

Presentaciones orales

T11 - Estandarización de una prueba ELISA para el diagnóstico de rickettsiosis, con una proteína recombinante obtenida de un aislamiento colombiano como blanco

Maira Alejandra Cano Moná¹, Juan David Ospina Villa¹, María Isabel Osorio Pulgarín¹, Jorge Luis Miranda Regino², Giovanni Alexander Torres¹, Miryan Margot Sánchez Jiménez¹

¹ Instituto Colombiano de Medicina Tropical

² Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico, Universidad de Córdoba

Antecedentes: La rickettsiosis es una enfermedad febril de distribución mundial, causada por *Rickettsia* spp. En Colombia, se han reportado brotes con tasas de letalidad entre el 26,6 y el 95 %. Los síntomas clínicos pueden confundirse con otras enfermedades febriles, lo cual dificulta su diagnóstico. La prueba de referencia es la inmunofluorescencia indirecta (IFI) para anticuerpos IgG, técnica que requiere tecnología costosa y personal entrenado.

Objetivo: Estandarizar un inmunoensayo (ELISA) para el diagnóstico de la rickettsiosis, empleando como blanco la proteína recombinante de superficie (Rsa).

Metodología: Se usó como antígeno la proteína recombinante Rsa producida a partir de un aislamiento colombiano de *Candidatus Rickettsia colombianensi*. Se incluyeron cuatro grupos de sueros obtenidos de: 1) pacientes con diagnóstico de rickettsiosis mediante IFI, con títulos $\geq 1:1.000$; 2) personas asintomáticas con títulos de 1:512, detectadas en un estudio de seroprevalencia; 3) personas sin anticuerpos (negativas), y 4) pacientes con diagnóstico de leptospirosis, salmonelosis o dengue. Se ensayaron varias diluciones de las muestras y del anticuerpo humano secundario anti-IgG marcado con peroxidasa de rábano. Cada muestra fue evaluada por triplicado en tres pruebas independientes para establecer las condiciones óptimas de trabajo y se determinó el punto de corte de la prueba.

Resultados preliminares: Se estandarizó la prueba ELISA con una dilución de muestra de 1:100 y del anticuerpo secundario de 1:1.000. Se determinó como punto de corte una densidad óptica de 0,323.

Conclusiones: El desarrollo de pruebas diagnósticas serológicas sensibles, específicas y de bajo costo utilizando proteínas recombinantes de *Rickettsia* spp. de aislamientos colombianos, incrementará la capacidad y la oportunidad diagnóstica en nuestro medio.

Palabras clave: serodiagnóstico, rickettsiosis, ELISA, anticuerpos, proteína recombinante

T12 - Péptidos antimicrobianos de la familia de las cecropinas con actividad contra *Trypanosoma cruzi*, *Trypanosoma brucei* y *Leishmania major*

Juan Felipe Osorio Méndez^{1,2}, Yuly Andrea Ramírez¹, Tomás Nepomuceno Mejía³, Nuria Sánchez Puig⁴, Lily Johana Toro¹, Germán Alberto Téllez Ramírez^{1,2}, Jhon Carlos Castaño Osorio¹

¹ Grupo de Inmunología Molecular (Gymol), Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

² Laboratorio de Microbiología y Biología Molecular, Corporación Universitaria Empresarial Alexander von Humboldt, Armenia, Colombia

³ Unidad de Biomedicina, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México, México

⁴ Departamento de Química de Biomacromoléculas, Instituto de Química, Universidad Nacional Autónoma de México, México

Antecedentes: Los tripanosomátidos son un grupo de parásitos protistas de interés médico. Los tratamientos actuales presentan problemas de eficacia, toxicidad y resistencia. Los péptidos antimicrobianos de insectos, como las cecropinas, son moléculas con interés terapéutico.

Objetivos: Evaluar la actividad antiparasitaria de cuatro cecropinas frente a tres especies de tripanosomátidos.

Materiales y métodos: Se analizaron *in silico* sus características fisicoquímicas. Se usaron análogos sintéticos para evaluar la estructura secundaria por dicroísmo circular y, en pruebas de microplaca con resazurina, la actividad antiparasitaria frente a epimastigotes de *Trypanosoma cruzi*, formas procíclicas de *Trypanosoma brucei* y promastigotes de *Leishmania major*.

Para determinar el efecto de los péptidos sobre la morfología y estructura del citoesqueleto, se realizaron observaciones de los parásitos tratados por microscopía de luz y de fluorescencia con anticuerpos α -tubulina. También, se evaluó la citotoxicidad de los péptidos frente a células Vero, y a células mononucleares de sangre periférica y eritrocitos humanos, para calcular los índices de selectividad (IS).

Resultados: Los cuatro péptidos analizados poseen las características de las cecropinas: secuencias catiónicas, anfipáticas y con una estructura secundaria en α -hélice. Dos de los péptidos presentaron actividad selectiva (IS > 1) frente a las tres especies de parásitos analizadas con IC₅₀ entre 7,3 y 46,7 μ g/ml. Los péptidos ejercen daño en la morfología del parásito, afectando la estructura del citoesqueleto.

Conclusiones: Se identificaron dos péptidos de la familia de las cecropinas con actividad selectiva frente a *T. cruzi*, *T. brucei* y *L. major*.

Palabras clave: péptidos catiónicos antimicrobianos, tripanosomátidos, cecropinas, antiparasitarios

T13 - Identificación *in silico* de fármacos con potencial inhibitorio de blancos proteicos de *Trypanosoma cruzi*

Juan Manuel Matiz González¹, Daniel Andrés Pardo Rodríguez^{1,2}, Paola Andrea Nocua Martínez³, Juan Carlos Burgos⁴, Sol Milena Mejía Chicaco², Jorge Robles Camargo², Claudia Liliana Cuervo Patiño³

¹ Grupo Enfermedades Infecciosas, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de Investigación Fitoquímica, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia

³ Grupo de Enfermedades Infecciosas, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Facultad de Ingeniería, Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia

Antecedentes: La enfermedad de Chagas es una parasitosis producida por *Trypanosoma cruzi*. Debido a la problemática del tratamiento convencional, nuestro grupo se ha interesado en la identificación de nuevas moléculas con potencial tripanocida, teniendo en cuenta los retos derivados del desarrollo de nuevos medicamentos.

Objetivo: Identificar fármacos en desarrollo o aprobados para otras enfermedades, con potencial *in silico* para inhibir blancos proteicos específicos de *T. cruzi*.

Materiales y métodos: Se buscaron potenciales blancos terapéuticos en el proteoma de *T. cruzi* utilizando el programa Blast+ del *National Center for Biotechnology Information (NCBI)*. Inicialmente, se descartaron proteínas homólogas con el huésped mediante comparaciones frente al proteoma humano (criterio de rechazo: $e\text{-value} \leq 0,005$) y, eventualmente, se seleccionaron las proteínas homólogas con blancos terapéuticos no humanos, mediante comparaciones con la lista de blancos terapéuticos reportados en el ChEMBL (criterio de aprobación: $e\text{-value} \leq 1 \times 10^{-8}$). Posteriormente, se elaboró un flujo de trabajo en KNIME conectado a la interfaz REST API del ChEMBL, para captar los ligandos de los blancos homólogos a las proteínas de *T. cruzi*, así como fármacos estructuralmente similares (coeficiente de similitud de Tanimoto ≥ 80 %).

Resultados: Se logró identificar ocho fármacos (migalastat, cianidol, azitromicina, eritromicina, quercetina, duvoglustato, epicatequina y tetrazicar) con potencial para interactuar y, eventualmente, inhibir un total de 156 blancos de *T. cruzi*, incluyendo proteínas implicadas en la virulencia y en el metabolismo redox del parásito.

Conclusiones: Los fármacos migalastat, cianidol, azitromicina, eritromicina, quercetina, duvoglustato, epicatequina y tetrazicar tienen potencial *in silico* para inhibir blancos proteicos de *T. cruzi*.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, *Trypanosoma cruzi*, reposicionamiento de fármacos, ChEMBL, blanco proteico

T14 - Diseño racional de fármacos basados en compuestos activos de *Heliotropium indicum* contra *Trypanosoma cruzi*

Yuly Elien Bernal Rosas¹, Nelson Enrique Arenas², Orlando Alfredo Torres³

¹ Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Antonio Nariño

² Facultad de Ciencias, Universidad Antonio Nariño

³ Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Antonio Nariño

Antecedentes: La enfermedad de Chagas es una enfermedad predominante en el continente americano, endémica en 21 países. El tratamiento farmacológico a base de benznidazol y nifortimox presenta poca eficacia y produce efectos secundarios tóxicos para el paciente. Nuestro objetivo fue crear una estrategia de diseño racional de fármacos basado en los compuestos activos de *Heliotropium indicum*.

Métodos: Se obtuvieron los principios activos de la base de datos PubChem y DrugBank en formato *smiles* y se usó una estrategia de *docking* inverso usando el programa SwissTargetPrediction. Se realizaron predicciones de interacción con las proteínas homólogas de *Trypanosoma cruzi* a partir de una búsqueda por BLASTp en la base de datos TriTrypDB y UniProt. Posteriormente, se realizó *docking receptor* ligando usando el programa SwissDock.

