación de coaliciones (acción multisectorial) entre los actores que representan a diferentes sectores. La intervención utilizó una alianza multisectorial para abordar el proceso y lograr un impacto colectivo. Una serie de características críticas influyeron en el establecimiento, el funcionamiento y la sostenibilidad de dicha cooperación multisectorial. La intervención no fue institucionalizada en los planes locales de salud; sin embargo, la acción multisectorial se construyó y estructuró como un elemento crítico para promover las acciones de prevención y control de vectores.

**Conclusiones:** La municipalidad puede considerarse un escenario apropiado para explorar y promover acciones y políticas multisectoriales, dadas las características del contexto y los problemas locales; sin embargo, la gobernanza en este nivel (municipal) es crucial para la aplicación del enfoque multisectorial en las intervenciones de salud pública.

**Palabras clave:** Girardot, prevención y control de *Aedes*, transmisión, escalamiento

**S8-03. El control vectorial de la leishmaniasis: de la complejidad de las evaluaciones de eficacia y efectividad a las evaluaciones operativas**

Raúl Hernando Pardo<sup>1</sup>, Patricia Fuya<sup>2</sup>, Olga Lucía Cabrera<sup>1</sup>, Martha Liliana Ahumada<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Grupo de Entomología, Dirección de Investigación en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

<sup>2</sup> Grupo de Entomología, Dirección Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

**Antecedentes.** En Colombia, la leishmaniasis es endémica. De las tres formas clínicas, la leishmaniasis cutánea es dominante, con 8.909 casos al año. El control vectorial de esta enfermedad ha sido tradicionalmente el rociado residual intradomiciliario y el uso de mosquiteros. La relativamente alta incidencia anual en los casos de leishmaniasis, permite inferir que el control vectorial no ha sido efectivo. No hay evidencia sobre la efectividad de los métodos de control vectorial, ya que su evaluación por los programas de enfermedades transmitidas por vectores es aparentemente limitada y no estandarizada. Por lo anterior, es necesario evaluar el estado de las IOC y definir métodos estándar de evaluación que provean evidencia confiable para mejorar el control vectorial de la leishmaniasis.

**Métodos.** Mediante un estudio retrospectivo descriptivo, con aplicación de entrevistas semiestructuradas a diferentes actores del programa de control vectorial y revisión de literatura, se describieron las IOC de la leishmaniasis en Colombia. Con base en esto y la metodología usada en estudios de eficacia de nuevos métodos de control vectorial, se propone un protocolo para la evaluación entomológica de las IOC de la leishmaniasis.

**Resultados.** Se describe el estado de las IOC regulares y contingenciales de la leishmaniasis, las cuales tienen limitaciones en su evaluación. Se elaboró un protocolo para la evaluación entomológica de las IOC de la leishmaniasis para ser validado y utilizado por los programas de enfermedades transmitidas por vectores.

**Conclusiones.** En general, no se hace evaluación entomológica de IOC de la leishmaniasis. Se presenta para discusión un protocolo de evaluación entomológica de las IOC de la leishmaniasis.

**Palabras clave:** leishmaniasis, control, evaluación operativa, toldillos insecticidas, rociado residual

#### **S8-04. Retos de la vigilancia entomológica en Colombia**

Susanne Carolina Ardila Roldán

Grupo de Entomología, Laboratorio Nacional de Referencia, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Colombia

Las enfermedades transmitidas por vectores representan el 17 % de las enfermedades infecciosas del mundo y causan cerca de 700.000 muertes al año. De acuerdo con Minsalud, más del 68,5 % de la población colombiana vive en áreas donde hay riesgo de contraer, al menos, una de ellas.

La vigilancia entomológica en Colombia se ha consolidado desde los últimos 20 años, de la mano de Minsalud y del Instituto Nacional de Salud, mediante la estructuración y consolidación de una Red de Entomología Médica como apoyo al Programa Nacional de Enfermedades Transmisibles, conformada por los laboratorios de entomología de las entidades distritales y departamentales, coordinadas por profesionales de ciencias biológicas formados en entomología médica por el Instituto Nacional de Salud.

Los retos de estos profesionales se enmarcan desde un contexto biológico inherente al vector: taxonomía, distribución, comportamiento, identificación de agentes por biología molecular, sensibilidad a insecticidas, análisis de información para una orientación de control; así como condiciones ecológicas y sociales que favorecen la proliferación de insectos como: la pobreza, calidad de viviendas, servicios de salud; y factores determinantes ambientales que favorecen la introducción, propagación y emergencia de especies; el cambio climático, la migración, urbanización no controlada, la deforestación, las prácticas agrícolas, la minería, el turismo y los desplazamientos debidos a conflictos sociales.

Cada entidad en Colombia requiere de profesionales con formación idónea y con continuidad laboral en sus áreas, así como una articulación de los laboratorios de salud pública con los programas de enfermedades transmitidas por vectores, para orientar actividades de control y responder a las necesidades que el país requiera.

**Palabras clave:** vigilancia, entomología, insectos vectores, Colombia

**S9-01. Mucormicosis: antes y durante la pandemia de COVID-19**

Alexandro Bonifaz

Departamento de Micología, Servicio de Dermatología, Hospital General de México "Dr. Eduardo Liceaga"

La mucormicosis es una micosis causada por hongos oportunistas, la mayoría de los cuales son mucorales, entre los que se destacan *Rhizopus*, *Mucor* y *Lichtheimia*. Es una micosis que se presenta en pacientes con diabetes mellitus cetoacidótica o en inmunosuprimidos, especialmente neutropénicos; actualmente, se asocian a la infección por COVID-12 SARS-COV-2. Se caracterizan por producir cuadros clínicos agudos rinocerebrales y pulmonares, que cursan con trombosis, invasión vascular e infartos. Es una entidad con altos índices de letalidad.

La patogenia de la mucormicosis es fundamental por la alteración de los mecanismos de defensa, en especial, por neutropenias; son también vitales los iones de hierro sérico ( $Fe^{2+}$ ), que se presentan en los estados de cetoacidosis diabética. En la asociación con COVID-19, es importante la lluvia de citocinas proinflamatorias, estadías largas en la unidad de cuidados intensivos y el uso de esteroides sistémicos.

La principal forma clínica con más de dos tercios de los pacientes es la rinocerebral, que se inicia, por lo regular, en forma aguda; está asociada principalmente con pacientes diabéticos descompensados. Otras formas menos frecuentes son las pulmonares, gástricas, cutáneas y diseminadas.

Los casos de mucormicosis se deben diagnosticar por estudios micológicos, con exámenes directos con KOH, en los que se observan imágenes patognomónicas de hifas gruesas, cenocíticas y dicotómicas. En los cultivos, se desarrollan colonias algodonosas blancas, que permiten identificar las especies por sus formas de reproducción a base de esporangiosporas que nacen de esporangios. Para el tratamiento de elección, es fundamental corregir los factores asociados; se debe desbridar el tejido necrótico y emplear anfotericina B liposómica asociada a triazoles sistémicos.

**Palabras clave:** mucormicosis, diabetes descontrolada, *Rhizopus arrhizus*, anfotericina B

## S9-02. Aspergilosis: guía colombiana

José Oñate

Asociación Colombiana de Infectología, Colombia

**Introducción:** En Colombia, existen diferentes opciones clínico-terapéuticas para el manejo de la enfermedad aspergilar, pero no se cuenta con guías nacionales para consulta, y se conoce poco del perfil epidemiológico local y de los costos asociados al abordaje clínico-diagnóstico de la enfermedad.

**Métodos:** Se realizó un consenso bajo el método RAND/UCLA, basado en la evidencia científica y en el juicio colectivo de un panel de expertos. Se desarrolló una serie de preguntas, teniendo en cuenta los factores críticos que condicionan la toma de decisiones en los pacientes. Para evaluar la calidad de la evidencia y la fuerza de las recomendaciones, se usó la metodología GRADE modificada. Esta asigna cada recomendación con clasificaciones separadas para la calidad subyacente de la evidencia que respalda la recomendación, y para la fortaleza con la que se hace la recomendación. La calidad de la evidencia fue evaluada mediante el instrumento AGREE II.

**Resultados:** Se formularon recomendaciones basadas en la evidencia científica, teniendo en cuenta que las especies de *Aspergillus* causan un amplio espectro de enfermedades en los humanos, cuya manifestación clínica depende casi exclusivamente del estado inmunitario del paciente. Dichas enfermedades se pueden clasificar en tres grupos con mecanismos patogénicos y manifestaciones clínicas diferentes, aunque con características superpuestas: (a) aspergilosis invasora, (b) aspergilosis pulmonar crónica y (c) aspergilosis broncopulmonar alérgica.

**Conclusiones:** La enfermedad aspergilar es poco conocida y son necesarias estrategias de abordaje multidisciplinario para su diagnóstico, tratamiento y prevención. Además, es fundamental incentivar la educación médica continua para mejorar el conocimiento de esta infección por parte de los trabajadores de la salud.

**Palabras claves:** aspergilosis, *Aspergillus* sp., micosis

**S9-03. *Candida auris*: retos frente a un microorganismo emergente**

Patricia Escandón

Grupo de Microbiología, Dirección de Investigación en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

*Candida auris* es un agente patógeno emergente causante de infecciones invasivas serias en el ámbito hospitalario en más de 45 países, con una notable representatividad en las Américas. Dadas las particularidades de *C. auris*, la comunidad científica ha afrontado retos importantes para la identificación, tratamiento e implementación de medidas de control y prevención, convirtiéndose así en un problema importante de salud pública.

Impulsados por la aparición de este agente patógeno y la capacidad de los laboratorios para detectarlo de forma precisa, la cual tiene un reto en la oportuna identificación y respuesta dada la disponibilidad de herramientas diagnósticas robustas, y es crucial para iniciar un tratamiento adecuado y oportuna contención de brotes. Técnicas como la secuenciación de genoma completo, han brindado información relevante en la epidemiología molecular de *C. auris*, aportando también al entendimiento de su virulencia y mecanismos de resistencia antifúngica.

El control de las infecciones asociadas a la atención en salud causadas por *C. auris*, también ha sido un problema, reflejado en el aumento del número de casos en diferentes regiones, incluso en aquellas con programas y estrategias de diagnóstico, manejo y prevención consolidadas.

El entendimiento de este agente patógeno sigue en curso, así como la búsqueda de estrategias para mejorar las medidas de control, el diagnóstico oportuno, el uso prudente de antifúngicos y la educación de los profesionales de salud para contener este tipo de amenazas para la salud pública; todo esto redundando en mejores resultados para nuestros pacientes, como un recordatorio de que las infecciones causadas por hongos merecen atención en esta nueva era de las enfermedades infecciosas emergentes.

**Palabras clave:** *Candida auris*, micosis, candidiasis, diagnóstico



**S10-01. Experiencia de un modelo innovador para mejorar el acceso al diagnóstico y tratamiento de la enfermedad de Chagas y la hepatitis C**

Andrea Marchiol

Coordinadora de los proyectos de acceso en Chagas, *Drugs for Neglected Diseases initiative* – Latin America

La enfermedad de Chagas y la hepatitis C son enfermedades que coinciden en tener problemas de acceso al diagnóstico y tratamiento, en su evolución silenciosa y crónica, que desafían a los sistemas de salud a implementar estrategias sistemáticas de búsqueda activa. La enfermedad de Chagas como enfermedad tropical desatendida, constituye un relevante problema de salud pública, principalmente en Latinoamérica, donde se encuentra la mayoría de los afectados.

Debido a diversas barreras de acceso para la atención, en Colombia se reporta una cobertura de diagnóstico en personas en riesgo del 1,2 % y una cobertura de tratamiento antiparasitario del 0,3 %, situación que es similar en otros países de la región.

La hepatitis C, sin ser un evento desatendido, conlleva un problema en el acceso para los pacientes infectados, por los costos actuales de los nuevos esquemas terapéuticos. Con este panorama, la DNDi (*Drugs for Neglected Diseases initiative*) desarrolla el modelo 4D (*diagnosis, design, deliver and demonstrated impact*), el cual, mediante un trabajo colaborativo con los ministerios de salud y otros actores locales, impacta la reducción de las barreras de acceso.

Con el modelo 4D enfocado en la enfermedad de Chagas, se logró la implementación piloto, en cinco municipios endémicos colombianos, de una ruta de atención para la enfermedad de Chagas, lográndose aumentar el acceso al diagnóstico y al tratamiento en hasta 24 y 7 veces, respectivamente.

**Palabras clave:** accesibilidad a los servicios de salud, enfermedad de Chagas, hepatitis C, barreras de acceso a los servicios de salud

**S10-02. Enfoque de ciencias sociales como herramienta para implementar nuevas tecnologías en enfermedades tropicales**

Colin Forsyth

Gerente senior de proyectos e investigación, *Drugs for Neglected Diseases initiative* (DNDi)

**Antecedentes:** Las estrategias de control de las enfermedades tropicales desatendidas se han enfocado principalmente en el uso de herramientas biológicas. No obstante, estas enfermedades están fuertemente ligadas a la dimensión social, desde los factores de riesgo hasta la disponibilidad de la atención médica. Por eso, las ciencias sociales tienen un papel importante en el desarrollo de nuevas herramientas para incorporar en las estrategias de control.

**Aplicaciones:** La investigación de las ciencias sociales tiene cuatro ejes principales de relevancia para las nuevas tecnologías en enfermedades tropicales desatendidas: la identificación de barreras y necesidades desde la perspectiva de las personas impactadas; la comprensión de las diversas formas de buscar diagnóstico y tratamiento; el entendimiento de los impactos psicosociales, y la evaluación de nuevas herramientas, incluyendo prácticas, directrices, productos biomédicos, y materiales de comunicación.

Una herramienta fundamental es la investigación cualitativa que está principalmente orientada a entender las narrativas y las experiencias de los actores más afectados. La investigación cualitativa puede iluminar los procesos que las personas siguen para recibir atención médica, aportando al planeamiento de estrategias para introducir nuevas herramientas.

Se discuten varias investigaciones en la enfermedad de Chagas y las leishmaniasis, que han contribuido a comprender las barreras en la atención médica, los impactos emocionales y sociales, los procesos que siguen las personas impactadas para buscar tratamiento, y las brechas en los programas de control a niveles regionales y nacionales.

**Conclusiones:** Las enfermedades tropicales desatendidas son fenómenos complejos, que requieren un abordaje multidisciplinario que priorice la perspectiva de las comunidades más involucradas e impactadas.

**Palabras clave:** enfermedades tropicales desatendidas, enfermedad de Chagas, leishmaniasis, investigación cualitativa

**S10-03. Estado actual del conocimiento y avances en biomarcadores de reacción terapéutica para el manejo de la infección por *Trypanosoma cruzi***

María-Jesús Pinazo Delgado

Dirección del Programa Chagas, *Drugs for Neglected Diseases initiative* – Latin America

**Antecedentes.** La infección por *Trypanosoma cruzi* (enfermedad de Chagas) afecta entre ocho y diez millones de personas a nivel mundial. Cerca del 10 % de las personas con la infección se diagnostican y menos del 1% reciben tratamiento. Pese a haberse demostrado efectivos en la fase aguda, existen dificultades para la evaluación del benznidazol y el nifurtimox en la fase crónica de la enfermedad, lo cual pone en evidencia tres limitaciones fundamentales: a) falta de una prueba para evaluar la respuesta terapéutica precoz usada en la práctica clínica; b) dificultad para evaluar nuevas opciones terapéuticas, y c) dificultad para registrar nuevos tratamientos. Por otro lado, tampoco existen biomarcadores identificados y validados que correlacionen la respuesta parasitológica con la progresión clínica de la enfermedad.

**Estado actual del conocimiento.** La investigación en biomarcadores de respuesta terapéutica y de progresión clínica, es de gran relevancia. Se han identificado varios biomarcadores de la fase aguda y de la crónica de la infección. Estos marcadores son proteínas parasitarias, moléculas del huésped (marcadores celulares, serológicos o bioquímicos) y la combinación de ambas, mediante la identificación de proteínas en vesículas extracelulares. Los biomarcadores bioquímicos e inmunológicos no se han desarrollado por completo hasta el momento. Las técnicas de amplificación de los ácidos nucleicos son las que actualmente presentan un mayor desarrollo, pero son indicadores de falla terapéutica.

**Conclusiones:** Es necesaria la identificación y validación de nuevos biomarcadores de respuesta terapéutica o de progresión de la enfermedad de Chagas, para superar las barreras de manejo clínico y avanzar en estudios con nuevas opciones terapéuticas.

**Palabras clave:** biomarcador, enfermedad de Chagas, *Trypanosoma cruzi*, inmunidad celular, marcadores serológicos, PCR

**S10-04. Nuevos modelos de investigación y desarrollo aplicados al descubrimiento de fármacos**

Luiza R. Cruz, Jadel M. Kratz, Peter Sjo, Charles Mowbray, Laurent Fraisse, Sergio S. Estani  
*Drugs for Neglected Diseases initiative - DNDi, Rio de Janeiro, Brazil*

La enfermedad de Chagas y la leishmaniasis son enfermedades tropicales desatendidas que afectan alrededor de 6 y 12 millones de personas en el mundo, respectivamente. La mayoría de las personas afectadas por la enfermedad de Chagas viven en Latinoamérica, lo cual deja una estela de impacto sanitario, social y económico en la región. A nivel global, más de mil millones de personas están en riesgo de infectarse por leishmaniasis.

Para ambas enfermedades, los tratamientos actuales son insatisfactorios por la ineficacia y toxicidad de los medicamentos y el tratamiento prolongado, entre otras razones, lo que hace imperativo descubrir y desarrollar medicamentos nuevos y más seguros.

Buscando llenar este vacío, la iniciativa Medicamentos para Enfermedades Olvidadas (DNDi) coordina una "orquesta virtual" para la investigación y el desarrollo de nuevos tratamientos para las enfermedades tropicales desatendidas. Una de estas redes innovadoras y colaborativas es el consorcio *Lead Optimization Latin America (LOLA)*, la cual se centra en las etapas tempranas del proceso de descubrimiento de fármacos. Este consorcio se inició en 2013 con el apoyo e interés de instituciones públicas y privadas de Latinoamérica. Los objetivos principales son: 1) avanzar en el conocimiento técnico identificando, optimizando y desarrollando nuevas entidades químicas para las enfermedades tropicales desatendidas, y 2) fomentar las capacidades locales estableciendo un núcleo para descubrir fármacos para enfermedades tropicales desatendidas en la región. Para la enfermedad de Chagas y la leishmaniasis, en LOLA se han evaluado más de 1.000 entidades químicas y continuamos trabajando para aumentar más capacidades locales. En esta conferencia se presentarán algunos de los resultados prácticos del consorcio.

**Palabras claves:** enfermedad de Chagas, leishmaniasis, nuevas entidades químicas

**S11-02. Políticas públicas para la prevención y el control de enfermedades tropicales**

Óscar Alberto Bernal Acevedo  
Universidad de los Andes, Colombia

**Antecedentes:** Mientras se dan avances importantes en algunas enfermedades tropicales como la malaria y la oncocercosis, o se está prestando mayor atención al dengue o el Zika, existen otras que siguen quedando desatendidas. Un ejemplo es la enfermedad de Chagas, que continúa siendo un problema de salud pública, tanto en países endémicos como no endémicos. La mayoría de los países endémicos han eliminado o reducido sus programas verticales, buscando una atención más integrada. El objetivo de este estudio es analizar los cambios en los programas de Chagas en las Américas.

**Métodos:** Estudio cualitativo de análisis de políticas de manejo de los programas de Chagas en las Américas. Se hizo una búsqueda en bases de datos indexadas de tipo Cochrane, Medplus, Lilacs y Bireme. Se utilizó como referente teórico el triángulo de la política propuesto por Walt en 1994.

**Resultados:** Los programas de Chagas se centraron en la lucha vectorial hasta los años 90 y, posteriormente, han incluido otras formas de prevención, el diagnóstico y su tratamiento. Se ha avanzado en las herramientas para el diagnóstico y hay algunos avances en el tratamiento. La integración del tratamiento en el nivel primario de atención, todavía está en proyectos piloto y no está insertada en las políticas nacionales.

**Conclusiones:** Es necesario avanzar en la integración del tratamiento del Chagas a nivel primario en todos los países endémicos, y continuar avanzando en nuevos y mejores tratamientos.

**Palabras claves:** enfermedades tropicales, Chagas, verticales, integración

### **S11-03. El abordaje “Una salud” (*One Health*) para la prevención y el control de las enfermedades tropicales**

Natalia Cediel Becerra

Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de La Salle; miembro de *One Health High Expert Level Panel* (OHHLEP)

**Antecedentes:** Las enfermedades tropicales desatendidas afectan a las comunidades pobres, y suponen una carga humana, social y económica para más de mil millones de personas a nivel mundial. Para lograr los objetivos de eliminación y control de estas enfermedades, se recomienda el enfoque *One Health*, por ser una estrategia para el desarrollo humano y económico al integrar los sistemas nacionales de salud y coordinar acciones con otros sectores y actores involucrados. En el último decenio, se evidenció la necesidad de una mayor acción multisectorial para la vigilancia epidemiológica y el diagnóstico de enfermedades, planificación de programas de control y de programas de educación y cambio de comportamiento.

**Métodos:** Se presenta la nueva definición de *One Health*, principios, plan de acción, conjunto global y las barreras comunes para implementar el concepto en la práctica. Se presentan estudios de caso ejemplarizantes en África, que probaron ser costo-efectivos.

**Resultados:** El abordaje *One Health* se ha incluido en varios planes sobre enfermedades tropicales desatendidas, pero su aplicación ha resultado difícil en algunas circunstancias por diferentes obstáculos logísticos, financieros, normativos y culturales. Las estrategias multisectoriales son útiles en entornos de escasos recursos, al mejorar la detección, seguimiento, evaluación, acceso a tratamiento y financiación de los programas sanitarios.

**Conclusiones:** La estrecha coordinación multisectorial potenciará al máximo las sinergias, dentro del sector de la salud y con otros sectores en la lucha antivectorial, acceso equitativo al agua y al saneamiento, sanidad animal y ambiental, y educación sanitaria. Se recomienda evaluar el impacto de las intervenciones actuales.

**Palabras clave:** *One Health*, vigilancia conjunta, prevención y control de enfermedades, enfermedades tropicales desatendidas

**S11-04. Experiencia Chagas en Colombia, ¿cómo incide en la política pública?**

Andrea Marchiol

Chagas Access Project Manager, Drugs for Neglected Diseases initiative (DNDi)

En Colombia, la implementación piloto de la Ruta Integral de Atención en Salud para Chagas (RIAS Chagas) constituye una experiencia exitosa que ha identificado barreras de acceso y diseñado una estrategia para organizar las atenciones, que se implementa por medio de un programa piloto en las zonas endémicas y, posteriormente, se evalúa la mejora del acceso al diagnóstico y al tratamiento en las poblaciones afectadas por la enfermedad de Chagas.

Con la implementación de la RIAS Chagas en cinco municipios endémicos, se evidenció un incremento en hasta 24,5 y 4,7 veces el número de personas que accedieron a diagnóstico y tratamiento, respectivamente. De igual manera, los tiempos para el diagnóstico se redujeron hasta 21,5 veces.

Por otro lado, datos preliminares de gasto reflejan que quienes son atendidos en el prestador complementario gastan más de cinco veces dinero en transporte, alojamiento y alimentación, en comparación con quienes son atendidos en el prestador primario.

Además, la implementación de la RIAS, que promueve una atención de mayor cobertura, constituiría una estrategia que permitiría al sistema de salud ahorrar recursos financieros.

El conocimiento generado a partir de la implementación piloto de la RIAS Chagas, tiene diversas perspectivas de incidencia para formular políticas públicas de atención a enfermedades tropicales. Los resultados de la experiencia con Chagas ejemplifican y promueven el desarrollo de estrategias de atención sostenibles, para que el sistema de salud se acerque más las personas, mejorando el acceso al diagnóstico y tratamiento, e impactando el ahorro de costos no médicos y pérdida de ingresos en una población vulnerable.

**Palabras claves:** RIAS, enfermedad de Chagas, estrategias, Colombia

### S12-01. Estructura genética y dinámica de la transmisión de malaria por *Plasmodium falciparum* en la Costa Pacífica colombiana

Manuela Carrasquilla<sup>1,2</sup>, Ángela M. Early<sup>1,2</sup>, Aimee R. Taylor<sup>2,3</sup>, Angélica Knudson<sup>4</sup>, Diego F. Echeverry<sup>5,6</sup>, Timothy J. C. Anderson<sup>7</sup>, Elvira Mancilla<sup>8</sup>, Samanta Aponte<sup>9</sup>, Pablo Cárdenas<sup>10</sup>, Caroline O. Buckee<sup>3</sup>, Julian C. Rayner<sup>11,12</sup>, Fabián E. Sáenz<sup>13</sup>, Daniel E. Neafsey<sup>1,2</sup>, Vladimir Corredor<sup>8</sup>

<sup>1</sup> Department of Immunology and Infectious Disease, Harvard T. H. Chan School of Public Health, Boston, MA, USA

<sup>2</sup> Infectious Disease and Microbiome Program, Broad Institute of MIT and Harvard, Cambridge, MA, USA

<sup>3</sup> Center for Communicable Disease Dynamics, Harvard T. H. Chan School of Public Health, Boston, MA, USA

<sup>4</sup> Departamento de Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

<sup>5</sup> Departamento de Microbiología, Facultad de Salud, Universidad del Valle, Cali, Colombia

<sup>6</sup> Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM), Cali, Colombia

<sup>7</sup> Program in Disease Intervention and Prevention, Texas Biomedical Research Institution, San Antonio, Texas

<sup>8</sup> Secretaría Departamental de Salud del Cauca, Popayán, Colombia

<sup>9</sup> Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

<sup>10</sup> Department of Biological Engineering, Massachusetts Institute of Technology

<sup>11</sup> Wellcome Sanger Institute, Hinxton, Cambridge, UK

<sup>12</sup> Cambridge Institute for Medical Research, University of Cambridge, Cambridge, UK

<sup>13</sup> Centro de Investigación para la Salud en América Latina, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Quito, Ecuador

**Antecedentes:** La Región Pacífica de Colombia contribuye actualmente con entre 30.000 y 40.000 casos de malaria al año, y más del 70 % de los casos de malaria por *Plasmodium falciparum* en el país. El estudio de la dinámica de transmisión de malaria por *P. falciparum* en zonas de baja transmisión y sus consecuencias en la estructura genética de las poblaciones parasitarias, es de importancia para explicar fenómenos como la aparición de fenotipos de resistencia a los antimaláricos y los patrones de conectividad entre las poblaciones. Debido a la baja diversidad genética de los parásitos, y a la relativa baja intensidad de picadura en humanos por parte de los mosquitos vectores, las infecciones en estas áreas son en su mayor proporción infecciones monoclonales con bajas tasas de recombinación efectiva.

**Métodos:** Se analizaron 166 genomas completos secuenciados de muestras de Colombia y Ecuador.

**Resultados:** Utilizando métodos para determinar la identidad por descendencia, encontramos 17 linajes clonales, de los cuales 6 han persistido en la región durante, por lo menos, una década. Además, se muestra evidencia del efecto de un fuerte barrido selectivo en dos genes asociados a la resistencia a la cloroquina (*crt* y *aat1*) y un barrido selectivo débil o incompleto en tres *loci* asociados a la resistencia a antimaláricos (*dhps*, *dhfr* y *mdr1*).

**Conclusiones:** El efecto de la recombinación efectiva ocasional permite generar nuevas combinaciones multilocus de genes asociados con la resistencia a antimaláricos. El trabajo muestra, además, la conectividad en el tiempo de las poblaciones parasitarias a todo lo largo de la Costa Pacífica.

**Palabras clave:** *Plasmodium falciparum*, estructura genética de poblaciones, resistencia a antimaláricos, recombinación, identidad por descendencia



## **S12-02. Control de vectores en el contexto de la eliminación de la malaria en Colombia**

Martha L. Quiñones P.

Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia

En Colombia, tres especies de *Anopheles* se consideran vectores principales y otros 9 son vectores secundarios de *Plasmodium*. Dado que cada especie exhibe una biología diferente, se requiere una caracterización de los focos de los vectores presentes, para entender la epidemiología de la malaria y evaluar el impacto de las medidas de control.

Colombia tiene retos importantes en el contexto de la eliminación de la malaria, como es la baja cobertura de las medidas principales de control dirigidas a los vectores, *i.e.* mosquiteros tratados con piretroides o el rociado residual intradomiciliario.