Resultados: Se encontraron 13 compuestos activos reportados en PubChem, de los cuales ocho mostraron posibles receptores por *docking* inverso. Se encontraron 38 proteínas candidatas en *Homo sapiens*, *Mus musculus* y *Rattus norvegicus*. La búsqueda de homólogos en *T. cruzi* evidenció una baja homología en las secuencias reportadas inferiores al 50 %, en comparación con proteínas humanas. Las proteínas seleccionadas fueron: anhidrasa carbónica, 14-alfa metilasa lanosterol y reductasa de la prostaglandina H2 de *T. cruzi*. En los resultados de *docking* se encontraron energías de unión de -9,01 a -6,61 kcal/mol.

Conclusiones: Los compuestos derivados de *H. indicum* parecen ser una fuente de compuestos de interés farmacológico contra diferentes proteínas de *T. cruzi*. Las diferencias en los blancos terapéuticos del parásito podrían permitir el diseño de compuestos potenciales con actividad antiparasitaria.

Palabras clave: *Trypanosoma cruzi*, *Heliotropium indicum*, compuestos activos

T15 - Elucidación estructural de metabolitos con actividad leishmanicida aislados de la corteza de *Byrsonima crassifolia*

José Lisandro Mendoza Munguía^{1,2}, Sergio Rubén Peraza Sánchez¹

¹ Centro de Investigación Científica de Yucatán, CICY, Yucatán, México

² Universidad Nacional Autónoma de Honduras, UNAH, Tegucigalpa, Honduras

Antecedentes: Los protozoarios del género *Leishmania* son responsables del complejo de enfermedades zoonóticas conocidas como leishmaniasis. El control y la erradicación de esta enfermedad se obstaculizan debido a diversos factores socioeconómicos en las áreas de prevalencia; sumado a eso, la farmacoterapia actualmente utilizada ocasiona diversos efectos secundarios e inducen resistencia. *Byrsonima crassifolia* ha sido utilizada en la medicina tradicional para tratar diversos problemas dermatológicos.

Objetivo: Identificar nuevas moléculas con potencial leishmanicida en la corteza de *Byrsonima crassifolia*.

Materiales y métodos: La corteza de *B. crassifolia* fue sometida a extracción con metanol y se logró aislar cuatro compuestos: i) BcC-6b1, ii) crassifolín, iii) 3b-friedelanol, y iv) friedelina; y dos mezclas: v) BcC-6g3 y vi) α -amirina/ β -amirina. Las estructuras de estos compuestos se elucidaron con el uso de métodos espectroscópicos y espectrométricos.

Resultados: En los compuestos puros, la concentración media inhibitoria (CI_{50}) varió entre 3,5 y 4,4 $\mu\text{g/ml}$. Se reporta por primera vez la estructura del compuesto 2, el cual presentó buena actividad antiparasitaria. Se evaluó por primera vez la actividad *in vitro* de los compuestos 3 y 4, y la mezcla 6 contra promastigotes de *Leishmania (L.) mexicana*. Asimismo, se demuestra la presencia de los triterpenos pentacíclicos 3b-friedelanol (3) y friedelina (4) en la corteza de *B. crassifolia*.

Conclusiones: Estos resultados podrían ser la base para el desarrollo de fármacos contra la leishmaniasis.

Palabras clave: leishmaniasis, *Byrsonima*, *Leishmania mexicana*, protozoo

T16 - Evaluación de la actividad tripanocida del ácido pomólico y su afinidad *in silico* por las enzimas cisteína sintasa, esterol-14- α -demetilasa y tripanotión reductasa de *Trypanosoma cruzi*

Juan Sebastián Bravo Espejo¹, Daniel Andrés Pardo Rodríguez^{1,2}, Sol Mejía Chica², Jorge Eliécer Robles Camargo², Ibeth Cristina Romero Calderón³, Jair Alexander Téllez Meneses⁴, Claudia Lilliana Cuervo Patiño¹

¹ Grupo Enfermedades Infecciosas, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de Investigación Fitoquímica Universidad Javeriana (GIFUJ), Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia

³ Universidad Nacional de Colombia, sede de La Paz, La Paz, Cesar, Colombia

⁴ Instituto de Biotecnología (IBUN), Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes: La enfermedad de Chagas, causada por *Trypanosoma cruzi*, es endémica de Centroamérica y Suramérica. La toxicidad y limitada eficacia del tratamiento convencional en fase crónica hacen necesario el desarrollo de nuevos medicamentos. El ácido pomólico ha mostrado tener actividad antiparasitaria. Sin embargo, se desconocen su actividad sobre *T. cruzi*, los mecanismos de acción y los blancos sobre los que podría actuar.

Materiales y métodos: La predicción y la validación de la estructura terciaria de las enzimas se hicieron en el *software* Maestro y el servidor Swiss-Model. Los cálculos de acoplamiento molecular fueron realizados en AutoDock Vina y, como control, se usó el inhibidor cocrystalizado de cada enzima. Las interacciones enzima-ligando fueron caracterizadas en la plataforma PLIP. Se evaluó la actividad tripanocida sobre los estadios tripomastigote y amastigote de *T. cruzi*, y su actividad citotóxica sobre células VERO.

Resultados: El ácido pomólico presentó mayor afinidad por las tres enzimas que los controles, y se acopló a aminoácidos del sitio activo y reconocidos por los cofactores de las enzimas CS y CYP51. Para la tripanotión reductasa, se acopló con aminoácidos del dominio que poseen actividad catalítica. El ácido pomólico inhibió al estadio tripomastigote con una $CE_{50}=3,98 \mu\text{M}$ y, al amastigote, con una $CI_{50}=0,36 \mu\text{M}$. El índice de selectividad fue de 38,68 para el estadio intracelular, respecto al modelo celular VERO.

Conclusiones: El ácido pomólico inhibió a *T. cruzi* y, dada la afinidad *in silico* por TcCS, TcCYP51 y TcTR, el efecto sobre el parásito podría estar relacionado con la inhibición de estas enzimas o sus rutas metabólicas.

Palabras clave: *Trypanosoma cruzi*, enfermedad de Chagas, ácido pomólico, *docking* molecular

T17 - Prueba *in vitro* para evaluar larvicidas de administración cutánea para el control de *Dermatobia hominis*

Andrés Felipe Bonilla Castelblanco, María Fernanda Rodríguez Zambrano, Jorge Alexander León González

Laboratorio de Parasitología Veterinaria, Facultad Ciencias Agropecuarias, Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales, U.D.C.A.

Antecedentes: *Dermatobia hominis* (Diptera: Oestridae) es la causa más frecuente de miasis foruncular zoonótica en los países neotropicales. Para registrar productos larvicidas es necesario aportar pruebas y controles de eficacia *in vitro* e *in vivo*. Sin embargo, actualmente se carece de protocolos *in vitro* para evaluar productos larvicidas frente a *D. hominis*.

Materiales y métodos: Se estandarizó una prueba *in vitro* para evaluar la eficacia larvicida de dos formulaciones comerciales y un placebo de aplicación tópica. Se estableció un sistema de cultivo de larvas 2 y 3 (n=100) con solución nutricional, y temperatura y humedad relativa controladas. Se mantuvieron en el sistema de cultivo durante tres días después de haber sido recolectadas. Posteriormente, se colocaron las larvas en formulaciones tópicas comerciales de ivermectina al 1 %, diclorvos al 1 % o placebo. La viabilidad de las larvas se evaluó después de 10, 30 y 60 minutos, y de 2, 4, 22, 24, 48 y 72 horas después del tratamiento.

Resultados: Las formulaciones evaluadas alcanzaron el 100 % de efectividad a las 48 horas. La actividad larvicida más temprana fue diclorvos a las 4 horas, con un 57,14 % de efectividad, mientras que la ivermectina produjo a las 4 horas una mortalidad de 28,57 %. Las larvas ubicadas en el placebo murieron a las 72 horas.

Conclusiones: La prueba *in vitro* desarrollada puede ser adoptada para evaluar la eficacia de productos tópicos para el control de *D. hominis*.

Palabras clave: bioensayo, insecticidas, infestaciones por larvas de moscas, administración tópica

T18 - Respuesta prooxidante y antioxidante de aceites esenciales y metabolitos derivados de plantas colombianas en *Leishmania*

Mary E. Salazar¹, Elena E. Stashenko², Patricia Escobar¹

¹Centro de Investigaciones en Enfermedades Tropicales (CINTROP), Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

²Laboratorio de Cromatografía y Espectrometría de Masas (CROM-MASS), Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

Antecedentes: En leishmaniasis cutánea, el desequilibrio entre moléculas prooxidantes o antioxidantes podría favorecer la destrucción del parásito y la reacción inflamatoria, o viceversa.

Objetivo: Evaluar la respuesta oxidativa de aceites esenciales y moléculas derivadas de plantas en parásitos y macrófagos.

Materiales y métodos: Parásitos de *Leishmania (L.) amazonensis* y células J774 y THP-1 fueron tratados con 8 aceites esenciales (AE1-5, AE8-9, AE19) y 12 moléculas derivadas de plantas (MDP4, 7,10, 19, 21, 22, 24, 31, 33, 35-37) activos *in vitro* contra *Leishmania* del programa BioRetoXXI-15:50. Se determinaron los niveles de radicales libres de oxígeno (ROS), óxido nítrico (ON) y potencial de membrana mitocondrial ($\Delta\Psi_m$), utilizando las sondas DCFH-DA, DAF-FM y JC-1.