Aunque es conocido que para lograr un impacto sobre las poblaciones de vectores se requieren coberturas superiores al 90 %, los datos reflejan coberturas en áreas de alto riesgo de apenas entre 25 y 30 %. Otra limitación que se requiere afrontar es la necesidad de incorporar medidas de control complementarias que permitan disminuir el contacto entre el humano y el vector, que tiene lugar fuera de las viviendas y en tempranas horas de la noche, y que no cubren las medidas de control básicas dirigidas a los vectores, es decir, los mosquiteros o el rociado residual intradomiciliario.

Las medidas de control complementarias pueden ser repelentes espaciales, manejo de los sitios de cría, uso de cebos tóxicos azucarados o insecticidas sistémicos, por ejemplo, y requieren de evaluaciones e investigación a nivel local.

Se espera que, en un futuro cercano y con un compromiso no sólo político sino de las autoridades de salud, se logre consolidar un plan de eliminación de la malaria como una prioridad para el país.

**Palabras clave:** malaria, eliminación, control, vectores

**S12-03. Aspectos clínicos y epidemiológicos de la malaria en Córdoba, Colombia**

María Fernanda Yasnot-Acosta

Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba, GIMBIC, Universidad de Córdoba

**Antecedentes:** La malaria sigue siendo una importante carga para la salud pública, especialmente para las naciones en desarrollo, como Colombia.

**Métodos:** Desde el año 2007, hemos realizado estudios en el departamento de Córdoba encaminados a la caracterización clínica e inmunológica de los pacientes con malaria por *Plasmodium vivax*, complicados y no complicados.

**Resultados:** Los pacientes con criterios de complicación, presentan trombocitopenia (78,3 %), anemia (34 %), y disfunción hepática (30 %) y renal (30 %). Al evaluar la respuesta inmunológica de citocinas o quimiocinas, se encontró que el coeficiente IL-4, IL-10/CCL2, TGF- $\beta$  puede ser un indicador de gravedad de la enfermedad. Asimismo, se encontró una asociación entre los anticuerpos autoinmunitarios contra fosfatidilserina y la concentración de la hemoglobina, al igual que con el recuento plaquetario, lo que sugiere una respuesta autoinmunitaria durante la enfermedad por malaria.

Por otro lado, establecimos el cultivo de *P. vivax* de hasta 41 días en el laboratorio. Con cultivos de 48 horas, se evaluó la sensibilidad a la cloroquina y se encontró que 3/15 evaluaciones sugieren una disminución de la efectividad; además, encontramos cuatro moléculas nuevas con actividad antimalárica.

Actualmente, estudiamos la inmunomodulación en coinfecciones, leptospira-malaria, dengue-malaria y geohelminthos-malaria, para conocer el efecto frente a la situación clínica.

Por otro lado, se detectaron “puntos calientes” (*hotspots*) de la malaria en el departamento de Córdoba, con cinco conglomerados en Tierralta y uno para cada municipio en Valencia, Montelíbano y Puerto Libertador.

**Conclusiones:** Es importante continuar con la búsqueda de biomarcadores como herramienta pronóstica de gravedad o como inmunomoduladores para la prevención de hallazgos clínicos, principalmente complicaciones.

**Palabras clave:** *Plasmodium vivax*, malaria complicada, biomarcadores, citocinas, quimiocinas, autoinmunidad

**S12-04. Impacto de la atención primaria en salud en la malaria grave en Colombia**

Mario J. Olivera<sup>1</sup>, Haydi Caro<sup>2</sup>, José Iza Rodríguez<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

<sup>2</sup> Medicina Familiar e Integral, Fundación Universitaria Juan N. Corpas, Bogotá, D.C., Colombia

<sup>3</sup> Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

**Antecedentes:** El riesgo de enfermar y desarrollar complicaciones a causa de la malaria, está asociado a las desigualdades sociales que se expresan mediante el acceso y uso oportuno de los servicios de salud. Este estudio tuvo como objetivo evaluar el impacto de la atención primaria en salud sobre la incidencia acumulada de malaria grave en Colombia.

**Métodos:** Es un estudio ecológico basado en fuentes de información secundaria entre 2010 y 2020. Se utilizaron indicadores para evaluar el acceso a los servicios de salud, se estimaron el tiempo de viaje al centro de salud más cercano y el índice parasitario anual (IPA), y se evaluaron las tendencias en la incidencia acumulada de malaria grave en función del tiempo de viaje e indicadores de acceso.

**Resultados:** Se registraron 740.763 casos de malaria, de los cuales 9.188 (1,2 %) correspondieron a malaria grave. Los municipios con IPA altos tuvieron un buen desempeño en el acceso a los servicios de salud. Con relación a la letalidad por malaria complicada, los municipios con más bajo acceso resultaron con una gran letalidad. La incidencia de malaria grave se duplicó a medida que el tiempo de viaje al centro de atención más cercano aumentaba de 15 minutos a 2 horas.

**Conclusiones:** En el presente estudio se destaca el potencial de la atención primaria en salud para reducir la morbilidad y la mortalidad por malaria, así como para garantizar el bienestar de la población y la disminución de las inequidades sociales. El acceso insuficiente es un factor de riesgo que se distribuye de manera desigual entre los hogares más pobres.

**Palabras clave:** malaria, atención primaria de salud, complicaciones, accesibilidad a los servicios de salud, Colombia

**S13-01. El proyecto CUIDA Chagas, hacia la eliminación de la enfermedad congénita de Chagas en Latinoamérica**

Gabriel Parra-Henao<sup>1</sup>, Andrea Silvestre<sup>2</sup>, Debbie Vermeij<sup>2</sup>, Paula Pavia<sup>1</sup>, Mario Olivera<sup>1</sup>, Marcela Mercado<sup>1</sup>, Astrid Carolina Flórez<sup>1</sup>, Luis Hernando Nieto<sup>1</sup>, Juan Felipe Bedoya<sup>1</sup>, Magdalena Wiesner<sup>1</sup>, Martha Ayala<sup>1</sup>, Lilibiana Jazmín Cortes<sup>1</sup>.

<sup>1</sup> Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

<sup>2</sup> Fundação Oswaldo Cruz, Instituto Nacional de Infectologia Evandro Chagas, Rio de Janeiro, RJ, Brasil

**Antecedentes:** La enfermedad de Chagas es una enfermedad desatendida, potencialmente letal, causada por el parásito *Trypanosoma cruzi* que se transmite por medio del contacto con las heces u orina de triatomíneos infectados. Otras formas de transmisión incluyen el consumo de comida contaminada, la transmisión congénita, la transfusión de sangre y los trasplantes de órganos de donantes infectados. Se calcula que 1,12 millones de mujeres en edad fértil están infectadas por *T. cruzi* y la tasa de transmisión llega al 5 %. Este índice es mayor en las zonas endémicas de alto riesgo.

**Métodos:** Mediante investigación de métodos mixtos en cuatro países (Bolivia, Brasil, Colombia y Paraguay), este estudio tiene el fin de generar información sobre la viabilidad y la eficacia de los enfoques de pruebas, tratamiento y atención, con el fin de contribuir a la eliminación de la transmisión congénita de la enfermedad de Chagas; asimismo, se espera validar pruebas de diagnóstico rápido y realizar un estudio clínico multicéntrico doble ciego, aleatorizado y de fase III, de no inferioridad de seguridad y eficacia, para evaluar un esquema corto de benznidazol para el tratamiento de adultos en la fase crónica.

**Resultados esperados:** Se quiere crear modelos de implementación que se puedan replicar en diferentes contextos, un algoritmo de diagnóstico que haga uso de pruebas rápidas y reduzca el tiempo para el diagnóstico, y un esquema de tratamiento más corto, lo que contribuye al cumplimiento del tratamiento.

**Conclusiones:** Es un estudio en proceso, aún no tiene conclusiones.

**Palabras clave:** *Trypanosoma cruzi*, Latinoamérica, eliminación, diagnóstico, tratamiento

**S13-02. ¿Por qué es importante hablar de variabilidad genética de *Trypanosoma cruzi* y su posible relación con la clínica y la respuesta al tratamiento?**

Juan Carlos Villar<sup>1</sup>, Juan David Ramírez<sup>2</sup>, Luis David Sáenz<sup>1</sup>, Lissa Cruz<sup>2</sup>, Eliana Váquiro<sup>1</sup>, Karen Moreno<sup>1</sup>, Mario Olivera<sup>3</sup>, Julián Lugo<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Investigaciones, Fundación Cardioinfantil – Instituto de Cardiología

<sup>2</sup> Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología de la Universidad del Rosario (CIMBIUR), Universidad del Rosario

<sup>3</sup> Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

**Antecedentes:** Los avances en la descripción y clasificación de *Trypanosoma cruzi* han permitido construir la epidemiología genética del parásito. Además, las observaciones previas sugieren diferencias geográficas en la expresión clínica de la enfermedad de Chagas (v. g., presencia o no de formas digestivas), mientras que los resultados recientes de los estudios clínicos muestran diferencias regionales en la respuesta al tratamiento tripanocida. Es por esto importante estudiar las posibles asociaciones entre genética y diversidad clínica o respuesta al tratamiento tripanocida en diversas regiones del continente.

**Métodos:** El equipo investigador adelanta un proyecto (2022-2024) para evaluar estas asociaciones en Colombia. Se incluyen personas con infección por *T. cruzi* con diferentes estadios clínicos (establecidos, durante al menos 10 años de un estado seropositivo), expuestos o no al tratamiento tripanocida. Se buscará en ellos cuantificar y clasificar genéticamente parásitos circulantes, e identificar eventualmente marcadores de resistencia a estos medicamentos. Se espera incluir, al menos, 50 personas de los 4 subgrupos de interés (con cardiopatía o sin ella, con exposición a tratamiento tripanocida o sin ella).

**Resultados:** Al momento de esta presentación, se han incluido 21 participantes, 13 de ellos con cardiopatía chagásica establecida y 2 con historia de haber recibido tratamiento tripanocida. Las primeras pruebas de PCR se procesarán a partir de septiembre y, después de estandarizar la técnica, se practicará la respectiva genotipificación.

**Conclusiones:** Este proyecto explorará, por primera vez en el país, la asociación entre la diversidad genética de *T. cruzi* y la evolución clínica hacia cardiopatía, o la respuesta al tratamiento tripanocida.

**Palabras clave:** enfermedad de Chagas, *Trypanosoma cruzi*, PCR, genotipificación, tratamiento

### S13-03. Variaciones geográficas en la reactividad de la prueba para el diagnóstico serológico de la infección por *Trypanosoma cruzi*

Carine Truyens<sup>1</sup>, Eric Dumonteil<sup>2</sup>, Jackeline Alger<sup>3</sup>, María Luisa Cafferata<sup>4</sup>, Álvaro Ciganda<sup>4</sup>, Luz Gibbons<sup>5</sup>, Claudia Herrera<sup>2</sup>, Sergio Sosa-Estani<sup>6,7</sup>, Pierre Buekens<sup>8</sup>

<sup>1</sup> Laboratory of Parasitology, Faculty of Medicine, and ULB Center for Research in Immunology (UCRI), Université Libre de Bruxelles, Brussels, Belgium

<sup>2</sup> Department of Tropical Medicine, School of Public Health, and Tropical Medicine, and Vector-Borne and Infectious Disease Research Center, Tulane University, New Orleans, Louisiana, USA

<sup>3</sup> Instituto de Enfermedades Infecciosas y Parasitología Antonio Vidal, Departamento de Laboratorio Clínico, Hospital Escuela, Facultad de Ciencias Médicas, UNAH, Tegucigalpa, Honduras

<sup>4</sup> Unidad de Investigación Clínica y Epidemiológica Montevideo (UNICEM), Montevideo, Uruguay

<sup>5</sup> Institute for Clinical Effectiveness and Health Policy, Buenos Aires, Argentina

<sup>6</sup> Drugs for Neglected Diseases initiative-Latin America, Rio de Janeiro, Brazil

<sup>7</sup> Epidemiology and Public Health Research Center (CIESP-CONICET), Buenos Aires, Argentina

<sup>8</sup> Department of Epidemiology, School of Public Health and Tropical Medicine, Tulane University, New Orleans, Louisiana, USA

**Antecedentes:** La enfermedad de Chagas es una enfermedad desatendida causada por el parásito *Trypanosoma cruzi*. La mayoría de los diagnósticos se basa en pruebas serológicas, pero la falta de un método de referencia complica la medición del desempeño de las pruebas.

**Metodología:** La reactividad de dos pruebas de diagnóstico rápido y una de inmunoabsorción ligada a enzimas (ELISA), se evaluó usando muestras de una cohorte bien caracterizada de mujeres infectadas con *T. cruzi* de un estudio previo sobre la transmisión congénita de *T. cruzi*, usando 481 muestras de sangre o plasma de Argentina (n=149), Honduras (n=228) y México (n=104), con al menos una PCR positiva para *T. cruzi*.

**Resultados:** La reactividad de las tres pruebas osciló entre el 70,5 % para el ELISA de Wiener y, para las pruebas rápidas, el 81,0% para T-Detect y el 90,4 % para Stat-Pak. La reactividad de las pruebas varió significativamente entre países, siendo mayor en Argentina y menor en México. Considerando al menos dos pruebas serológicas reactivas para confirmación, menos de 12 % de los casos en Argentina no fueron detectados, más de 21 % en Honduras y más de 72 % en México. Las diferencias en el rendimiento de la prueba entre países no se asociaron con la parasitemia, sino con diferencias en los valores de anticuerpos contra los antígenos ELISA.

**Conclusiones:** Tanto las diferencias geográficas en las cepas de *T. cruzi*, como las diferencias genéticas entre las poblaciones humanas, pudieron contribuir a las discrepancias en las pruebas. Se requieren nuevas pruebas diagnósticas para la detección oportuna de casos.

**Palabras clave:** enfermedad de Chagas, diagnóstico, serología, ELISA, prueba rápida, diversidad de cepas

### **S13-04. Uso de herramientas NGS en la caracterización y el entendimiento de la transmisión de la enfermedad de Chagas por vía oral en Colombia**

Lissa Cruz-Saavedra<sup>1</sup>, Jeiczon Jaimes<sup>2</sup>, Omar Cantillo<sup>1,3</sup>, Carolina Hernández<sup>1</sup>, Manuel Medina<sup>4</sup>, Bernardo Leal<sup>4</sup>, Lida Martínez<sup>4</sup>, Silvia Valdivieso<sup>4</sup>, Mabel Medina<sup>4</sup>, Alix Robinson Hidalgo<sup>5</sup>, Hernán Vergara<sup>6</sup>, Ana Catalina Herrera<sup>6</sup>, Álvaro Faccini<sup>6</sup>, Juan David Ramírez González<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología, Universidad del Rosario, Colombia

<sup>2</sup> Grupo GRICA, Universidad Cooperativa de Colombia UCC, Bucaramanga, Colombia

<sup>3</sup> Grupo BCEI, Universidad de Antioquia, Colombia

<sup>4</sup> Secretaría de Salud, Gobernación de Boyacá, Boyacá, Colombia

<sup>5</sup> Laboratorio de Salud Pública Fronterizo, Arauca, Colombia

<sup>6</sup> Hospital Militar Central, Colombia

**Antecedentes:** *Trypanosoma cruzi* es el agente causal de la enfermedad de Chagas. La enfermedad de Chagas tiene distintas vías de transmisión y la vía oral ha cobrado gran fuerza en lugares endémicos donde se han reportado, incluso, casos de muerte a causa de la gravedad de la infección. A pesar de lo anterior, pocos estudios se han realizado para comprender las dinámicas de la transmisión oral, las características genéticas y genómicas de las cepas infectantes, y los genes sobreexpresados en estas cepas.

**Objetivo:** Caracterizar la transmisión de la enfermedad de Chagas por vía oral en Colombia, mediante herramientas NGS (*Next-Generation Sequencing*).

**Métodos:** A partir de dos brotes de la enfermedad de Chagas por vía oral ocurridos en zonas rurales de Colombia, se recolectaron muestras de sangre de humanos, perros y reservorios selváticos. A las muestras se les practicó qPCR, genotipificación mediante “*amplicon based-sequencing*” y hemocultivo. Los cultivos positivos fueron empleados para realizar genómica y transcriptómica.

**Resultados:** Un total de 10 muestras de humano, 6 perros y 5 zangüeyas fueron positivas para *T. cruzi* mediante qPCR. Los pacientes positivos se encontraban principalmente infectados con la DTU TcI; además, se logró encontrar una coinfección entre dos DTU en uno de los pacientes. Las zangüeyas mostraban también infecciones con otros *Trypanosomas*. Dos hemocultivos de humanos y cuatro de zangüeyas fueron positivos. Para los análisis genómicos, se secuenciaron dos clones por cada cepa y se empleó una cepa aislada de humano para los estudios transcriptómicos.

**Conclusión:** Las herramientas de NGS brindan una excelente alternativa para el estudio de los brotes de la enfermedad de Chagas por vía oral.

**Palabras clave:** *Trypanosoma cruzi*, *next generation sequencing*, *amplicon based sequencing*, genómica, transcriptómica

### **S14-01. Contexto y perspectivas orientadas a la eliminación de la leishmaniasis en Colombia como problema de salud pública**

Mauricio Javier Vera Soto<sup>1,2</sup>, Fredy Eberto Lizarazo Lozano<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup> Ministerio de Salud y Protección Social

<sup>2</sup> Universidad Autónoma de Manizales

<sup>3</sup> Subprograma Nacional de Prevención y Control de Leishmaniasis

En el marco de los Objetivos de Desarrollo Sostenible 2030, la OMS y la OPS han establecido políticas internacionales para la eliminación de enfermedades transmisibles, entre ellas, la leishmaniasis cutánea y la visceral. Colombia es país endémico, con heterogeneidad de sus factores determinantes y de riesgo, incluyendo metas en pro de la eliminación o el control en el Plan Decenal de Salud Pública.

Se realizan análisis descriptivos de la factibilidad de las metas señaladas en el Plan Decenal de Salud Pública.

Existe transmisión de leishmaniasis cutánea en 607 municipios, 70 % de los casos en zonas rurales dispersas. Pese a la disminución de los casos, en menores de 10 años la proporción ha sido estable en el último decenio, lo cual evidencia la carencia de intervenciones sostenibles en los focos con factibilidad de intervención, relacionados con los domicilios, el manejo inadecuado de los desechos orgánicos para compostaje, o cultivos de café o cacao en la región andina.

Existen 47 municipios en 8 grandes focos de transmisión de leishmaniasis visceral, acumulando 267 casos en el último decenio y afectando a los menores de 10 años. Se carece de estrategias de vigilancia comunitaria, de implementación de tecnologías para la atención clínica inicial, y la identificación y manejo de la desnutrición como principal factor de riesgo de letalidad.

El país debe mejorar las capacidades territoriales para la gestión e implementación de intervenciones en salud pública, en miras de la eliminación de leishmaniasis visceral y el control de leishmaniasis cutánea, articulando la investigación e intervención de focos compartidos por varios municipios y departamentos, incluyendo los actores del Sistema General de Seguridad Social, y los sectores de agricultura, trabajo y vivienda, entre otros.

**Palabras claves:** leishmaniasis, salud pública, eliminación, prevención y control.



**S14-02. La importancia y responsabilidad de la vigilancia por el laboratorio en el marco del control y la eliminación de la leishmaniasis en Colombia**

Martha Stella Ayala Sotelo

Laboratorio Nacional de Referencia - Grupo de Parasitología, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

**Antecedentes:** La leishmaniasis se distribuye ampliamente a nivel mundial y se considera un importante problema de salud pública, siendo clasificada como una de las enfermedades tropicales desatendidas. Colombia es uno de los tres países con el mayor número de especies de *Leishmania*, cerca del 90,3 % de los casos están asociados con formas cutáneas y, el 0,7 % restante, con las formas mucocutáneas y la visceral.

**Métodos:** Desde el Laboratorio Nacional de Referencia, se ha propendido por establecer en el país un único sistema de vigilancia diagnóstica, como componente de la vigilancia en salud pública, así como por fortalecer la red de diagnóstico en todos los niveles de atención, principalmente en el nivel local, con el fin de detectar oportunamente los casos para atención, diagnóstico, manejo y tratamiento.

**Resultados:** Desde el año 2006, se cuenta con métodos de diagnósticos estandarizados y divulgados en todos los laboratorios de salud pública departamentales según la forma clínica de la enfermedad. Se deben considerar factores como lo invasivo del método, la experiencia requerida para la toma y lectura de la muestra, y otros aspectos inherentes a la evolución misma de la enfermedad, para garantizar la calidad de un buen diagnóstico.

**Conclusiones:** Se requieren con urgencia intervenciones adaptadas a las necesidades socioeconómicas y de salud de los pacientes con leishmaniasis, para reducir la inequidad en salud y la carga ocasionada por esta parasitosis, propendiendo por el fortalecimiento de procesos de articulación entre los laboratorios de la red privada con los laboratorios de salud pública departamental o distrital, garantizando el personal competente, los recursos financieros y la capacidad técnico-tecnológica para el diagnóstico.

**Palabras:** leishmaniasis cutánea, leishmaniasis visceral, leishmaniasis mucosa, vigilancia por el laboratorio, control, eliminación

#### **S14-04. Estrategias basadas en la comunidad para el diagnóstico y el seguimiento del tratamiento de la leishmaniasis cutánea en zonas rurales dispersas de Colombia**

María del Mar Castro<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> CIDEIM (Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas), Cali, Colombia

<sup>2</sup> Universidad Icesi, Cali, Colombia

**Antecedentes:** La información sobre el subregistro y la efectividad de los fármacos antileishmaniásicos en Colombia y Latinoamérica es escasa. Este proyecto aborda las brechas de conocimiento críticas en la orientación y evaluación de las intervenciones para el control de la leishmaniasis cutánea en Colombia.

**Métodos:** Realizamos un estudio observacional en tres municipios de Colombia (Pueblo Rico en Risaralda, Rovira en Tolima y Tumaco en Nariño). Se compararon los registros rutinarios con los casos reportados en el sistema de vigilancia (SIVIGILA), para estimar el subregistro. Líderes de salud comunitarios capacitados apoyaron la identificación de casos y el seguimiento de los pacientes con leishmaniasis cutánea confirmada, utilizando una aplicación móvil (Guara+ST app) o formularios en papel en áreas priorizadas por un modelo de nicho ecológico para flebótomos y datos de vigilancia. Se usaron métodos cualitativos para el análisis del contexto y adaptación de materiales de entrenamiento.

**Resultados:** La selección de líderes y la estrategia de seguimiento fueron realizadas en conjunto con las comunidades y partes interesadas (por ejemplo, autoridades de salud). La estimación del subregistro está en curso (12 % en uno de los municipios). La proporción de falla terapéutica fue de 13,3 % (6/45; IC<sub>95%</sub> 5,9-27,3) para la miltefosina; 28,1 % (18/64; IC<sub>95%</sub> 18,2-40,6) para el antimonio de meglumina, y de 16,7 % (9/54; IC<sub>95%</sub> 8,7-29,5) para la pentamidina. El enfoque comunitario permitió obtener información sobre la respuesta terapéutica del 81 % de los pacientes incluidos.

**Conclusiones:** Los resultados de este proyecto soportan la factibilidad de la identificación de casos y el seguimiento terapéutico, utilizando herramientas de salud móvil manejadas por miembros de la comunidad.

**Palabras clave:** leishmaniasis cutánea, Colombia, efectividad, tratamientos antileishmaniales, comunidad

**S15-02. Garrapatas y “Una sola salud”**

Jesús Alfredo Cortés Vecino<sup>1</sup>, Jerson Andrés Cuéllar Sáenz<sup>1</sup>, Alejandro Ramírez Hernández<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.

<sup>2</sup> Universidad de La Salle, Bogotá, D.C.

**Antecedentes:** Las garrapatas son parásitos hematófagos obligados de diversas especies animales –incluido el humano– y se consideran el vector de mayor importancia en la transmisión de enfermedades en animales y el segundo vector de relevancia en salud pública. Para el estudio y mitigación de estos vectores y agentes patógenos, es relevante usar un enfoque como el de *One Health* o “Una sola salud”; este plantea la aproximación colaborativa, multisectorial, a nivel local y global, para alcanzar resultados óptimos de salud, reconociendo la interconexión entre las personas, los animales y el ambiente compartido.

**Métodos:** Se hizo una búsqueda sistemática en bases de datos indexadas, enfocada en las garrapatas y sus enfermedades asociadas de relevancia para Colombia, y bajo el enfoque de “Una sola salud”.

**Resultados:** En Colombia, el estudio de estos artrópodos y de los agentes patógenos asociados, se ha abordado de manera aislada desde la salud pública o la sanidad animal, sin un análisis conjunto entre estas áreas y su interrelación con el ambiente. Cabe destacar diferentes trabajos en biología, taxonomía, ecología y distribución de garrapatas (principalmente de la familia Ixodidae), así como de detección de patógenos y de competencia vectorial. Estos estudios han aportado conocimiento relevante, y han ampliado preguntas y áreas de investigación sobre garrapatas de los géneros *Amblyomma*, *Rhipicephalus* y *Dermacentor*, así como en enfermedades como rickettsiosis, anaplasmosis, ehrlichiosis y borreliosis en animales y humanos.

**Conclusiones:** Se encuentran notables oportunidades y desafíos para el diseño, la ejecución y el análisis de futuros trabajos sobre garrapatas en Colombia y sus enfermedades asociadas, bajo el enfoque de “Una sola salud”.

**Palabras clave:** vectores, enfermedades transmitidas por vectores, Acari, Ixodidae, Argasidae, salud pública

**S15-03. Estudio de las zoonosis parasitarias desde la perspectiva de “Una salud”**

Jenny Jovana Chaparro Gutiérrez, Margarita María Arango Londoño, Sara López Osorio  
Grupo de Investigación CIBAV, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín,  
Colombia

**Antecedentes:** “Una salud” se define como los esfuerzos de colaboración de múltiples disciplinas que trabajan a nivel local, nacional y mundial, para lograr una salud óptima en humanos, animales, plantas y medio ambiente. Para las enfermedades infecciosas de origen parasitario, esta estrategia se emplea cada vez más a medida que se reconoce la importancia de los reservorios de vida silvestre, el cambio climático, los sistemas de producción de alimentos y la globalización socioeconómica.

**Métodos:** Se presenta como modelo un estudio de la presencia de cisticercosis porcina en producciones de traspatio de comunidades indígenas del municipio de Tuchín, Colombia. Se emplearon técnicas de diagnóstico de referencia. Además, se hicieron encuestas de conocimientos, actitudes y prácticas para identificar los factores que facilitan la transmisión de la infección, usando un modelo de regresión logística multivariado para asociar los principales factores de riesgo para prevalencia de *Taenia solium*, y elaborando un plan de socialización y educación.

**Resultados:** Se estableció la prevalencia de cisticercosis porcina en la zona con la identificación de los factores de riesgos relevantes, la mayoría están asociados a factores que favorecen la persistencia activa del ciclo de vida de *T. solium* en un área; se identificó que la educación y la participación multidisciplinaria son piezas clave para la intervención.

**Conclusiones:** Estudios de campo recientes confirman que la combinación de estrategias es indispensable para obtener una reducción rápida en la transmisión y la aparición de enfermedades parasitarias en una zona, empleando los principios de “Una salud”.

**Palabras clave:** *Taenia solium*, cisticercosis, diagnóstico, One Health

**S15-04. Un mundo, una sola salud para el estudio e intervención de enfermedades zoonóticas emergentes y reemergentes potencialmente desatendidas: impacto de la leptospirosis**

Juan C. Quintero-Vélez

Grupo de Epidemiología, Facultad Nacional de Salud Pública, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

En el mundo se estima que el 60 % de las enfermedades infecciosas en los humanos son enfermedades zoonóticas, que, al menos, 3 de cada 4 de los agentes patógenos emergentes en los humanos tienen origen animal y que el 80 % de los agentes patógenos con potencial uso en bioterrorismo son zoonóticos; por lo que es una necesidad perentoria la formulación de programas que busquen mitigar los efectos negativos que las enfermedades zoonóticas emergentes y reemergentes pueden producir en la salud y la economía de un país. A su vez, es de vital importancia que los enfoques para tratar esta problemática tengan carácter interdisciplinario o transdisciplinario, a fin de profundizar en las barreras y las relaciones que se presentan en estas enfermedades con ciclo de infección complejo, y llevar a cabo los estudios epidemiológicos o abordajes de prevención y control de las enfermedades zoonóticas.

Esta conferencia presenta un panorama del enfoque de “Una sola salud” para estudiar, controlar y prevenir las enfermedades zoonóticas, teniendo en cuenta la interrelación existente entre la salud humana, la animal y la ambiental. Para esto, se dan ejemplos de enfermedades zoonóticas emergentes y reemergentes potencialmente desatendidas en Colombia y cómo se podrían abordar desde el enfoque de “Una sola salud”. Además, se argumenta la necesidad de la instauración de este tipo de enfoques en Colombia como uno de los ejes centrales y en la formación en las universidades de Colombia.