Resultados: En promastigotes, el tratamiento con MDP7,21 aumentó los niveles de ROS de 3,2 a 9,1 veces; con MDP31,35,37 disminuyeron los niveles de ROS inducidos por peróxido de 1,6 a 2,2 veces; y con MDP7, indujo pérdida de $\Delta\Psi_m$. En macrófagos, AE3-5 y MDP4,7,35 aumentaron los niveles de ROS de 1,6 a 7,9 veces; AE8,19 y MDP21,31,33,36 disminuyeron los niveles de ROS entre 1,5 y 2,7 veces; MDP4,21 y MDP24 en células J774 y MDP4,7,10,22,35-36 en células THP-1, aumentaron los niveles de ON de 1,4 a 5,8 veces y de 2,9 a 6,5 veces, respectivamente; y MDP4 y MDP7 indujeron pérdida de $\Delta\Psi_m$.

Conclusiones. Los compuestos evaluados mostraron actividades prooxidantes y antioxidantes. La inducción de ROS y ON, y la pérdida de $\Delta\Psi_m$, podrían relacionarse con la actividad antileishmania previamente evaluada, especialmente del MDP7 que mostró actividad prooxidante en parásitos y macrófagos. Este compuesto junto con los AE8-9 (antioxidantes en células), podría ser candidato para incluirse en una formulación antileishmania.

Palabras clave: *Leishmania*, prooxidantes, antioxidantes, aceites esenciales, plantas colombianas, moléculas derivadas de plantas

T21 - Prevalencia de parásitos intestinales de importancia en la salud pública en perros callejeros de la Fundación San Francisco de Asís de Villavicencio

Abner D. Morales, Arwin René Ortiz Gonzales, Leidy Yulied Vargas Montoya,
Darío Cárdenas García
Universidad de los Llanos, Villavicencio, Colombia

Antecedentes: El trabajo realizado tuvo como objetivo determinar la prevalencia de parásitos intestinales de importancia en salud pública en perros de la Fundación San Francisco de Asís de Villavicencio.

Materiales y métodos: Se utilizó la técnica para análisis parasitario Slott modificado para identificar huevos de diferentes nematodos y ooquistes de protozoarios.

Resultados: En el estudio, se analizaron 70 muestras coprológicas y se encontraron los parásitos: nematodo *Ancylostoma* sp. (22 %), *Trichuris vulpis* (6 %), *Toxocara* sp. (17 %), y el protozoario *Isoospora* (9 %), y en el 3 % de un ectoparásito, llamado *Demodex*, por la ingestión del pelo; en el 43 %, no se observaron parásitos.

Conclusiones: Se concluye que el principal agente de interés zoonótico encontrado en el presente estudio fue el parásito *Ancylostoma* sp. No se encontró asociación estadística entre las variables de edad y sexo en la población animal objeto de estudio.

Palabras clave: zoonosis, enfermedades parasitarias, prevalencia

T22 - Parasitismo intestinal en una población de estudiantes universitarios en Cali, Colombia

Caterine Potes Morales, María del Pilar Crespo Ortiz

Departamento de Microbiología, Facultad de Salud, Universidad del Valle, Cali, Colombia

Antecedentes: Al menos, el 45 % de la población alberga un parásito comensal o patógeno y su control requiere de seguimiento en las poblaciones vulnerables.

Objetivo: El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de los parásitos intestinales en una población de adultos jóvenes universitarios. utilizando diagnóstico convencional y molecular.

Materiales y métodos: En este estudio descriptivo de corte transversal, se recolectaron 139 muestras de materia fecal. La búsqueda de parásitos se realizó mediante técnicas de microscopía. Para el diagnóstico de protozoos, también se utilizó PCR convencional.

Resultados: La prevalencia general de parasitismo intestinal fue de 74,8 % con 37,5 % de poliparasitismo. Los parásitos más frecuentes fueron: *Blastocystis* spp. (59,7 %), *Cryptosporidium* spp. (24,5 %), *Endolimax nana* (13,6 %), *E. dispar*/*E. moshkovskii* (7,8 %), *Entamoeba coli* (5 %), *Giardia intestinalis* (1,4 %) y otros (2,8 %). Por microscopía, se detectaron 45,3 % parasitados mientras que 65,5 % fueron positivos por PCR.

Se encontró una asociación significativa entre parasitismo y población del Sisbén ($p=0,02$) y entre consumo de frutas y *Blastocystis* spp. ($p=0,001$). Ninguno de los pacientes con complejo *Entamoeba* fueron positivos para *E. histolytica* por PCR. El patógeno más frecuente fue *Cryptosporidium* spp. el cual solo fue diagnosticado por PCR y confirmado por secuenciación. Este parásito fue detectado en las mascotas de 7 participantes que fueron positivos.

Conclusiones: La prevalencia de parasitosis intestinal en adultos jóvenes es alta, al igual que en otras poblaciones vulnerables. La gran frecuencia de *Cryptosporidium* spp. sugiere que, para su control, se debe tener en cuenta la exposición a ambientes y huéspedes contaminados y se requieren pruebas moleculares para su vigilancia.

Palabras clave: parasitismo, universitarios, PCR, *Cryptosporidium* spp., *Blastocystis* spp.

T23 - Aplicación de métodos metataxonómicos para la detección de parásitos intestinales

Daniel A. Gómez^{1,2}, Gisela M. García-Montoya²⁻⁴, Ana L. Galván-Díaz⁵, Juan F. Alzate²⁻⁴

¹ Estudiante de pregrado de Microbiología y Bioanálisis, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Centro Nacional de Secuenciación Genómica - CNSG, Sede de Investigación Universitaria - SIU

³ Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁴ Grupo Pediaciencias, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁵ Grupo de Microbiología Ambiental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Antecedentes: En la actualidad, la mayoría de las estimaciones de frecuencia y prevalencia de parásitos intestinales reportados para Colombia, están basadas en el análisis microscópico convencional, las cuales carecen de alcance para dar datos de especie y genotipos, y, además, ofrecen una sensibilidad limitada. Los análisis metataxonómicos han transformado los estudios microbiológicos, llenando parte de los vacíos asociados con los métodos convencionales.

Objetivo: Explorar la aplicación de métodos metataxonómicos y filogenéticos para detectar parásitos intestinales en muestras fecales humanas.

Materiales y métodos: Se incluyeron en el análisis 25 muestras de materia fecal de las cuales se extrajo ADN y, posteriormente, se amplificó la región hipervariable V4 del gen *18S rRNA*. Las secuencias se obtuvieron en la plataforma Illumina MiSeq. Los *reads* se depuraron con CUTADAPT y se agruparon en OTU al 97 %. Se calcularon abundancias relativas y se asignó rango, usando el programa MOTHUR v1.44. La taxonomía fue validada mediante análisis filogenéticos, usando los programas MAFFT y IQ-TREE v2 (*maximum-likelihood* y UFB).

Resultados: Mediante los análisis metataxonómicos, se detectaron varias especies de parásitos. Se pudo hacer la asignación taxonómica a categoría de género para *Blastocystis*, *Giardia*, *Trichuris*, *Ascaris*, *Cryptosporidium* y *Dientamoeba*. Los análisis filogenéticos confirmaron la asignación taxonómica. Además de los patógenos humanos, se identificó el flagelado ambiental *Rhogostoma*.

Conclusiones: Los métodos metataxonómicos demuestran ser una herramienta de amplio espectro que permite detectar simultáneamente parásitos intestinales Stramenopiles, Fornicata, Apicomplexa, Rhizaria y nematodos. Se propone esta metodología para continuar desarrollándola hacia el futuro, como un coprológico de nueva generación aplicable en investigación y epidemiología.

Palabras clave: metataxonómica, filogenética, coprológico, parasitosis, intestinal

T24 - Diagnóstico de *Cryptosporidium* en humanos de Latinoamérica: una revisión sistemática de 20 años

David Lenis¹, Juan Esteban Gómez¹, Leidi Herrera², Marlon Mauricio Ardila^{3,4}

¹ Semillero de Investigación en Ciencias de la Salud (SICS), Fundación Universitaria *San Martín*, Puerto Colombia, Colombia

² Instituto de Zoología y Ecología Tropical, Facultad de Ciencias, Universidad Central de Venezuela, Caracas, Venezuela

³ Grupo de Investigación Básica y Clínica en Ciencias de la Salud (GIBAC), Fundación Universitaria *San Martín*, Puerto Colombia, Colombia

⁴ Facultad de Ciencias Básicas y Biomédicas, Universidad Simón Bolívar, Barranquilla, Colombia

Antecedentes: *Cryptosporidium* es un protozoo apicomplejo que causa serios problemas gastrointestinales en personas inmunocomprometidas. Se ha reportado a *C. parvum*, *C. hominis* y *C. meleagridis* como especies frecuentes en humanos. La situación en Latinoamérica es complicada debido a sus altas tasas de morbimortalidad.

Objetivo: Explorar los registros de diagnóstico de *Cryptosporidium* en humanos de Latinoamérica en los últimos 22 años.

Materiales y métodos: Se realizó una revisión sistemática (método PRISMA) de los registros de prevalencia de *Cryptosporidium* en humanos, sin discriminación por sexo, edad o condición socioambiental en Latinoamérica entre los años 2000 y 2022, utilizando Pubmed, Scielo y Lilacs. El criterio de inclusión fueron todos los registros que identificaron la presencia de *Cryptosporidium* en Latinoamérica mediante alguna técnica de diagnóstico convalidada por la OMS.

Resultados: Solo 65 (5,36 %) de 1.212 estudios fueron seleccionados por cumplir con los criterios de inclusión. El mayor número de reportes (21,5 %) provenían de Brasil. La especie más reportada fue *C. parvum* (90 %). Las técnicas de diagnóstico más frecuentes fueron la PCR (34,3 %) seguida de la observación directa mediante la tinción modificada de Ziehl-Neelsen (29,6 %). Entre el 2000 y el 2010, se reportó el mayor número de estudios. El diagnóstico en un 43,7 % indicaba inmunosupresión en el individuo explorado.

Conclusiones: La inmunosupresión, los niveles socioeconómicos bajos y los malos hábitos higiénicos-sanitarios corresponden a los factores de riesgo para la prevalencia de *Cryptosporidium*. La técnica más sensible y específica para la detección de *Cryptosporidium* fue la PCR. En Latinoamérica, la especie reportada en todos los países fue *C. parvum*, lo cual lo hace el agente patógeno más frecuente de la criptosporidiosis.

Palabras clave: *Cryptosporidium*, Latinoamérica, método PRISMA, VIH, población humana

T25 - Prevalencia y factores de riesgo asociados al parasitismo intestinal, en escolares del municipio de Baranoa (Atlántico, Colombia)

Marlon Mauricio Ardila^{1,2}, Marie Claire Nieto³, Anderson Cruz³, José Campo³, Josefina Guzmán-Acuña¹, Daisy Lozano-Arias¹, Leidi Herrera⁴

¹ Grupo de Investigación Básica y Clínica en Ciencias de la Salud (GIBAC), Fundación Universitaria San Martín, Puerto Colombia, Colombia

² Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán, Chile

³ Semillero de Investigación en Ciencias de la Salud (SICS), Fundación Universitaria San Martín, Puerto Colombia, Colombia

⁴ Instituto de Zoología y Ecología Tropical, Facultad de Ciencias, Universidad Central de Venezuela, Caracas, Venezuela

Antecedentes: Las parasitosis intestinales afectan principalmente a la población infantil, con mayores prevalencias en comunidades desfavorecidas de los países subdesarrollados. A pesar de su alta incidencia, pocos son los registros del departamento del Atlántico, destacándose el municipio de Baranoa con características que pueden favorecer una gran prevalencia de parásitos intestinales.

Objetivo: Determinar la prevalencia de parásitos intestinales y las condiciones socioambientales de riesgo, en escolares de una institución educativa del municipio de Baranoa (Atlántico, Colombia).

Materiales y métodos: En el año 2022, se encuestaron 148 padres de familia o representantes de niños de 4 a 14 años de edad, de una institución educativa de Baranoa, para determinar sus características sociodemográficas y sociosanitarias. La materia fecal se recolectó en frascos estériles, para diagnosticar protozoos o helmintos mediante el examen coproparasitológico. Los resultados se tabularon en Excel™ para su posterior análisis estadístico.

Resultados: El 56 % (83/148) de la población evaluada era del sexo masculino. El 77 % refirió residir en la zona urbana, el 5 % posee una vivienda con piso de tierra y el 95 % recibe servicio de agua por acueducto. El 48 % elimina sus excretas en inodoros conectados al alcantarillado. Los encuestados informaron tener como costumbre el lavado frecuente de las manos, antes de manipular cualquier alimento y después de “ir al baño”. De un total de 67 muestras de materia fecal evaluadas en la población infantil, se obtuvieron 62 % positivas: *Blastocystis hominis* (31 %), *Giardia duodenalis* (16 %), *Entamoeba histolytica/dispar* (14 %) y *Ascaris lumbricoides* (1 %).

Conclusión: La elevada incidencia de protozoos intestinales asociada con factores de riesgo higiénico-sanitarios, demuestra la necesidad de implementar campañas pedagógicas para el control de esta morbilidad.

Palabras clave: protozoos intestinales, helmintos, factores de riesgo, parasitismo intestinal, escolares

T26 - Detección de infecciones parasitarias intestinales en niños mediante reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa multiparalela en tiempo real

Miryán Margot Sánchez Jiménez¹, Patricia Bryan², Jerlin Pérez², Leah McAleer², Giovanni Torres¹, Marcela Romero¹, Alejandro Restrepo³, Marcos Restrepo¹, Rojelio Mejía²

¹ Instituto Colombiano de Medicina Tropical-Universidad CES, ICMT-CES, Sabaneta, Antioquia, Colombia

² Laboratory of Human Parasitology, National School of Tropical Medicine, Baylor College of Medicine, Houston, TX, United States

³ Clinical Assistant Professor, Department of Medicine, UTMB Health, League City, TX, United States

Antecedentes: Los parásitos intestinales son un problema de salud pública en zonas donde no se dispone de agua potable. Las personas provenientes de otras regiones que llegan a Medellín, pueden presentar parasitismos intestinales y, en casos como la población infantil, se pueden producir problemas de salud.

Objetivo: Detectar infecciones parasitarias intestinales en población infantil, mediante una prueba molecular en tiempo real cuantitativa y multiparalela.

Materiales y métodos: Se analizaron 227 muestras de materia fecal de niños de diferentes centros educativos de Medellín. Se practicaron examen coprológico, extracción de ADN y PCR en tiempo real cuantitativa multiparalela, previamente desarrollada, que permite detectar y cuantificar 10 agentes parasitarios: *Blastocystis*, *Giardia intestinalis*, *Cryptosporidium hominis*, *Entamoeba histolytica*, *Ascaris lumbricoides*, *Necator americanus*, *Ancylostoma duodenale*, *Trichuris trichiura*, *Strongyloides stercoralis* y *Acanthamoeba*.

Resultados: Se encontró una prevalencia de multiparasitismo del 99 % (225/227), siendo *Blastocystis*, con el 95,6 % (217/227), y *Giardia intestinalis*, con el 91,2 % (207/227), los más detectados. Las coinfecciones más prevalentes fueron *Blastocystis*, *Giardia intestinalis* y *Trichuris trichiura* en el 37,9 % (86/227), y *Blastocystis* y *Giardia intestinalis* en el 29,5 % (67/227). También, encontramos *Acanthamoeba* en el 5,7 % (13/227).

Conclusiones: La utilización de la prueba molecular en tiempo real cuantitativa multiparalela, permite detectar escasas cantidades de parásitos intestinales que no se detectan con la microscopía; asimismo, permite la detección de coinfecciones, lo cual favorece la formulación del tratamiento antiparasitario adecuado. El hallazgo de *Acanthamoeba*, ameba de vida libre que puede causar enfermedades graves en otros órganos, abre la necesidad de realizar estudios adicionales sobre este hallazgo.

Palabras clave: PCR en tiempo real, parásitos intestinales, prueba multiparalela, diagnóstico molecular

T27 - Clasificación automatizada de microfotografías para el diagnóstico parasitológico veterinario

Jose Francisco Ruiz Muñoz¹, Juan Carlos Vega Garzón¹, Jimmy Jolman Vargas Duarte²

¹ Universidad Nacional de Colombia, sede de La Paz

² Instituto de Genética, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá, Colombia

Antecedentes: El diagnóstico veterinario y el seguimiento de enfermedades en animales, es fundamental dentro de las estrategias de control. Las herramientas computacionales de aprendizaje automatizado y visión por computador tienen el potencial de aumentar la eficiencia y la capacidad diagnóstica para reducir el tiempo y la subjetividad en la emisión de resultados.

Materiales y métodos: En este estudio, se recolectaron muestras de heces de una explotación ovina del departamento de Sucre, empleando un modelo de control parasitario en pequeños rumiantes, en el cual las infecciones por nematodos son una de las principales limitaciones de la producción. Dichas muestras fueron procesadas por la técnica de McMaster modificada, para identificar huevos de helmintos. Con los huevos obtenidos de muestras positivas, se elaboró un catálogo fotográfico mediante microscopía óptica. Se procedió a generar un conjunto de datos de imágenes de nematodos (*Strongylidos*, *Ascaridos*, *Tricuridos* y *Strongyloides*).

Resultados: Los datos se dividieron aleatoriamente en el 70 % como conjunto de entrenamiento y el 30 % como conjunto de prueba. Se entrenó una red neuronal convolucional y se evaluó la capacidad de clasificación morfológica de los huevos presentes en una microfotografía. Además, el sistema se utilizó para cuantificar el número de huevos presentes en la muestra y estimar la carga de huevos por gramo.

Conclusiones: El desarrollo de herramientas computacionales de aprendizaje automatizado y visión por computador asociadas con laboratorios remotos automatizados, es una tarea prioritaria en el diagnóstico médico-veterinario, teniendo en cuenta la ubicación geográfica de las granjas, el tamaño de la población animal y el número de muestras por evaluar, para poder tomar decisiones oportunas de control.

Palabras clave: aprendizaje automatizado, visión por computador, diagnóstico veterinario, nematodos, inteligencia artificial, laboratorio remoto, automatización

T28 - Aislamiento de un nuevo subtipo de *Blastocystis* sp. en paciente humano

Carolina Hernández-Castro^{1,2}, Miguel A. Toro-Londoño¹, Sonia del Pilar Agudelo López¹, Jorge Humberto Botero Garcés¹, María Cenelia Orozco Peláez¹, Yulieth Catherine Quintero Quinchía¹, Juan Camilo Correa Cote³, Alejandro Múnera Duque⁴, Jenny G. Maloney⁵, Mónica Santín⁵, David Carmena Jiménez²

¹ Facultad de Medicina, Corporación Académica para el Estudio de Patologías Tropicales, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Laboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología, Instituto de Salud Carlos III, Majadahonda, España

³ Clínica Medellín de Occidente, Medellín, Colombia

⁴ Institución Prestadora de Servicios de Salud "Hospital Alma Mater de Antioquia" y Clínica Medellín de Occidente, Medellín, Colombia

⁵ Environmental Microbial and Food Safety Laboratory, Agricultural Research Service, United States Department of Agriculture, Beltsville, MD, United States

Antecedentes: *Blastocystis* sp. es un protista zoonótico frecuente que infecta una amplia variedad de huéspedes; actualmente, hay 30 diferentes subtipos (ST) descritos, de los cuales trece (ST1-10, ST12, ST14 y ST16) son a la fecha los reportados en humanos, mientras que los diecisiete restantes se han reportado en animales. En Colombia, *Blastocystis* sp. se ha reportado en población general con una frecuencia aproximada del 57 %, siendo ST1 el más frecuente, seguido de ST3.