**Palabras clave:** One Health, Colombia, enfermedades zoonóticas, enfermedades emergentes, enfermedades reemergentes

**S16-01. Desarrollo de una vacuna contra *Plasmodium vivax*: retos y avances**

Manuel Alfonso Patarroyo, Diana Díaz-Arévalo, Gabriela Arévalo-Pinzón, Edwin Alexander Rodríguez, Jessica Molina-Franky, Laura Esperanza Cuy  
Fundación Instituto de Inmunología de Colombia (FIDIC), Bogotá, Colombia

**Antecedentes:** *Plasmodium vivax* produce alrededor de 11 millones de casos de malaria anualmente en los países de Asia y las Américas. Actualmente, con el incremento de la resistencia a los fármacos antimaláricos, la búsqueda de una vacuna eficaz contra los parásitos del género *Plasmodium* es cada vez más prioritaria. Para el caso de *P. falciparum*, se ha tenido un gran avance en la postulación de vacunas candidatas gracias a la obtención del genoma completo, perfiles transcripcionales y proteómicos, situación que no ha sido igual para el caso de *P. vivax*.

**Métodos:** Búsqueda de fragmentos proteicos con regiones muy conservadas de *P. vivax*, candidatos a ser usados en vacunas gracias a su gran reconocimiento por el sistema inmunitario, mediante bioinformática, biología molecular, inmunoquímica, y estudios de inmunogenicidad o protección en monos *Aotus*.

**Resultados:** Se han identificado y caracterizado 19 nuevos candidatos a vacuna frente a *P. vivax*; además, con el proteoma del estadio sanguíneo de la cepa VCG-1 de *P. vivax*, se identificaron 734 proteínas, 31 de las cuales muestran características propias de buenos candidatos a vacuna como, por ejemplo, aquellos derivados de la proteína PvMSP-1. Estos fragmentos, expresados como proteínas recombinantes, confieren protección parcial al 50 % de los animales inmunizados con dos dosis de ellos y al 80 % de los animales inmunizados con tres dosis.

**Conclusiones:** Estos hallazgos, junto con las reglas obtenidas en los más de 30 años de investigación en el desarrollo de una vacuna eficaz contra *P. falciparum*, nos acercan cada vez más a la obtención de una vacuna multiantígeno, multiestadio contra *P. vivax*.

**Palabras clave:** candidatos a vacuna, *Plasmodium vivax*, modelo experimental, bioinformática, eficacia protectora

**S16-03. Hacia una vacuna contra la enfermedad de Chagas: avances y retos**

Eric Dumonteil

Department of Tropical Medicine, School of Public Health and Tropical Medicine, and Vector-Borne and Infectious Disease Research Center, Tulane University, New Orleans, LO, USA

La enfermedad de Chagas es una zoonosis desatendida causada por el parásito protozoario *Trypanosoma cruzi*. Los tratamientos actuales presentan importantes limitaciones, por lo que el desarrollo de una vacuna sería un logro mayor para mejorar el control de esta enfermedad. Los esfuerzos en este sentido se han incrementado en años recientes para demostrar la factibilidad y el potencial de una vacuna contra *T. cruzi*. En particular, hay resultados alentadores sobre la eficacia de una vacuna terapéutica enfocada en la prevención del desarrollo de alteraciones cardíacas o, al menos, su retraso, en modelos de ratones y monos infectados.

Al mismo tiempo, los avances en el entendimiento de la ecología de la transmisión del parásito y del progreso de la enfermedad, brindan nuevos marcadores para el seguimiento de la enfermedad y la evaluación de vacunas, y sugieren retos adicionales para el control efectivo de la infección por *T. cruzi*. La revisión de estos resultados permitirá discutir sobre estos avances y retos en el desarrollo de una vacuna contra la enfermedad de Chagas.

**Palabras clave:** vacunas, enfermedad de Chagas, avances, desafíos

**S16-04. Avances en vacunas de ARNm para enfermedades tropicales**

Cristina Poveda C.

Departments of Pediatrics, National School of Tropical Medicine, Baylor College of Medicine, Houston, TX, USA

Las vacunas de ARNm para COVID-19 demostraron cómo la plasticidad de este tipo de vacunas puede acelerar el desarrollo de nuevas vacunas para enfermedades complejas. Esta plataforma de vacunas antiparasitarias tiene la capacidad de desarrollar y probar nuevos antígenos rápidamente, además de permitir combinaciones multivalentes y con el potencial de provocar una reacción inmunitaria fuerte y bien definida.

Aunque la vacunación es la forma más eficaz de prevenir enfermedades infecciosas, el desarrollo de vacunas para enfermedades tropicales es un gran desafío por razones tanto económicas como científicas. Entre los desafíos ante ciertas enfermedades parasitarias, se encuentran los complejos ciclos de vida del parásito y su capacidad para evadir el sistema inmunitario humano, las limitaciones en las plataformas de vacunas clásicas y el gran impacto de las enfermedades parasitarias en países con bajo poder económico, y los desafíos en la regulación y la producción para las implementaciones en las regiones (Asia, África, Latinoamérica). En esta revisión se evalúa el potencial de las vacunas de ARNm, preventivas y terapéuticas para las infecciones parasitarias.

**Palabras clave:** vacunas, enfermedades tropicales, prevención, inmunidad



**S17-01. Cambio climático y la enfermedad de Chagas**

Felipe Gühl

Centro de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Tropical (CIMPAT), Universidad de los Andes, Colombia

**Antecedentes:** El aumento de la temperatura global puede afectar directamente la transmisión de enfermedades infecciosas como la de Chagas, una antropozoonosis causada por *Trypanosoma cruzi* y transmitida por artrópodos de la subfamilia Triatominae. En este trabajo se busca estudiar los efectos de la temperatura sobre el desarrollo del ciclo de vida, la fertilidad y la fecundidad del vector *Rhodnius prolixus* y la metaciclogénesis de *T. cruzi*.

**Métodos:** Se usaron tres temperaturas, 26, 28 y 30 °C, para evaluar el tiempo de eclosión, hasta el quinto estadio, hasta el adulto, fecundidad y viabilidad del huevo durante los primeros tres ciclos reproductivos en *R. prolixus*; asimismo, la cantidad de tripomastigotes metacíclicos de las DTU TcI y TcII del día 2 al 20 en intervalos de dos días y desde la semana 6 hasta la 8 después de la infección.

**Resultados:** Se observaron disminuciones en el tiempo hasta la eclosión, el quinto estadio y la transición a adulto, pero sin diferencias significativas en la viabilidad de los huevos en ninguno de los ciclos reproductivos evaluados; además, se observó un aumento en la fecundidad a los 30 °C durante el tercer ciclo reproductivo. Por otra parte, hubo un aumento en el número de formas infectivas y una disminución en el tiempo de detección de tripomastigotes metacíclicos de TcI y TcII en la ampolla rectal de los insectos.

**Conclusiones:** El aumento de la temperatura provoca un mayor número de insectos y una mayor probabilidad de infección del parásito, lo que afecta la transmisión de la enfermedad de Chagas.

**Palabras clave:** *Trypanosoma cruzi*, enfermedad de Chagas, cambio climático

## **S17-02. El rol de los factores climáticos extremos en la incidencia del dengue en Colombia en múltiples escalas**

Mauricio Santos-Vega<sup>1,2</sup>, Pallavi Kache<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Facultad de Medicina, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia

<sup>2</sup> Grupo Biología Matemática y Computacional, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia

<sup>3</sup> Department of Ecology, Evolution and Environmental Biology, Columbia University, New York, NY, USA

En Suramérica, el clima determina la distribución espacial y la periodicidad de los brotes de dengue en múltiples escalas en espacio y tiempo. El cambio climático ha contribuido a aumentar la duración de los períodos cálidos, el número de episodios de precipitaciones intensas, y la intensidad y duración de las sequías.

Hasta el momento, las investigaciones de los efectos del clima sobre la incidencia del dengue en Colombia han indicado reacciones geográficamente heterogéneas a la temperatura y la precipitación. La mayoría de los estudios para Colombia centra sus análisis en una ciudad o en un grupo selecto de ciudades y tiende a examinar las condiciones medias. Para 2100, se espera que la cantidad de días cálidos por año en Colombia se duplique, con aumentos significativamente mayores en las regiones de gran altitud, así como un aumento en la frecuencia y la magnitud de los eventos de lluvia intensa en los Andes, y disminución en partes de las regiones costeras y la Amazonía.

En este trabajo se busca ampliar el conocimiento existente de las interacciones entre las condiciones climáticas extremas y la transmisión del dengue, así como su interacción con sistemas urbanos locales. Para esto, implementamos un modelo jerárquico bayesiano espacio-temporal que incluye factores meteorológicos y socioeconómicos, junto con efectos no lineales y *lags* distribuido (DLNM) para contabilizar la variación espacio-temporal del dengue y su asociación con las variables climáticas extremas. Los resultados de este estudio tienen implicaciones para desarrollar sistemas de alerta temprana del dengue, y reforzar la resiliencia de los sistemas urbanos a los impactos del cambio climático y el clima extremo.

**Palabras clave:** cambio climático, dengue, incidencia, Colombia

**S17-03. Distribución actual y potencial de los principales vectores de enfermedades en Colombia bajo las condiciones del cambio climático**

Camila González, Mario Iván Ortiz, Patricia Fuya, Yewel Vanessa Sánchez, Sergio Andrés Méndez, Juliana Rodríguez, Juanita Martínez, Johan Manuel Calderón, María Cristina Carrasquilla  
Centro de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Tropical (CIMPAT), Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

**Antecedentes:** De acuerdo con el informe del IPCC6, el cambio climático ha producido modificaciones en la estacionalidad, distribución y rangos geográficos de las especies en los ecosistemas, incluyendo agentes patógenos y sus vectores asociados, que se han desplazado a mayores latitudes y alturas. El evaluar cómo han sido estos cambios en las principales especies de importancia médica es fundamental para apoyar la planeación y ejecución de medidas de prevención y control.

**Métodos:** A partir de registros de ocurrencias obtenidos en campo, se ensamblaron bases de datos para evaluar los cambios en distribución a lo largo del tiempo. Además, se recolectó información sobre presencia de vectores, reservorios y agentes patógenos a diferentes alturas. Para aquellas especies con información suficiente, se realizaron modelos de nicho, determinando la distribución potencial actual y a futuro bajo las condiciones del cambio climático.

**Resultados:** La distribución de triatominos aumentó en los últimos 15 años, siendo registrados en un mayor número de municipios. Para los mosquitos vectores de los virus del dengue, del Zika y chikunguña, se proyecta un aumento en su distribución potencial, especialmente en tierras bajas. Para los vectores de *Leishmania infantum*, se prevé una reducción en el área de distribución y, con respecto a la distribución altitudinal, se proyecta que *Lutzomyia longipalpis* aumente en zonas intermedias y disminuya en zonas bajas.

**Conclusiones:** Se espera un cambio en la distribución de los vectores, posiblemente con expansiones en algunas regiones y reducciones en otras. Por lo tanto, se prevé que, en nuevas regiones, donde la población es vulnerable, se puede presentar transmisión.

**Palabras clave:** cambio climático, distribución, vectores

**S17-04. Assessing the distribution of *Leishmania infantum* vectors in Italy under climate change scenarios**

Simona Gabrielli<sup>1</sup>, Johan Manuel Calderón<sup>1</sup>, Ana María López<sup>2</sup>, Gioia Bongiorno<sup>3</sup>, Luigi Gradoni<sup>3</sup>, Marco Pombi<sup>1</sup>, Camila González<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Dipartimento di Sanità Pubblica e Malattie Infettive, Università di Roma Sapienza, Rome, Italy

<sup>2</sup> Centre for Research in Tropical Microbiology and Parasitology (CIMPAT), Department of Biological Sciences, Faculty of Sciences, Universidad de Los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

<sup>3</sup> M.I.P.I. Department, Unit of Vector-borne Diseases and International Health, Istituto Superiore di Sanità, Rome, Italy

**Background:** In Italy, endemic foci of leishmaniasis by *Leishmania infantum* have been reported from central and southern regions, but in recent years the parasite and its vectors have spread from traditional endemic areas to central and northern parts. The aim of this study was to evaluate the current and potential changes in spatial distribution of sand flies with medical importance in Italy under climate change scenarios.

**Methods:** To assess the historic distribution, a database was assembled including unpublished results from samplings performed from 1975 to 2009, while records from 2009 to 2013 were obtained from literature. Records from 1979 to 2013 were used for modeling using the bioclimatic variables derived from CHELSA and the MaxEnt algorithm. Five future CMIP5 models obtained from CHELSA were chosen based on their lowest amount of interdependence. For each model, two periods were projected (2041-2060 and 2061-2080), with two representative concentration pathways 4.5 and 8.5. For each sandfly species included in the analysis areas of stability, gain and loss in the two periods were evaluated, and latitudinal and altitudinal variation assessed.

**Results:** This study performed from the first time in Italy, show that phlebotomine distribution exhibits high variation among the predictions obtained for the five CMIP5 models, and a consensus towards an increase both in areas of presence or elevation ranges cannot be made.

**Conclusions:** This study highlights the need to perform focal studies targeting the most relevant species to support the design of local surveillance strategies and to anticipate the effects of climate change.

**Keywords:** *Leishmania*, climate change, modeling, Italy

**S18-02. Genómica poblacional y análisis de la microbiota de *Aedes* sp.: aportes al conocimiento de las dinámicas locales de arbovirus en Colombia**

Andrés Gómez Palacio

Laboratorio de Investigación en Genética Evolutiva (LIGE), Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Tunja, Boyacá

**Antecedentes:** *Aedes aegypti* es reconocido como el principal vector de virus que afectan a los humanos alrededor del mundo. En Colombia, junto al potencial vector *Ae. albopictus*, representa el mayor problema de salud pública en cuanto a enfermedades transmitidas por vectores se refiere. Con la implementación de herramientas genómicas, el estudio de la evolución de estas especies y el entendimiento de la composición del microbioma presente en sus poblaciones, se ha abierto paso una nueva era de conocimiento sobre las dinámicas poblacionales y su interacción con los arbovirus que transmiten.

**Métodos:** Se realizó un análisis poblacional de *Ae. aegypti* en Colombia, y se hizo la descripción general del microbioma (bacterioma y viroma) de *Ae. aegypti* y *Ae. albopictus*.

**Resultados:** Los resultados indican que *Ae. aegypti* se relaciona estrechamente con otras poblaciones del Nuevo Mundo y, en Colombia, esta especie presenta una estructura metapoblacional con un único origen ancestral. Asimismo, el análisis general del microbioma indica una clara diferencia en la composición y diversidad entre *Ae. aegypti* y *Ae. albopictus*, aunque tal composición está muy conservada a nivel global con relación a los grupos taxonómicos más abundantes.

**Conclusiones:** La estructura de *Ae. Aegypti* en Colombia sugiere una misma unidad poblacional moderadamente variable con una homogénea composición del bacterioma y el viroma más abundante. Esta composición se diferencia claramente de la presente en la especie simpátrica *Ae. Albopictus*, lo cual indica que este puede ser un atributo que depende de la especie y, por lo tanto, tendría un papel diferencial en la competencia vectorial de ambas especies.

**Palabras clave:** *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus*, poblaciones, metagenoma

**S18-03. Cronicidad y arbovirus: una mirada al impacto a largo plazo de los alfa y flavivirus**Alfonso J. Rodríguez-Morales<sup>1,2,3,4</sup><sup>1</sup> Grupo de Investigación Biomedicina, Facultad de Medicina, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Risaralda, Colombia<sup>2</sup> Programa de Maestría en Epidemiología Clínica y Bioestadística, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Científica del Sur, Lima, Perú<sup>3</sup> Programa de Maestría en Investigación en Medicina Tropical y Salud Internacional, Universitat de Barcelona, España<sup>4</sup> Universidad Privada Franz Tamayo, Cochabamba, Bolivia

Durante la última década, los arbovirus como el del dengue, pero también el del chikunguña y el Zika, han tenido un particular impacto con sus diferentes epidemias, algunas de las cuales, incluso, han alcanzado a producir preocupación global por sus consecuencias clínicas. Este fue el caso del virus del Zika que, en 2016, fue declarado una emergencia sanitaria de preocupación internacional, entre otras cosas, por su asociación con el desarrollo de microcefalia y otras malformaciones congénitas, en lo que se conoció posteriormente como el síndrome congénito por Zika. Dicho síndrome tiene consecuencias a largo plazo, dada la discapacidad neurológica relacionada no solo con daños estructurales, sino también, por su impacto neurocognitivo.

Por otro lado, el virus del chikunguña, inicialmente reconocido por sus secuelas crónicas, especialmente reumatológicas, también presenta cronicidad en otros órganos y sistemas. Además, hoy en día se reconocen también manifestaciones posteriores al episodio agudo del dengue, especialmente el dolor crónico y la fatiga. Pero, también, incluso para otros arbovirus se han observado consecuencias crónicas de la enfermedad.

En la presente conferencia se revisan los impactos crónicos de las principales arbovirosis y la evidencia que los soporta, tratando de comprender dichas consecuencias a largo plazo.

**Palabras clave:** chikunguña, Zika, dengue, arbovirus, cronicidad, epidemiología, Latinoamérica

**S19-01. Toxoplasmosis y su impacto en la salud mental**

Jorge Enrique Gómez Marín

Grupo de Parasitología Molecular (GEPAMOL), Centro de Investigaciones Biomédicas Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Quindío, Colombia

En los últimos años, se ha consolidado la hipótesis de una asociación entre enfermedad mental y toxoplasmosis. Esto se origina de estudios de seroprevalencia de corte transversal, que pueden estar sometidos a numerosos factores de confusión, en los cuales, muy pocos han tenido control de temporalidad de la asociación. Las razones de prevalencia (*Odds Ratio*) han sido muy elevadas, particularmente en esquizofrenia, y las fracciones atribuibles estimadas arrojan asociación con 13 a 30 % de las esquizofrenias. Si se probara una causalidad, el número de casos que podría evitarse al reducir la infección en la población mundial, sería entre 150.000 y 300.000 casos de esquizofrenia por año.

A pesar de existir otras evidencias del modelo ratón y algunos estudios clínicos, solo la demostración directa del parásito en el cerebro de las personas con enfermedad mental aportaría una evidencia definitiva. Esto requiere un abordaje histopatológico diferente al usual que se hace con las formas cerebrales en pacientes inmunosuprimidos o en niños con forma congénita, cuando se identifica a la forma de proliferación rápida o taquizoíta y el parásito está presente en forma abundante. En estos casos de enfermedades crónicas, se debe buscar el parásito en forma de quiste tisular conteniendo bradizoítos, en localizaciones cerebrales específicas y acompañado de análisis de marcadores inmunológicos, de inflamación, neurotransmisores y análisis de infiltrados celulares, que puedan apoyar la existencia de procesos localizados que aporten a la comprensión fisiopatológica de cambios conductuales durante una infección crónica

**Palabras clave:** esquizofrenia, toxoplasmosis, salud mental, seroprevalencia

**S19-02. Criptosporidiosis: nuevos datos en taxonomía y estudios en Colombia**

Ana Luz Galván Díaz

Grupo de Microbiología Ambiental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia

La criptosporidiosis es una parasitosis causada por varias especies del género *Cryptosporidium*, el cual tiene un amplio rango de huéspedes que incluyen al hombre y varios animales.

Este parásito se encuentra en la lista de enfermedades desatendidas de la Organización Mundial de la Salud y es uno de los principales responsables de brotes entéricos por consumo de agua a nivel mundial. Se asocia con diarrea en individuos inmunocomprometidos y población infantil, en la cual puede tener efectos adversos como desnutrición, retraso en el crecimiento y déficit cognitivo. Este cromista fue inicialmente incluido dentro de la subclase coccidia de los apicomplexas; sin embargo, las características biológicas y los análisis filogenéticos confirman su separación de este grupo, siendo transferido a los gregarinos, en una subclase nueva denominada *Cryptogregarinorida*. Recientes análisis transcriptómicos de varios apicomplexas sugieren que *Cryptosporidium* tiene un linaje distinto de los gregarinos, por lo que su taxonomía aún sigue requiriendo una revisión exhaustiva.

La criptosporidiosis tiene una amplia distribución geográfica, con casos reportados en países desarrollados y en desarrollo. Los datos de prevalencia en Colombia indican un alto riesgo de infección, tanto para humanos como para animales; además, se ha confirmado su presencia en fuentes de agua. Diferentes especies circulan en nuestro territorio, predominando *Cryptosporidium hominis* y *C. parvum* en la población humana. En los últimos años se ha incrementado el número de investigaciones sobre la diversidad genética de este parásito en el país, usando abordajes unilocus y multilocus, además de estudios genómicos, que han generado datos novedosos sobre su epidemiología y biología.

**Palabras clave:** *Cryptosporidium*, taxonomía, epidemiología, Colombia



**S19-03. Fuentes ambientales de protozoos patógenos humanos**

Fabiana María Lora Suárez

Laboratorio de Parasitología, línea de protozoos de transmisión hídrica y alimentaria, Grupo de Estudio en Parasitología Molecular (GEPAMOL), Universidad del Quindío

Las vías de transmisión de parásitos protozoarios más predominantes son el consumo de agua o alimentos contaminados, los cuales pueden ocurrir por eventos como contacto directo del recurso hídrico con heces portadoras de la fase infectiva de los protozoos, arrastre por escorrentía hasta la fuente hídrica de los quistes u ooquistes presentes en suelo contaminado, contacto directo de los cultivos de vegetales, que usualmente se consumen crudos, con suelos y aguas portadores de quistes u ooquistes de protozoos parásitos, ya sea de manera accidental o por uso de estiércol como fertilizante.

Como es notorio, además del agua y los alimentos, se ha identificado la exposición al suelo contaminado como un factor de riesgo importante para la contaminación parasitaria de humanos por vía indirecta. Lo anterior indica un papel importante del medio ambiente en la distribución de los parásitos debido a su importancia como vectores; estas condiciones ambientales circundantes mantienen la morfología del quiste u ooquiste, la cual implica una pared muy resistente que le permite sobrevivir a condiciones climáticas adversas, así como procesos de desinfección. Por ello, se considera que los factores ambientales juegan un papel decisivo en la aparición de enfermedades infecciosas, especialmente cuando se trata de transmisión indirecta de microorganismos patógenos.

**Palabras clave:** protozoos, transmisión, fuentes ambientales, alimentos, salud pública

**S19-04. Toxoplasmosis ocular: nuevos conceptos**

Alejandra De la Torre

Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

**Antecedentes:** La toxoplasmosis ocular es la infección intraocular causada por el parásito *Toxoplasma gondii*. Es la causa más frecuente de uveítis posterior alrededor del mundo, caracterizada por lesiones de retinocoroiditis que dejan cicatrices que afectan la visión, con disminución de la agudeza visual y alteraciones en el campo visual, siendo causa de discapacidad visual y ceguera, y afectando la calidad de vida de los pacientes. Es típicamente recurrente, debido a que el parásito permanece enquistado en la retina, causando un estado latente que puede reactivarse.

**Métodos:** Revisión narrativa de la literatura científica.

**Resultados:** Un tercio de la población mundial presenta anticuerpos anti-*Toxoplasma* IgG positivos y, de estos, del 2 al 18 % presenta compromiso ocular. En Colombia, la toxoplasmosis ocular es la primera causa de uveítis en niños y adultos (39,8 % del total de uveítis) y del 6 al 10,5 % de la población tiene toxoplasmosis ocular, que afecta principalmente a jóvenes ( $34,1 \pm 18,6$  años).

Existen diversas cepas parasitarias que llevan a diferencias clínicas y de reacción inmunitaria intraocular, según el origen geográfico. En el hemisferio norte, predominan cepas menos virulentas y, en el hemisferio sur, predominan cepas más virulentas. Las cepas virulentas llevan a una disminución de la producción de IFN- $\gamma$  e IL-17, que son citocinas protectoras que limitan la proliferación parasitaria, y por lo tanto, causan mayor compromiso ocular. El tratamiento con antibióticos y antiparasitarios controla la enfermedad aguda, pero no evita las recurrencias.

**Conclusiones:** La toxoplasmosis ocular es la causa global más frecuente de retinocoroiditis. Su presentación clínica es más grave en Suramérica.

**Palabras clave:** *Toxoplasma gondii*, toxoplasmosis ocular, población, discapacidad visual

**S21-01. Infecciones fúngicas de la piel y sus anexos: relevancia en salud pública**

Zulma Lorena Alvarado Álvarez  
Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta

**Antecedentes:** Colombia tiene un espacio geográfico que favorece el desarrollo de diversas micosis, pero existe poca información sobre el tipo de infecciones fúngicas y su frecuencia en el país.

**Objetivo:** Describir el perfil epidemiológico de la población atendida en el Servicio de Micología del Centro Dermatológico durante 13 años.

**Metodología:** Se realizó un estudio descriptivo, retrospectivo y de corte transversal, en el que se analizaron variables cualitativas y cuantitativas para evaluar datos demográficos y de laboratorio de 19.335 muestras.

**Resultados:** El 59 % (11.415/19.335) de la población atendida fue de sexo femenino. Los sitios de toma de muestra con mayor número de solicitudes de examen micológico fueron las uñas de los pies (46,7 %; 9.032/19.335), las plantas y los espacios interdigitales (13,4 %; 2.589/19.335).

Los agentes etiológicos aislados con mayor frecuencia, en todos los tipos de muestra, excepto uñas de manos y cuero cabelludo, fueron *T. rubrum* (48,5 %; 3.618 casos/7.454 cultivos positivos) y *T. interdigitale* (20,2 %; 1.503 casos/7.454). *M. canis* se cultivó principalmente del cuero cabelludo (89,8 %; 159/177 cultivos positivos) y *C. albicans* (57 %; 571/1.001 cultivos positivos) de las uñas de las manos. Se confirmó el aislamiento de mohos no dermatofitos en 5,9 % (306/5.210 cultivos positivos) de los casos en muestras de uñas de los pies y los espacios interdigitales. La esporotricosis fue la micosis profunda más común, con un porcentaje de aislamiento de 0,9 % (69/7.454 cultivos positivos).

**Conclusión:** Las dermatofitosis fueron las infecciones fúngicas más diagnosticadas y la esporotricosis fue la micosis profunda más diagnosticada. Es necesario integrar y ampliar el estudio de las micosis en el país para hacerlas visibles y objeto de análisis de parte de las autoridades.

**Palabras clave:** micosis, piel, geografía

**S21-02. Evolución genómica del *Mycobacterium leprae* colombiano: implicaciones en transmisión**

Bibiana Chavarro-Portillo

Hospital Universitario Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta

**Antecedentes:** La lepra es causada por *Mycobacterium leprae* y *M. lepromatosis* que han afectado al humano durante más de 4.000 años. La combinación de diferentes disciplinas y la historia de las migraciones humanas han contribuido a la comprensión del origen geográfico y la historia de la lepra. El rastreo filogenético ha identificado los genotipos predominantes en diferentes áreas geográficas; en Colombia, se desconoce la secuencia genómica total de *M. leprae* y su relación filogenética con cepas de diferentes partes del mundo. Estudiamos cepas de *M. leprae* de personas con lepra de diferentes regiones de Colombia buscando comprender el origen, los antecedentes genómicos y las características de *M. leprae* circulante en Colombia, estableciendo su relación con las cepas de otras áreas geográficas del mundo,

**Métodos:** Utilizamos la secuenciación completa del genoma para caracterizar *M. leprae* de diferentes regiones de Colombia, aislando ADN de muestras de biopsias de piel de pacientes con diagnóstico de lepra.

**Resultados:** El análisis de los genomas secuenciados permitió establecer diferencias en el número de SVN, genotipo y presencia de SVN únicos. Los análisis filogenéticos mostraron que las cepas colombianas están estrechamente relacionadas con cepas antiguas y modernas del genotipo 3I.

**Conclusión:** El análisis confirmó que la introducción de la lepra en Colombia fue por cepas que circulaban en la Edad Media. Se encontró una estrecha relación entre las cepas colombianas de *M. leprae* y cepas encontradas en el armadillo de nueve bandas que circulan en el sur de los Estados Unidos y el norte de México.