Materiales y métodos: La detección y la caracterización molecular se hicieron con una muestra de materia fecal procesada por las técnicas convencionales de examen coprológico directo, concentración y cultivo en medio Jones. Los análisis moleculares se realizaron por PCR (gen *ssu rRNA*), secuenciación por Sanger y confirmación por masiva de nueva generación (NGS), usando la plataforma MiSeq.

Resultados: En un paciente masculino con antecedentes de sangre en heces, mediante el examen directo y con concentración, únicamente se identificaron formas de *Blastocystis* sp. y se logró su aislamiento en medio de cultivo. Las metodologías moleculares permitieron identificar el aislamiento como posible ST17 de *Blastocystis* sp., empleando la secuenciación por Sanger que fue luego confirmado por NGS. El porcentaje de similitud de la combinación de las secuencias obtenidas por ambos métodos (aproximadamente, 1.000 pb) indica que podría ser un nuevo subtipo dado que el porcentaje de similitud fue del 96,98 %.

Conclusiones: Los resultados preliminares de este hallazgo representan un potencial nuevo subtipo en humanos. Se está procediendo a la secuenciación con la plataforma MinION del fragmento completo del gen *ssuRNA*.

Palabras clave: *Blastocystis*, subtipo, zoonosis, *Next Generation Sequencing* (NGS)

T31 - Aproximaciones multiómicas para el desarrollo de pruebas diagnósticas para *Trypanosoma cruzi*

Juan Pablo Barón Vera, Laura Vanegas Torres, María Isabel Osorio Pulgarín, Mateo Velásquez, Juan David Ospina Villa, Miryan Margot Sánchez Jiménez

Instituto Colombiano de Medicina Tropical, ICMT-Universidad CES, Sabaneta, Antioquia, Colombia

Antecedentes: La enfermedad de Chagas afectó en el 2020 a aproximadamente 6 millones de personas en el mundo, según la OMS. Más del 90 % de las personas infectadas no son diagnosticadas a tiempo para recibir un tratamiento adecuado, debido a la poca disponibilidad de pruebas en las zonas endémicas y a la diferencia en los resultados dependiendo del país de fabricación de la prueba. En Colombia, según las recomendaciones del Instituto Nacional de Salud, se realizan hasta tres tipos diferentes de pruebas para lograr un correcto diagnóstico en la fase crónica.

Objetivo: Desarrollar pruebas serológicas usando, como antígenos, proteínas recombinantes obtenidas a partir de un aislamiento de *Trypanosoma cruzi* Tc1a en conjunto con el uso de aptámeros.

Materiales y métodos: Se realizó un análisis bioinformático del proteoma de *T. cruzi* CLBrenner en busca de las proteínas con mayor antigenicidad y mejor solubilidad; se produjeron proteínas recombinantes a partir de ADN del parásito; se purificaron proteínas, se diseñaron pruebas de tipo ELISA e inmunoblot. Asimismo, se desarrollaron pruebas basadas en aptámeros por medio de SELEX por contacto de librería específica con sueros positivos con títulos de anticuerpos altos, con sueros positivos con títulos bajos y un SELEX negativo.

Resultados: Se desarrollaron pruebas diagnósticas basadas en una cepa de *T. cruzi* presente en el país, con buena sensibilidad y especificidad.

Conclusiones: El desarrollo de esta prueba permitirá aumentar el acceso al diagnóstico de la enfermedad en zonas endémicas del país.

Palabras clave: Chagas, recombinantes, aptámeros, serología, ómicas

T32 - Integrative proteomic and metabolomic analysis reveals candidate biomarkers and metabolites disturbances in chronic Chagasic cardiomyopathy.

M. L. Díaz¹, R. Burchmore², K. Burgess³, L. E. Echeverría⁴, M. A. Gómez⁵, V. De los Ríos⁶, J. I. Casal⁶, C. I. González⁷

¹ Industrial University of Santander, Bucaramanga, Santander, Colombia

² Glasgow Polyomics, Glasgow University, Glasgow, Scotland, United Kingdom

³ School of Biological Sciences, University of Edinburgh, Edinburgh, Scotland, United Kingdom

⁴ Cardiovascular Foundation of Colombia, Bucaramanga, Santander, Colombia

⁵ International Center for Medical Training and Research, Cali, Colombia

⁶ Biological Research Center, CSIC, Madrid, Spain

⁷ Industrial University of Santander, Bucaramanga, Santander, Colombia

Background: Chronic chagasic cardiomyopathy is the most important clinical form of Chagas disease. Pathogenesis of the disease is complex and multifactorial involving many interactive pathways. However, molecular changes associated with this disorder and their relationship with the structure and function of the cardiac muscle remain largely unknown.

Aim: To perform an integrated analysis of the proteomic and metabolomic profile of the myocardium in patients with chronic chagasic cardiomyopathy and dilated cardiomyopathy of another etiology.

Methods: We studied the proteome and metabolome of cardiac tissue of explants from patients with chronic chagasic cardiomyopathy and non-chagasic dilated cardiomyopathy. We used an approach of quantitative proteomics based on TMT-labeled LC-MS/MS to identify the protein expression profiles in control and failing hearts. Ingenuity pathway analysis was conducted to integrate underlying relationships among differentially expressed proteins and metabolites.

Results: Forty-five proteins were differentially expressed between chronic chagasic cardiomyopathy and non-chagasic dilated cardiomyopathy (p adj <0.05). Thirty canonical pathways were found to be enriched by ingenuity pathway analysis system; among them, activation of RhoA signaling, actin cytoskeleton signaling, L carnitine biosynthesis, Nrf2 mediated oxidative stress response, and tryptophan degradation. Likewise, interaction in ingenuity pathway analysis revealed 5 potential transcriptional regulators (AKT, NF κ B, VEGF, ERK, and P38) and identified 3 up-regulators associated with the pathology.

Conclusion: Collectively, this study reveals complex crosstalk between cells of the immunological system, the myocardial parenchyma, and metabolic pathways which likely determines the fate of the inflammatory process of cardiac tissue during chronic chagasic cardiomyopathy. Our study provides novel insights into the underlying mechanisms of the disease and may help identify potential targets for novel drugs.

Keywords: Chagas disease, proteomics, metabolomics, cardiomyopathy, and kynurenine.

T33 - Cambios transcripcionales durante la metacicloogénesis de *Trypanosoma cruzi*

Paola García Huertas, Yesid Cuesta-Astroz, Valentina Araque, Nora Cardona-Castro
Instituto Colombiano de Medicina Tropical (ICMT) - Universidad CES

Introducción: El parásito *Trypanosoma cruzi* sufre diferentes cambios en su ciclo de vida, entre ellos, el paso de epimastigotes a tripomastigotes metacíclicos, conocido como metacicloogénesis. En este proceso de diferenciación, el parásito adquiere su capacidad para infectar al humano.

Objetivo: Analizar el transcriptoma de epimastigotes y tripomastigotes metacíclicos, con el fin de identificar variaciones en la expresión de genes durante el proceso de metacicloogénesis de *T. cruzi*.

Materiales y métodos: La inducción de la metacicloogénesis se realizó *in vitro* para obtener los tripomastigotes metacíclicos a partir de un cultivo de epimastigotes. La extracción de ARN total de epimastigotes y tripomastigotes metacíclicos se realizó en triplicado y se secuenció el ARNm con Illumina/NovaSeq PE150. El análisis de calidad de las secuencias se realizó con FASTQC y las bases de baja calidad y adaptadores se eliminaron con Trimmomatic. El mapeo del genoma de referencia se realizó con Bowtie2 y, el análisis de expresión diferencial, con DESeq2. Finalmente, se hizo un análisis de ontología de genes usando Tritypdb y KEGG.

Resultados: El RNA-Seq permitió identificar 17.120 genes totales en *T. cruzi*. Se encontraron 513 genes diferencialmente expresados en tripomastigotes metacíclicos, de ellos, 221 estaban sobreexpresados y 292 subexpresados. Los análisis mostraron que estos genes pueden estar participando en procesos relacionados con regulación de la expresión génica, capacidad infecciosa, división celular y replicación de ADN, diferenciación y citoesqueleto, metabolismo, transporte y estrés oxidativo.

Conclusión: Los resultados obtenidos en este trabajo generan nuevo conocimiento sobre la biología de *T. cruzi*, aplicado a entender procesos de infección, diferenciación e interacción parásito-huésped.