**Palabras clave:** *Mycobacterium leprae*, genotipo, secuenciación total de genomas, SVN

### **S21-03. Enfermedades parasitarias de la piel incluidas en la política pública de salud de Colombia, avances y retos para el control**

Julián Trujillo Trujillo

Ministerio de Salud y Protección Social, Grupo de Gestión Integrada de las Enfermedades Emergentes, Reemergentes y Desatendidas

**Antecedentes:** Según el perfil epidemiológico de las enfermedades parasitarias de la piel que afectan a las poblaciones más vulnerables, en situación de pobreza, su inclusión en las políticas internacionales por parte de la Organización Mundial de la Salud, y considerando las limitaciones de las fuentes de información disponibles, el Ministerio de Salud y Protección Social avanza en su inclusión en la agenda nacional de salud pública.

**Métodos:** Se revisó la literatura científica y se analizaron diferentes fuentes de información disponibles para estimar la magnitud y distribución de estas enfermedades en poblaciones vulnerables, se identificaron los factores de riesgo y medidas de prevención y control, y se incluyeron en el Plan Nacional de Prevención, Control y Eliminación de las Enfermedades Infecciosas Desatendidas y en otros instrumentos de política nacional.

**Resultados:** Se priorizaron la tungiasis, la escabiosis, la pediculosis y la larva migrans cutánea, para su inclusión en la agenda de salud pública nacional y su posterior despliegue territorial.

**Conclusiones:** Las enfermedades parasitarias de la piel generan morbilidad, discapacidad, discriminación, estigma, perpetuidad del ciclo de la pobreza e, incluso, complicaciones fatales que pueden ser evitables; las intervenciones para su control son un problema ético y una deuda histórica de la salud pública nacional.

**Palabras clave:** enfermedades parasitarias de la piel, tungiasis, escabiosis, pediculosis, larva migrans cutánea, prevención y control

**S21-04. Leishmaniasis cutánea: reto diagnóstico**

Sandra Muvdi Arenas

Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta

La leishmaniasis presenta un espectro amplio de manifestaciones en piel, que incluye pápulas, placas infiltradas usualmente ulceradas, nódulos y lesiones linfangíticas, entre otras; estas lesiones pueden ser únicas o múltiples y se presentan formas difusas muy difíciles de diagnosticar.

El diagnóstico diferencial incluye: enfermedades causadas por bacterias Gram positivas (ectima, forunculosis); infecciones por micobacterias (TB y no TB, micosis subcutáneas y profundas (esporotricosis, cromomicosis) y miasis forunculoide, entre otras. Las formas crónicas se pueden confundir con lesiones autoinmunitarias o inflamatorias (lupus eritematoso discoide, psoriasis, pioderma gangrenoso) y, las diseminadas, con lepra lepromatosa. En miembros inferiores, es importante considerar en el diagnóstico diferencial las úlceras vasculares, ya sean de origen venoso o arterial, y las úlceras traumáticas. Se deben considerar los tumores malignos de la piel, especialmente el carcinoma escamocelular, el linfoma cutáneo y el linfocitoma cutis.

Ante la sospecha de otras enfermedades infecciosas, se deben realizar frotis, cultivos específicos, pruebas moleculares o histopatología. La biopsia de piel permite, además, confirmar el diagnóstico de enfermedades inflamatorias y tumorales y, por tanto, se utiliza con frecuencia ante lesiones sugestivas con pruebas de identificación de *Leishmania* spp. negativas.

En conclusión, el diagnóstico diferencial de la leishmaniasis cutánea es muy amplio; el dermatólogo puede hacer aportes interesantes y orientar el estudio de un individuo según la sospecha clínica. Es fundamental elaborar una anamnesis adecuada y un examen físico completo, apoyarse en pruebas de laboratorio y el estudio histopatológico que puede informar patrones sugestivos de leishmaniasis o confirmar otra enfermedad.

**Palabras clave:** leishmaniasis cutánea, diagnóstico diferencial, lesiones

**S22-01. Perfil transcriptómico e inmunopatología *in vivo* de *Mycobacterium tuberculosis*, genotipo Beijing**

María Irene Cerezo-Cortés<sup>1</sup>, Juan Germán Rodríguez-Castillo<sup>1</sup>, Patricia Del Portillo<sup>2</sup>, Martha Isabel Murcia Aranguren<sup>1</sup>, Rogelio Hernández-Pando<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Grupo de Investigación MICOBAC-UN, Laboratorio de Micobacterias, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia

<sup>2</sup> Grupo de Biotecnología Molecular, Grupo de Bioinformática y Biología Computacional, Corporación CorpoGen

<sup>3</sup> Departamento de Patología, Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán

**Antecedentes:** *Mycobacterium tuberculosis*, genotipo Beijing, hace parte del linaje moderno 2, y es uno de los más ampliamente distribuidos a nivel global; se caracteriza por su gran virulencia y por ser resistente a los antimicrobianos. Se ha reportado la circulación de este genotipo en el Pacífico colombiano desde 1997, con predominio del genotipo Beijing-like SIT 190. Por lo general, el desenlace es fatal en los pacientes.

**Métodos:** Se utilizaron las cepas de Mtb, Beijing-clásico SIT 1 y Beijing-like SIT 190 para infectar ratones Balb/c resistentes a la infección por *M. tuberculosis* por vía intratraqueal, con 250.000 UFC, para realizar la cinética de infección y secuenciación del transcriptoma del huésped y de la micobacteria a partir del nicho pulmonar en fases temprana, intermedia y tardía de la infección.

**Resultados:** Los animales infectados con Beijing-like murieron hacia el día 45 después de la infección, con grandes cargas bacilares y neumonía masiva, mientras que los animales infectados con Beijing-clásico murieron hacia el día 60 por neumonía y necrosis. A nivel transcripcional, los animales infectados con *M. tuberculosis* Beijing-clásico sobreexpresaron genes asociados a la respuesta proinflamatoria, mientras que los infectados con Beijing-like sobreexpresaron genes asociados con la respuesta antiinflamatoria; ambas cepas desencadenaron un perfil deletéreo para el huésped.

**Conclusiones:** En el transcriptoma micobacteriano, se logró obtener ~33 % a los días 3, 14, 28 y 60; este perfil transcriptómico fue diferente para 323 Beijing-like y para 391 Beijing-clásico, lo cual demuestra que las variaciones a nivel regulador en la bacteria ejercen un efecto regulador en el huésped, mediado por genes como *esx*, genes de síntesis de pared celular y *rna*.

**Palabras clave:** reacción inmune, genotipo Beijing, Balb/c, virulencia, tuberculosis

**S22-02. Lepra en Colombia: hallazgos y desafíos científicos**

Nora Cardona-Castro

Instituto Colombiano de Medicina Tropical - ICMT, Universidad CES

**Antecedentes:** La lepra, enfermedad infecciosa crónica desatendida, es producida por *Mycobacterium leprae* y *M. lepromatosis*. La lepra provoca discapacidades irreversibles, pobreza, exclusión social, estigma y secuelas psicológicas.

**Métodos:** Búsqueda de artículos y documentos sobre la lepra en Colombia desde 1950.

**Resultados:** Su origen se remonta a África oriental, las migraciones la trajeron a América y a Colombia. La lepra invadió Europa en la Edad Media y, como consecuencia, se conservaron medidas como el confinamiento forzado y leyes discriminatorias. *Mycobacterium leprae* fue descubierto por Hansen en 1873 y su genoma fue secuenciado en el 2000; a pesar de la tecnología, no se ha aislado en medios de cultivo. *Mycobacterium lepromatosis* se reportó en México en 2008 como otro agente causal; en 2022, lo reportamos en pacientes colombianos. La transmisión del bacilo por vía respiratoria es la más aceptada y la zoonótica es posible.

En 1981, la OMS recomendó la poliquimioterapia (dapsona, rifampicina y clofazimina), impactando la prevalencia, no la incidencia (200.000 casos nuevos al año), lo que indica transmisión activa, posible resistencia a antibióticos o incumplimiento del tratamiento.

Desde 1997, Colombia alcanzó la prevalencia <1/10.000, por esto no se considera problema de salud pública. Sin embargo, cada año se reportan entre 350 y 500 casos nuevos, alrededor del 80 % son multibacilares, el 30 % con discapacidad I o II, y, además, el 7 % de los pacientes nuevos son niños o adolescentes.

**Conclusiones:** Con la epidemia de la COVID-19 se estima que la falta de recursos y atención produjeron una disminución del número de casos reportados, que serán evidenciados en años venideros.

**Palabras clave:** lepra, *Mycobacterium lepromatosis*, *Mycobacterium leprae*, Colombia



**S22-03. Plasticidad cromosómica de cepas de *Pseudomonas aeruginosa* y su diversidad fenotípica a diversos antimicrobianos**

María del Rosario Morales Espinosa, Gabriela Delgado Sapién

Laboratorio de Genómica Bacteriana, Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México

**Antecedentes:** *Pseudomonas aeruginosa* es una bacteria ubicua de amplia distribución. Es clasificado como un agente patógeno oportunista, asociado a una variedad de infecciones en pacientes inmunodeprimidos. Su cromosoma varía en relación con el número de elementos genéticos móviles incorporados en su genoma, los cuales están formados por un mosaico de genes que le confieren resistencia antimicrobiana o virulencia sobre un rango amplio de huéspedes.

**Metodología:** Se caracterizaron genética y fenotípicamente cepas de *P. aeruginosa* aisladas de pacientes adultos con neumonía, pacientes pediátricos con bacteriemia y animales con diversas infecciones. Se obtuvieron los perfiles cromosómicos por campos pulsados, se determinó la presencia de islas genómicas, el perfil de sensibilidad y se secuenciaron los genomas de 6 cepas para caracterizar sus elementos genéticos móviles.

**Resultados:** El perfil cromosómico mostró gran variedad entre las cepas. Las cepas de adultos presentaron el mayor número de islas genómicas y el mayor número de patrones de resistencia, opuesto a las cepas aisladas de animales. Los genomas de cepas de niños mostraron la inversión de un fragmento grande del cromosoma, conservando la sintenia solo en la mitad del cromosoma, mostrando mayor plasticidad cromosómica. El análisis de elementos genéticos móviles reportó nuevos elementos con gran variabilidad de genes e islas genómicas diferentes.

**Conclusión:** El cromosoma de *P. aeruginosa* muestra una gran plasticidad, la cual está en relación con el huésped que coloniza y el tipo de presión selectiva que ejerce el medio ambiente. El contenido de elementos genéticos móviles y su composición de genes es más variable a lo reportado por otros autores.

**Palabras clave:** *P. aeruginosa*, islas genómicas, perfil de sensibilidad antimicrobiana

**S22-04. La revolución de las ómicas aplicada al estudio de comunidades bacterianas destacadas a nivel intestinal**

Marina Muñoz<sup>1</sup>, miembros CIMBIUR<sup>1</sup>, Juan David Ramírez<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Centro de Investigaciones en Microbiología and Biotecnología-UR (CIMBIUR), Facultad de Ciencias Naturales, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

<sup>2</sup> Molecular Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell-Based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA

**Antecedentes:** Múltiples bacterias son reconocidas como agentes causales de enfermedades intestinales. En los países latinoamericanos, el impacto de estas bacterias se ve incrementado por limitaciones en los programas de prevención y control. La revolución de las ómicas ha aportado información sobre la diversidad genética y las bases que soportan el efecto de estas bacterias sobre los huéspedes; sin embargo, estas estrategias aún son limitadas en los países latinoamericanos.

**Métodos:** Esta charla consolida los estudios realizados en Colombia y otros países latinoamericanos que hacen uso de las ómicas para avanzar en la caracterización de comunidades bacterianas destacadas en el intestino, como es el caso de *Clostridioides difficile*, otras especies Clostridiales y Enterobacterias, entre otras. Se abordarán tanto estudios en especies individuales, mediante genómica comparativa y sus potenciales implicaciones fenotípicas, así como enfoques de ecología microbiana que representan una visión integradora por medio de análisis de microbiota y metagenomas.

**Resultados:** Estos estudios han logrado revelar la gran diversidad que exhiben dichas comunidades bacterianas en Colombia y Latinoamérica, hallazgos que incluso han conducido a reevaluar la estructura genética poblacional de algunas especies. Además, el uso de las ómicas ha conducido a identificar factores de virulencia, marcadores de resistencia a antibióticos y aspectos críticos de la ecología microbiana, que podrían estar involucrados en el impacto en la salud intestinal.

**Conclusiones:** Estos hallazgos representan un punto de partida para el diseño de planes de vigilancia y control más sólidos que, a futuro, puedan conducir a reducir el impacto de las especies bacterianas.

**Palabras clave:** ómicas, bacterias, factores de virulencia, marcadores de resistencia a antibióticos, microbiota, metagenomas

**S23-01. Dengue: abordaje clínico y tratamiento en tiempos de pandemia**

Wilmer Ernesto Villamil Gómez  
Hospital Universitario de Sincelejo

**Antecedentes:** El dengue es una enfermedad viral hiperendémica transmitida por mosquitos. Las tasas de letalidad (CFR) para 2012-2020 oscilaron entre 0,051 y 0,161; sin embargo, las tasas de mortalidad desde 2015 han sido mayores en adultos de 65 años y más.

**Métodos:** Estructurar el diagnóstico y tratamiento de dengue con signos de alarma y dengue grave.

**Resultados:** En el triaje, los pacientes con dengue con signos de alarma deben priorizarse por el riesgo de progresar al choque, pues requieren atención y tratamiento en un tiempo menor de 30 minutos. El paciente con dengue que presenta signos de alarma no debe esperar el resultado de los exámenes de laboratorio (hemograma) o de gabinete para iniciar tratamiento e hidratación parenteral temprana e inmediata.

Los parámetros por evaluar durante la fase crítica son: signos de alarma, signos vitales, estado hemodinámico y diuresis. Se deben modificar las dosis de líquidos de acuerdo con la reacción del paciente y todo debe registrarse en el expediente clínico. Entre los objetivos de hospitalización están el manejo de la hipovolemia existente, la prevención del choque compensado inminente y el irreversible, la prevención de las complicaciones y la muerte.

**Conclusiones:** La inusual duración de la fiebre puede considerarse como señal de alarma para la identificación de coinfección. La mejoría está indicada por la desaparición progresiva de los signos de alarma, la remisión progresiva de la sintomatología general, los signos vitales estables, diuresis normal o aumentada, adecuada tolerancia a la vía oral, recuperación del apetito, disminución del hematocrito por debajo del valor de base en un paciente estable.

**Palabras clave:** dengue, clínica, tratamiento, pandemia, intervención

**S23-04. Evidencia científica de la eficacia del control biológico del dengue por medio de la liberación de mosquitos con *Wolbachia* en Colombia**

Iván Darío Vélez B.

Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

**Antecedentes:** Ante la ausencia de medicamentos y vacunas, para el control de dengue, Zika y chikunguña, se han diseñado diferentes herramientas para acabar con el vector de estas enfermedades virales, el mosquito *Aedes aegypti*; sin embargo, hasta ahora no hay un ejemplo de eficacia y sostenibilidad para ninguna de ellas. La liberación de *Ae. aegypti* infectados con *Wolbachia* que hace el *World Mosquito Program*, mantiene las poblaciones del mosquito y le quita la capacidad de transmitir los virus.

**Métodos:** En Colombia, se han liberado mosquitos con *Wolbachia* en los municipios de Bello, Medellín e Itagüí, y se avanza en su liberación en Cali, beneficiando a una población de más de 4'000.000 de personas, con una aceptación comunitaria del 97 %, medido por empresas independientes. Para la liberación de los mosquitos, las ciudades se dividen en cuadrados de 50 por 50 metros y en todas ellas se liberan los mosquitos semanalmente durante 20 semanas.

**Resultados:** En las tres primeras ciudades, la mayoría de los *Ae. aegypti* tienen *Wolbachia*; se ha evidenciado en series interrumpidas de tiempo una disminución de del 98, 87 y 96 %, respectivamente. En un estudio de casos y controles realizado en cuatro comunas hiperendémicas de Medellín, se reportó la disminución de dengue por protocolo del 46 % y por intención de tratar del 67 %.

**Conclusiones:** Con esta evidencia científica de la eficacia del control del dengue, Colombia cuenta con una herramienta segura, eficaz, económica y sostenible para controlar enfermedades como el dengue, el Zika y el chikunguña, y para impedir la urbanización de la fiebre amarilla.

**Palabras claves:** dengue, control biológico, *Wolbachia*, World Mosquito Program

**S24-01. Enfoque clínico del síndrome febril icterohemorrágico**

Abraham Katime Zúñiga

Hospital Universitario Julio Méndez Barreneche, especialista en Medicina Interna e Infectología

Varias de las enfermedades con etiología infecciosa se presentan, desde el punto de vista clínico, como un síndrome febril icterohemorrágico; el perfil etiológico depende del nicho ecológico-social específico. En estos casos, deben considerarse infecciones parasitarias (malaria), bacterianas (leptospirosis y rickettsiosis) y virales (dengue, fiebre amarilla, hantavirus y hepatitis virales).

Para el abordaje diagnóstico de estas enfermedades, es clave precisar exposiciones de riesgo y solicitar pruebas basadas en la visualización directa de los microorganismos y la detección de anticuerpos o antígenos.

El pronóstico de estas infecciones está ligado a factores relacionados con el huésped y a un diagnóstico en las fases tempranas de la enfermedad.

**Palabras clave:** malaria, leptospirosis, rickettsiosis, dengue, fiebre amarilla, hantavirus, hepatitis viral

**S24-03. Enfoque clínico del síndrome diarreico tropical**

Sofía E. Echazarreta

Centro Municipal de Patología Regional Argentina, Medicina Tropical y del Viajero, Hospital de Infecciosas "F. J. Muñoz", CABA, Argentina

**Antecedentes:** Las enfermedades diarreicas se encuentran entre las primeras cinco causas de muerte en los países en desarrollo, y son la segunda causa de muerte en niños menores de cinco años; asimismo, es el problema de salud más frecuente en viajeros a áreas tropicales. La potencial ocurrencia de eventos postinfecciosos, la creciente resistencia antimicrobiana y la investigación en vacunas, son temas de creciente interés en los últimos años.

**Métodos:** Se realizó una revisión narrativa de la literatura científica centrada en diarrea en regiones tropicales y subtropicales, y orientada a la actualización en diagnóstico, manejo, complicaciones y prevención.

**Resultados:** La etiología bacteriana es la principal causa de diarrea aguda, con aumento de *Norovirus*. En la diarrea persistente, la etiología parasitaria predomina con *Giardia lamblia*, *Cryptosporidium* spp., *Cyclospora cayetanensis* y *Entamoeba histolytica*. Los métodos diagnósticos han avanzado a partir de técnicas moleculares. El manejo terapéutico debe orientarse a la epidemiología, tiempo de evolución, características del paciente y del cuadro clínico.

La OMS ha determinado líneas de investigación avalando el esfuerzo en el desarrollo de vacunas preventivas para *Campylobacter jejuni*, *Escherichia coli* enterotoxigénica, *Norovirus* y *Shigella*. La prevalencia de enterobacterias productoras de beta-lactamasas de espectro extendido en viajeros, ha aumentado, así como los eventos posinfecciosos.

**Conclusión:** Es necesario sistematizar el abordaje clínico de la diarrea en regiones tropicales y subtropicales, considerando su impacto en la morbilidad y mortalidad, la resistencia bacteriana y eventos postinfecciosos, tanto en población local como en viajeros. Asimismo, es fundamental la prevención centrada en mejorar el saneamiento, el acceso a agua potable, las vacunas y la educación.

**Palabras clave:** síndrome diarreico, agentes infecciosos, resistencia antibacteriana, prevención, manejo clínico

**S25-01. Microbiota, interactions, and their biotechnological potential on insect vectors, with emphasis on sand flies**

Rafael José Vivero Gómez<sup>1,2</sup>, Daniela Duque Granda<sup>1</sup>, Manuel Alejandro Narváez<sup>1</sup>, Laura Posada<sup>2</sup>, Gloria Cadavid Restrepo<sup>1</sup>, Howard Junca<sup>4</sup>, Claudia Ximena Moreno Herrera<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Grupo de Microbiodiversidad y Bioprospección, Laboratorio de Biología Celular y Molecular, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín

<sup>2</sup> Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales - PECET, Universidad de Antioquia

<sup>3</sup> Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre

<sup>4</sup> RG Microbial Ecology: Metabolism, Genomics and Evolution, Division of Ecogenomics and Holobionts, Microbiomas Foundation

**Background:** A comprehensive understanding of the biology of insects requires that they must be studied in an ecological context where microorganisms are considered an important component. Studies with phlebotomines from America have demonstrated the importance and potential role of intestinal microbiota in susceptibility and competence in developing *Leishmania* infection.

**Methods:** The relative frequency and phylogeny of *Wolbachia*, *Microsporidia*, *Arsenophonus*, and *Cardinium* were determined in phlebotomine from Colombia. After, Illumina Miseq using the 16S rRNA gene was used. We studied the effect of the gut microbiota in female phlebotomines infected with *Leishmania infantum*. Finally, a metatranscriptomic analysis was performed to identify viral sequences in these vectors.

**Results:** We provide information of natural infection of secondary endosymbionts in these sand flies. High percentages of relative abundance for *Wolbachia* (30%-83%) in *Lu. gomezi*, *Ev. dubitans*, *Mi. micropyga* and *Br. hamata*, were found. In blood-fed females of *Lu. longipalpis* and the group exposed to *L. infantum* (uninfected), *Pseudomonas* has a high relative abundance (75-85%), in contrast to guts positives to the infection for *L. infantum* (30-55). The virome shown two sequences related to the families of *Mononegavirales* and *Hepelivirales*, and the RNA-seq technique allowed the detection of natural infection by *Leishmania* (kDNA). Finally, the results also show an abundance of 57.36% in *Pseudomonas* at 25-27°C, 6.55% at 29-31°C and 13.20% at 31-33°C, while at the same ranges *Bacillus* presents an abundance of 1.21%, 61.54% and 37.64% respectively.

**Conclusion:** Intestinal microbiota is determining in the establishment of *Leishmania* and endosymbionts such as *Wolbachia* can impair the composition of the microbiota. It contributes to the knowledge of viral sequences and the detection of natural infection by *Leishmania*.

**Palabras clave:** microbiota, viroma, endosimbionts, *Leishmania*, sand flies

**S25-02. Diversidad e interacciones entre triatominos, sus fuentes de alimentación sanguínea, microbiota intestinal y *Trypanosoma cruzi* en la Sierra Nevada de Santa Marta, Colombia**

Claribel Murillo-Solano<sup>1,2</sup>, Jaime López-Domínguez<sup>3</sup>, Rafael Gó-ngora<sup>1</sup>, Andrés Rojas-Guloso<sup>2</sup>, José Usme-Ciro<sup>2</sup>, Erick Perdomo-Balaguera<sup>4</sup>, Claudia Herrera<sup>1</sup>, Gabriel Parra-Henao<sup>2,5</sup>, Eric Dumonteil<sup>1</sup>

<sup>1</sup> School of Public Health and Tropical Medicine, and Vector Borne and Infectious Disease Research Center, Department of Tropical Medicine, Tulane University, New Orleans, LO, USA

<sup>2</sup> Centro de Investigación en Salud para el Trópico, Universidad Cooperativa de Colombia, Santa Marta, Colombia

<sup>3</sup> LADISER Inmunología y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Veracruzana, Veracruz, México

<sup>4</sup> Secretaría de Salud Distrital, Santa Marta, Colombia

<sup>5</sup> Instituto Nacional de Salud, Bogotá, Colombia

**Antecedentes:** La enfermedad de Chagas sigue siendo una de las principales enfermedades desatendidas en Colombia. El objetivo de este trabajo fue caracterizar la cadena de transmisión de *Trypanosoma cruzi* en la Sierra Nevada de Santa Marta para conocer sobre la ecología de la enfermedad y ayudar a optimizar las estrategias de control.

**Métodos:** Se recolectaron triatominos en comunidades rurales, que fueron analizados para determinar sus fuentes de alimentación sanguínea, diversidad de parásitos y composición de la microbiota intestinal con un enfoque metagenómico y de secuenciación profunda.

**Resultados:** *Triatoma dimidiata* predominó seguido de *Rhodnius prolixus*, *T. maculata*, *R. pallenscens*, *Panstrongylus geniculatus* y *Eratyrus cuspidatus*. Veintidós especies fueron identificadas como fuentes de sangre, lo que resultó en una red de transmisión integrada con una amplia conectividad entre las especies huéspedes silvestres y domésticas. Solo se detectaron parásitos TcI, predominantemente de TcIb, pero también se informó de TcIa. La estrecha relación de las cepas de *T. cruzi* apoyó aún más la falta de ciclos de transmisión separados según los hábitats o las especies de triatominos. La microbiota de los triatominos varió según la especie, el estadio de desarrollo y la infección por *T. cruzi*.

**Conclusiones:** Se identificó un ciclo de transmisión doméstico que abarca múltiples especies de vectores y está estrechamente conectado con huéspedes selváticos en la región de la Sierra Nevada de Santa Marta, en lugar de un ciclo de transmisión doméstico aislado. Por lo tanto, se deben considerar intervenciones integradas dirigidas a todas las especies de vectores y su contacto con los humanos.

**Palabras clave:** *Trypanosoma cruzi*, vectores, reservorios, transmisión, Sierra Nevada



**S25-03. Factores determinantes en la composición y estructura de la microbiota intestinal de mosquitos *Anopheles albimanus* de Colombia**

Yadira Galeano Castañeda, Paula Urrea, Stefani Piedrahita, Margarita M. Correa  
Grupo de Microbiología Molecular, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

**Antecedentes:** La microbiota intestinal tiene una gran influencia en la biología de los mosquitos, confiere un fenotipo extendido que participa en funciones vitales como la mediación de procesos inmunológicos y la formación de tejidos como la membrana peritrofica. El estudio de la microbiota intestinal de *Anopheles* ha cobrado gran importancia debido a su potencial como control paratransgénico de *Plasmodium*. El objetivo de este trabajo fue determinar si la estructura y composición de la microbiota intestinal de *Anopheles albimanus* varía según la procedencia geográfica y el estado del mosquito.

**Métodos:** A partir del intestino de larvas y mosquitos adultos de Buenaventura y San Antero, se aislaron y secuenciaron colonias bacterianas por el gen *16S rRNA*; además, se extrajo ADN del intestino, se amplificó y secuenció el gen *16S rRNA* por Illumina Mi-Seq.

**Resultados:** Por ambos métodos se encontraron diferencias según la localidad de muestreo, con predominio de la familia Enterobacteriaceae en San Antero y Bacillaceae en Buenaventura. La estructura de las comunidades bacterianas en Buenaventura presentó mayor riqueza de géneros, mientras que, en San Antero, predominó *Enterobacter* spp. A nivel interstadio, Proteobacteria fue el filo más abundante en larvas y adultos; además, los géneros *Enterobacter*, *Bacillus* y *Staphylococcus* se detectaron como microbiota core entre los grupos evaluados.

**Conclusiones:** Factores como la procedencia del mosquito y el estadio de desarrollo determinan la composición de su microbiota intestinal. Además, algunos de los géneros bacterianos encontrados, como *Serratia*, *Enterobacter* y *Acinetobacter*, han sido descritos con potencial paratransgénico.

**Palabras clave:** *Anopheles*, microbiota, paratransgénesis, *Plasmodium*, malaria

**S25-04. Cambios en la microbiota asociados a la infección por *Trypanosoma cruzi* y *Leishmania***Juan David Ramírez<sup>1,2</sup><sup>1</sup> Centro de Investigaciones en Microbiología and Biotecnología-UR (CIMBIUR), Facultad de Ciencias Naturales, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia<sup>2</sup> Molecular Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell-Based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA

**Antecedentes:** La microbiota son todos los microorganismos (bacterias, hongos, parásitos y virus) que componen un nicho ecológico. Diversos trabajos han demostrado los impactos del cambio en la microbiota sobre la fisiología de diferentes enfermedades crónicas así como en enfermedades infecciosas. Las enfermedades parasitarias no son la excepción, razón por la cual se han encaminado estudios para entender el impacto de infecciones por parásitos en la microbiota intestinal y de piel.

**Métodos y resultados:** En esta presentación se divulgarán los avances realizados en nuestras investigaciones sobre el efecto de la infección por *Trypanosoma cruzi*, agente causal de la enfermedad de Chagas en el insecto vector (diferentes especies de triatominos), y en dos modelos en ratón. De igual manera, una revisión del impacto de la infección por *Leishmania*, agente causal de la leishmaniasis, en la microbiota de la piel y sus efectos fisiológicos.

**Conclusiones:** Se concluirá con un abordaje integral para comprender mejor la fisiología e interacción parásito-huésped, usando el entendimiento de la microbiota en estas dos enfermedades tropicales.

**Palabras clave:** microbiota, *Trypanosoma cruzi*, *Leishmania*