Palabras claves: *Trypanosoma cruzi*, metacicloogénesis, infectividad, transcriptoma, secuenciación

T34 - Ensamblaje del genoma nuclear y mitocondrial (kDNA) de una cepa colombiana de *Trypanosoma cruzi* I (Tcl) procedente del departamento del Tolima, empleando lecturas largas como herramienta para el análisis de variabilidad genética y evolución

María Camila Hoyos Sánchez, Hader Sebastián Ospina Zapata, Brayhan Darío Suárez, Aura María Rodríguez, Valentina Herrera Sánchez, Carlos Mario Ospina, Hamilton Julián Barbosa, Julio César Carranza Martínez, Gustavo Adolfo Vallejo, María Clara Echeverry, Daniel A. Urrea, Jorge Duitama

Universidad del Tolima

Antecedentes: La enfermedad de Chagas es causada por el parásito protozoo *Trypanosoma cruzi* y a nivel global se estima que el parásito afecta alrededor de 7 millones de personas. *Trypanosoma cruzi* tiene una amplia diversidad genética y está dividido en siete DTU (Tcl/TcVI & TcBat). Tcl es la DTU más abundante en Colombia; sin embargo, existe un gran desconocimiento acerca del genoma nuclear y mitocondrial de este parásito debido a su complejidad y a que la mayoría de los genomas reportados se han logrado con tecnologías de secuenciación basada en *reads* cortos. Además, para el departamento del Tolima –zona endémica de la enfermedad, no existen genomas de referencia que ayuden en el estudio evolutivo y genómico del parásito.

Materiales y métodos: Se utilizó una cepa procedente de la zona rural del municipio de Coyaima, Tolima, aislada del reservorio natural *Didelphis marsupialis*, la cual se secuenció por tecnología PacBio Hifi 100X. Se ensambló un genoma usando cuatro *softwares de novo* diferentes, se anotaron los genes y se realizó la búsqueda de los maxicírculos y minicírculos del ADNk.

Resultados: Se obtuvo un ensamblaje de referencia de ~42 Mb con 313 contigs sin duplicaciones en genes conservados; en estos contigs se observó una molécula con un tamaño de 47.166 pb correspondiente al maxicírculo, a la cual se le verificó su naturaleza circular y región repetitiva.

Conclusiones: En este trabajo se presenta un genoma de referencia de *T. cruzi* y se realiza el primer reporte de genomas mitocondriales de una cepa aislada del sur del Tolima.

Palabras clave: kDNA, maxicírculos, minicírculos, región divergente, genoma de referencia

T35 - Puntuación de riesgo poligénico para la predicción del desarrollo de cardiomiopatía chagásica crónica

Mayra Alejandra Jaimes¹, Gonzalo Borrego-Yaniz², Gonzalo Villanueva-Martín², Clara Isabel González¹, Javier Martín², Marialbert Acosta-Herrera²

¹ Universidad Industrial de Santander, Santander, Colombia

² Instituto de Parasitología y Biomedicina López-Neyra, Granada, España

Antecedentes: Los mecanismos moleculares de la enfermedad de Chagas y la razón por la cual del 30 al 40 %, aproximadamente, de los pacientes infectados desarrollan la cardiomiopatía chagásica crónica, aún no están totalmente esclarecidos. Los estudios de asociación del genoma completo (GWAS) han permitido identificar marcadores en el genoma como factores de riesgo de padecer enfermedades complejas. Además, las puntuaciones de riesgo poligénico (PRS) derivadas, han demostrado con éxito la capacidad para identificar a los individuos con gran riesgo de desarrollar estas enfermedades.

Objetivo: Evaluar el rendimiento las puntuaciones de riesgo poligénico en la predicción del riesgo para el desarrollo de cardiomiopatía chagásica crónica.

Materiales y métodos: Los efectos alélicos se obtuvieron del GWAS publicado con mayor número de muestras para la cardiomiopatía chagásica crónica hasta la fecha en población colombiana (517 pacientes con cardiomiopatía chagásica crónica y 386 individuos asintomáticos).

Las puntuaciones de riesgo poligénico obtuvieron bajo un modelo aditivo en una cohorte independiente no emparentada de 52 individuos con cardiomiopatía chagásica crónica y 39 individuos asintomáticos. Se incluyeron en el modelo parámetros demográficos y los primeros diez componentes principales.

Resultados: La puntuación de riesgo poligénico con mejor rendimiento incluyó 20 polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) y categorizó a los pacientes entre individuos con cardiomiopatía chagásica crónica y asintomáticos (área bajo la curva, AUC=0,793). La inclusión de los parámetros demográficos en el modelo de PRS aumentó el valor de significancia ($p=4,0 \times 10^{-4}$), manteniendo el rendimiento del modelo.

Conclusión: En este trabajo se describe por primera vez la predicción del riesgo para el desarrollo de cardiomiopatía chagásica crónica, confirmando el potencial de la PRS para apoyar el diagnóstico temprano y diferencial en la fase crónica de la enfermedad.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, cardiomiopatía chagásica crónica, genética, GWAS, PRS

T36 - Microbioma intestinal de pacientes con espondiloartritis, colonizados y no colonizados por *Blastocystis* spp.

C. Nieto-Clavijo¹, L. Morales¹, R. A. Márquez-Ortiz², C. Romero-Sánchez^{3,4}, A. Ramos-Casallas³, J. Escobar-Pérez², W. Bautista-Molano^{3,4}, J. Chaparro-Olaya¹

¹Laboratorio de Parasitología Molecular, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque

²Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque

³Grupo de Inmunología Celular y Molecular, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque

⁴Hospital Militar Central, Servicio de Reumatología e Inmunología/Grupo de Inmunología Clínica Aplicada/UMNG

Antecedentes: Algunos estudios asocian la presencia de *Blastocystis* spp. con disbiosis intestinal o alteraciones cutáneas, mientras que otros lo hacen con microbiomas intestinales de estados saludables. La disbiosis intestinal ha sido vinculada con la patogenia de un grupo de enfermedades sistémicas inflamatorias crónicas, conocidas como espondiloartritis.

Objetivo: Establecer si hay diferencias en el microbioma intestinal de individuos con diagnóstico de espondiloartritis, colonizados y no colonizados con *Blastocystis* spp.

Materiales y métodos: Muestras de materia fecal de pacientes con espondiloartritis (n=30) y de individuos sanos (n=11), se sometieron a examen coprológico directo, concentrado y Kato-Katz. Se extrajeron ADN para hacer diagnóstico por PCR para *Blastocystis* spp., *Giardia* spp., *Entamoeba histolytica* y *Cryptosporidium* spp., y para análisis de microbioma bacteriano por secuenciación del gen 16S rRNA.

Resultados: Solo 37 muestras fueron usadas para análisis de microbioma: 5 de individuos control colonizados con *Blastocystis* (C/Blas+), 5 de controles no colonizados (C/Blas-), 18 de pacientes con espondiloartritis colonizados (EspA/Blas+) y 9 de pacientes con espondiloartritis no colonizados (EspA/Blas-).

Las cuatro muestras restantes se excluyeron por presentar protozoos patógenos. El microbioma presentó aumento significativo en riqueza y diversidad bacteriana del grupo C/Blas+, versus C/Blas-. La comparación taxonómica reveló que para C/Blas+, versus C/Blas-, hubo mayor abundancia de Bacteroidetes, Bacteroida, Bacteroidales y *Bifidobacterium adolescentis*, y disminución de *Streptococcus*. En el grupo EspA/Blas+, versus EspA/Blas-, se observó mayor abundancia de Paraprevotellaceae y del género *CF231*, y disminución del orden Actinomycetales y del género *Streptococcus*.

Conclusiones: Los resultados respaldan la hipótesis de que, en individuos sanos, *Blastocystis* spp. es un marcador de eubiosis bacteriana intestinal. Sin embargo, esta "asociación saludable" no se observó en pacientes-EspA.

Palabras clave: microbioma, espondiloartritis, *Blastocystis*, eubiosis, NGS (*Next Generation Sequencing*)

T37 - Mistic una herramienta para el estudio de proteínas de membrana: evaluación de dos candidatos a transportadores de NAD en *Leishmania braziliensis*

Sharon Eliana Villamil-Silva, María Helena Ramírez-Hernández

Laboratorio de Investigaciones Básicas en Bioquímica (LIBBIQ), Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia

Antecedentes: En la búsqueda de posibles blancos de control para parasitemias de gran incidencia en el país, como la leishmaniasis, el estudio del metabolismo del dinucleótido de nicotinamida y adenina (NAD) se ha destacado, especialmente en cuanto a sus procesos de transporte y las proteínas involucradas; sin embargo, la expresión de estas moléculas en sistemas heterólogos como *Escherichia coli*, posee múltiples dificultades (mayor costo energético, bajas tasas de expresión y toxicidad, entre otras).

Métodos: En respuesta a este problema, se empleó Mistic (*Membrane Integrating Sequence for Translation of Integral Membrane Protein Constructs*), la cual corresponde a una etiqueta (13 kDa) que, fusionada en el extremo N terminal de la proteína de interés, dirige e inserta esta en la membrana plasmática de *E. coli*. Con el fin de caracterizar dos nuevos transportadores de NAD de *Leishmania braziliensis*, se generaron proteínas fusión para implementar pruebas de transporte *in vivo*.

Resultados: A partir de ADN genómico de *L. braziliensis*, fueron amplificados y clonados en el vector pETx28MISTIC, dos transportadores de NAD (LbNDT2 y 3). Las proteínas fusión Mistic-LbNDT2-6xHis (53kDa) y Mistic-LbNDT3-6xHis (50kDa), se obtuvieron en el sistema *E. coli* BI21DE3. Se llevaron a cabo pruebas de transporte *in vivo* en procariontes con los transportadores, empleando como controles los ortólogos, previamente identificados, de *Saccharomyces cerevisiae* (ScNDT1) y *Arabidopsis thaliana* (AtNDT2).

Conclusión: La capacidad de transporte de NAD de las proteínas ScNDT1 y AtNDT2, fue corroborada mediante estas pruebas gracias a la fusión de Mistic, herramienta que representa una alternativa novedosa e interesante en el estudio de este tipo de moléculas.

Palabras clave: proteína fusión, mistic, *Leishmania*, NAD, transportadores

T41 - *Blastocystis* de subtipo 3 es el protista entérico más frecuente en pacientes con manifestaciones gastrointestinales en Medellín.

Miguel A. Toro-Londoño¹, Carolina Hernández-Castro^{1,2}, Sonia del Pilar Agudelo López¹, Jorge Humberto Botero Garcés¹, María Cenelia Orozco Peláez¹, Yulieth Catherine Quintero Quinchía¹, Juan Camilo Correa Cote³, Alejandro Múnera Duque⁴, Pamela C. Köster², Jenny G. Maloney⁵, Mónica Santin⁵, David Carmena Jiménez²

¹ Facultad de Medicina, Corporación Académica para el Estudio de Patologías Tropicales, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Laboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología, Instituto de Salud Carlos III, Majadahonda, España

³ Clínica Medellín de Occidente, Medellín, Colombia

⁴ Institución Prestadora de Servicios de Salud "Hospital Alma Mater de Antioquia" y Clínica Medellín de Occidente, Medellín, Colombia

⁵ Environmental Microbial and Food Safety Laboratory, Agricultural Research Service, United States Department of Agriculture, Beltsville, MD, USA

Antecedentes: *Blastocystis* sp. es un protista intestinal con una amplia distribución geográfica, estimándose más de mil millones de personas colonizadas en el mundo. Actualmente, se reconocen 30 subtipos asociados a diversos huéspedes y aún se discute su potencial patógeno. En Colombia, se desconoce la diversidad y frecuencia de los subtipos de *Blastocystis* sp. en personas con manifestaciones gastrointestinales.

Materiales y métodos: En este estudio observacional descriptivo y de corte transversal, se recolectaron muestras de materia fecal de pacientes de la ciudad de Medellín con sintomatología gastrointestinal y una colonoscopia. La presencia de *Blastocystis* sp. y otros protistas entéricos se determinó mediante técnicas convencionales y moleculares, incluyendo el método de secuenciación de Sanger. Para resolver las infecciones mixtas, se empleó la técnica de *Next Generation Sequencing* usando la plataforma MiSeq.

Resultados: En los 84 pacientes incluidos en el estudio, *Blastocystis* sp. fue el protista más frecuente (33 %), seguido de amebas comensales (15 %) y *Giardia duodenalis* (7 %). Para *Blastocystis* sp., se encontró que ST3 era el subtipo más prevalente (64 %), seguido por el ST1 (32 %) y las infecciones mixtas (ST1+ST3; ST2+ST3; ST1+ST3+ST10+ST14+ST30 y ST1+ST10) (25 %). Para *G. duodenalis* se encontró el subensamblaje BIV.

Conclusión: Estos resultados preliminares evidencian que el ST3 de *Blastocystis* sp., es el más frecuente en la población de estudio, lo que podría sugerir una posible asociación de este subtipo con las manifestaciones gastrointestinales; de ahí la importancia de poder comparar estos datos con los de población sin sintomatología. Además, se resalta que un 25 % de la población de estudio tiene infecciones mixtas.

Palabras clave: *Blastocystis*, *Giardia*, cáncer colorrectal, subtipificación, gastrointestinal

T42 - Aspectos clínicos y epidemiológicos de la enfermedad de Chagas aguda en Casanare, Colombia, 2012-2020

Claudia Yaneth Rincón-Acevedo¹, Andrea Stella Parada-García¹, Mario Javier Olivera¹, Fernando Torres-Torres³, Liliana Patricia Zuleta-Dueñas³, Carolina Hernández², Juan David Ramírez^{2,4}

¹ Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

² Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología-UR (CIMBIUR), Facultad de Ciencias Naturales, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

³ Secretaría de Salud de Casanare, Casanare, Colombia

⁴ Molecular Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell-based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA

Antecedentes: La enfermedad de Chagas afecta a más de 437.000 habitantes, principalmente en Casanare, una región endémica con características ecoepidemiológicas que favorecen su transmisión.

Objetivo: Describir las características clínico-epidemiológicas de los casos de enfermedad aguda de Chagas en Casanare en el período 2012-2020.

Materiales y métodos: Se revisaron 103 historias clínicas de casos confirmados de enfermedad aguda de Chagas. La incidencia y la mortalidad departamentales y nacionales se compararon por año; se revisaron los datos climatológicos por año con respecto al número de casos de enfermedad aguda de Chagas por mes y se comparó con la frecuencia de triatominos recolectados en casas infestadas. Se compararon síntomas y signos según la vía de transmisión, las complicaciones y los grupos de edad.

Resultados: La incidencia fue de 3,16 casos por 100.000 habitantes y la tasa de letalidad fue del 20 % en el período de estudio. Hubo diferencias significativas en la frecuencia de mialgia, dolor abdominal y edema periorbitario en la transmisión oral Vs. la transmisión vectorial ($p < 0,05$). Las principales complicaciones fueron derrame pericárdico, miocarditis e insuficiencia cardíaca en el grupo de mayores de 18 años. Se evidenció un aumento en el número de casos de enfermedad aguda de Chagas en el mes de marzo, período en el que aumentan las precipitaciones por el inicio de la temporada de lluvias.

Conclusiones: Los resultados corroboran la heterogeneidad sintomática de la fase aguda de la enfermedad de Chagas, la cual retrasa el tratamiento. En las regiones endémicas, se deben fortalecer la capacidad diagnóstica y los programas de detección y vigilancia, así como las políticas intersectoriales de salud pública.

Palabras clave: *Trypanosoma cruzi*, enfermedad aguda de Chagas, DTU, brotes, Casanare, Colombia

T43 - Frecuencia y resultados clínicos de la malaria asociada al embarazo: análisis de mujeres gestantes, placentas y neonatos en el noroeste colombiano

Jaiberth Antonio Cardona-Arias¹, Jaime Carmona-Fonseca²

¹ Universidad de Antioquia

² Grupo de investigación Salud y Comunidad "César Uribe Piedrahíta," Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia

Antecedentes: En la literatura científica mundial existen pocos estudios sobre malaria asociada al embarazo que analicen simultáneamente a la mujer gestante, su placenta y al recién nacido.

Objetivo: Determinar la frecuencia de malaria asociada al embarazo (gestacional, placentaria y congénita) y sus resultados clínicos en el noroeste colombiano.

Materiales y métodos: Es un estudio observacional con 431 trinomios mujer gestante-placenta-neonato analizados con gota gruesa y qPCR. Los análisis se basaron en frecuencias, ji al cuadrado, t de Student y razones de prevalencia.

Resultados: Según la gota gruesa, la frecuencia de malaria gestacional fue 4,6 %, la de malaria placentaria fue 1,4% y no se presentó malaria congénita (0 %); hubo predominio de *P. vivax*; según la qPCR, las frecuencias fueron de 22,3 %, 24,8 % y 11,8 %, respectivamente (proporción similar de *P. vivax* y *P. falciparum* en la gestacional y la placentaria, y predominio de *P. falciparum* en la congénita). El número de partos y el antecedente de malaria previa, fueron factores relacionados con la malaria asociada al embarazo. Los principales efectos clínicos fueron anemia gestacional, bajo peso al nacer y puntaje Apgar anormal.

Conclusiones: La región presenta una gran prevalencia de malaria asociada al embarazo, lo que evidencia deficiencias en el tratamiento, control y seguimiento de casos entre las gestantes. La prevalencia fue mayor en nulíparas y mujeres con paludismo previo, lo que permite consolidar hipótesis para estudios etiológicos posteriores. La magnitud de las infecciones y sus factores de riesgo no se detectaron con TBS, porque casi todos los casos fueron submicroscópicos, lo que confirma la importancia de mejorar la detección de casos con pruebas moleculares. La malaria placentaria produjo anemia gestacional, bajo peso al nacer y puntaje Apgar anormal, lo que demuestra sus graves efectos sobre la salud materna y neonatal.

Palabras clave: malaria, gestación, placenta, neonato

T44 - Malaria, anemia y estado nutricional en niños menores de cinco años beneficiarios de un proyecto del Fondo Europeo para la Paz en Colombia

Jacqueline Chaparro-Olaya¹, Diana Carolina Rojas Ramos², Liliانا Morales¹, Wendy Stefany Buitrago Pérez², Nayara Tamayo-Fonseca², Linda Lizeth Morales Ardila², Paula Hernández¹, Caroline Merle⁴

¹ Universidad El Bosque, Vicerrectoría de Investigaciones, Laboratorio de Parasitología Molecular, Bogotá, D.C., Colombia

² Fundación Acción contra el Hambre, Colombia; Caminemos Territorios Sostenibles

³ Universidad Miguel Hernández, España

⁴ ONF Andinam Colombia

Antecedentes: El Fondo Europeo para la Paz apoya iniciativas para que los excombatientes y las comunidades de acogida consoliden la paz y se desarrollen económica y socialmente. El proyecto “Caminemos Territorios Sostenibles” contribuye al mejoramiento de las condiciones de vida de la población rural del departamento del Guaviare, epicentro histórico del conflicto armado.

Objetivos: Evaluar el estado nutricional, grado de anemia e infección con *Plasmodium* spp., en niños pertenecientes a familias beneficiarias del proyecto “Caminemos Territorios Sostenibles”.

Métodos: Se hicieron dos intervenciones (enero-agosto, 2020) en el área rural de El Retorno y San José del Guaviare. Se hizo una encuesta CAP (salud-nutrición-malaria) y, además, clasificación nutricional, recolección de muestras de sangre, cuantificación de hemoglobina y diagnóstico de malaria.

Resultados: En enero, hubo 32 (41 %) niños con anemia leve o moderada y 46 (59 %) sin anemia. En agosto, después de la intervención, 81,5 % de los niños con algún tipo de anemia cambió su estatus a “sin anemia”, 11 % pasó de anemia moderada a anemia leve y 7,5 % se mantuvo en anemia leve. Seis niños ubicados en desnutrición aguda moderada, riesgo de desnutrición aguda y riesgo de sobrepeso, en enero, cambiaron su estatus a “peso adecuado para la talla” en agosto. De las 178 muestras recolectadas, solo una fue positiva para *P. falciparum*.

Conclusiones: Los conocimientos y prácticas de la población sobre malaria y el aislamiento por la pandemia posiblemente contribuyeron a la baja prevalencia de la enfermedad (0,56 %). La anemia debe reconocerse como problema de salud pública e incluirse en los planes de desarrollo departamental.

Palabras clave: Guaviare, malaria, anemia, primera infancia, conflicto armado

T45 - Sífilis gestacional en población migrante notificada al sistema de vigilancia de Colombia (2017-2019)

Soraya Salas Romero¹, José Fuertes Bucheli², Claudia Mata Hernández³

¹ Corporación Universitaria Rafael Nuñez

² Universidad ISECI

³ Universidad de Puebla

Antecedentes: La sífilis gestacional representa un problema de salud pública y no se limita por fronteras. La detección temprana y el tratamiento oportuno pueden prevenir la transmisión de madre a hijo; sin embargo, la población migrante puede verse especialmente afectada por esta enfermedad debido a la falta de acceso a la atención en salud. Dado que durante los últimos años Colombia ha sido receptor de flujos migratorios provenientes de diversos países, se hace necesario comprender el comportamiento epidemiológico como punto de partida para la implementación de estrategias de prevención y control.

Métodos: Es un estudio descriptivo y retrospectivo sobre 2.176 pacientes notificados al sistema de vigilancia entre 2017-2019. Se estimaron frecuencias, medidas de tendencia central y la prevalencia.

Resultados: El 86,58 % de los casos de sífilis gestacional en población migrante fueron notificados en 2019; en ese mismo año, se registra una prevalencia de 157,4 casos por 1.000 nacidos vivos más mortinatos. El 90,57 % no estaban afiliadas al régimen de salud colombiano y el 48,39 % de los casos fueron diagnosticados después de la semana 28 de gestación. El 89,34 % de las mujeres gestantes recibió, al menos, una dosis de penicilina, mientras que solo el 40,49 % de las parejas sexuales recibió tratamiento.

Conclusiones: La prevalencia de sífilis gestacional en la población migrante registra una tendencia creciente durante el periodo evaluado; se evidenciaron escasa afiliación al régimen de salud, diagnóstico tardío y poca cobertura de tratamiento de las parejas sexuales. Por tanto, se requiere implementar estrategias de abordaje integral.

Palabras clave: migrantes, embarazo, infecciones por *Treponema*, sífilis, enfermedades de transmisión sexual

T46 - Factores asociados al dengue con signos de alarma y grave en los municipios de Turbo y Apartadó, 2020-2022

Yuris Esther Ortega Díaz¹, Berta Nelly Restrepo Jaramillo², Margarita Arboleda Naranjo², Luis Alberto Rivera Pedrozo^{2,3}, Paola Astrid Ríos Tapia^{2,3}, Miryam Margoth Sánchez², Ángela María Segura¹, Katerine Marín Velásquez²

¹ Universidad CES

² Instituto Colombiano de Medicina Tropical ICMT-CES, Colombia

³ Fundación Universitaria Área Andina

Antecedentes: El dengue sigue generando un gran impacto en la salud pública de Colombia a pesar de los esfuerzos de diversas entidades. La zona de Urabá es la que más casos aporta al departamento de Antioquia, por lo que es importante determinar los factores asociados con las formas graves de dengue (con signos de alarma y el grave) en los municipios de Turbo y Apartadó, 2020-2022.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio observacional, prospectivo y de seguimiento a una cohorte. Se capturaron 173 pacientes con dengue confirmados mediante métodos directos (ELISA NS1- RT-PCR) e indirectos (prueba rápida, ELISA IgM e IgG), en los municipios de Turbo y Apartadó, Antioquia, entre septiembre del 2020 y junio del 2022.

Resultados: De los pacientes incluidos, el 89,6 % cursó con infección secundaria y el 60 % presentó una forma grave de dengue (con signos de alarma o el grave). Predominó el sexo masculino, con 56,1 % de los casos, y el 84,4 % de los pacientes eran menores de 18 años. Se identificaron los serotipos DENV-1, 2 y 4, y el DENV-1 fue el de mayor frecuencia. Se encontró significancia estadística con: síntomas gastrointestinales (OR=6,11; IC=1,88-19,92; p=0,001), resaltando vómitos, dolor abdominal (no necesariamente frecuentes, intensos o continuos); signos hemorrágicos (OR=12,54; IC=5,53-28,46; p=0,000), de forma importante la presencia de petequias y prueba del torniquete positiva (no caracterizadas como signos de alarma); leucopenia (OR=3,46; IC=1,57-7,65; p=0,002), y trombocitopenia (OR=11,73; IC=4,86-28,31; p=0,000). Dichos resultados son preliminares.

Conclusión: Los síntomas gastrointestinales y hemorrágicos, así como la leucopenia y la trombocitopenia, se identificaron como factores asociados al desarrollo de formas graves de dengue, haciéndose indispensable su vigilancia para el buen seguimiento de los casos, los cuales podrían alertar sobre una evolución desfavorable.

Palabras clave: dengue; dengue grave; infección secundaria, factor de riesgo

T47 - Asociación entre hallazgos electrocardiográficos y deterioro de la función cardíaca en adultos con infección crónica por *Trypanosoma cruzi*

Juan Carlos Villar¹, Ángela María Torres², Eliana Váquiro-Herrera¹, Luis David Sáenz¹

¹ Departamento de Investigaciones, Fundación Cardioinfantil - Instituto de Cardiología, Bogotá, D.C., Colombia

² Departamento de Cardiología, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes: La evolución hacia cardiomiopatía chagásica crónica en población con serología positiva para *T. cruzi* requiere décadas. Este riesgo es más comúnmente estratificado buscando anomalías electrocardiográficas.

Objetivo: Explorar la asociación entre anomalías electrocardiográficas y deterioro de la función cardíaca a cuatro años en personas con serología positiva.

Materiales y métodos: Se realizó un análisis de mediciones en línea de base (LB) y 4 años (4A) después, en donantes de sangre de la cohorte Chicamocha con serología positiva o negativa, en Bucaramanga, Colombia. Se evaluó la asociación entre anomalías electrocardiográficas predefinidas, incluyendo las extrasístoles ventriculares (ESV) en 20 minutos con a) disfunción ventricular (en forma transversal) en LB/4A, y b) deterioro de la función cardíaca (en forma longitudinal).

Resultados: En 388/196 participantes se identificaron diferencias entre aquellos con serología positiva y aquellos con serología negativa, en mediciones transversales en diámetro diastólico del ventrículo izquierdo (VI) (LB/4A) y de su masa (4A). Se identificó disfunción ventricular en 16,4 % (LB) y 18,7 % (4A) de los aquellos con serología positiva. Las extrasístoles ventriculares se asociaron significativamente ($p < 0,05$) con disfunción ventricular en LB. Otras anomalías electrocardiográficas fueron más frecuentes en (LB/4A), pero no estadísticamente diferentes en aquellos con serología positiva con disfunción ventricular o sin ella. Se encontró deterioro en 12 (3,7 %) (IC95% 1,9-6,5 %) de 317 con serología positiva sin disfunción ventricular en LB.

Conclusiones: En este estudio, no se evidenció asociación entre las anomalías electrocardiográficas y el deterioro a cuatro años. Se requiere contar con un resultado intermedio, validado como sustituto de enfermedad clínica, para guiar la atención, evaluar el pronóstico y orientar la definición de los resultados de pruebas clínicas en pacientes en riesgo de avanzar a cardiomiopatía chagásica crónica.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, infección por *T. cruzi*, electrocardiograma, cardiomiopatía chagásica, disfunción ventricular

T51 - Estratificación y focalización de la leishmaniasis visceral, Neiva, Colombia, 2021

Juan Miguel Medina Montano¹, Juan David López Coronado¹, Mauricio Javier Vera Soto²

¹ Secretaría de Salud Municipal de Neiva

² Ministerio de Salud y Protección Social

Antecedentes: El municipio de Neiva, Huila, se encuentra ubicado en una zona de bosque seco tropical sobre el valle del río Magdalena. Desde el 2009, se ha observado persistencia en la transmisión de leishmaniasis visceral, tanto del área rural como de la periurbana.

Objetivos: Realizar la estratificación del riesgo y la focalización, para orientar el plan de eliminación de la leishmaniasis visceral.

Materiales y métodos: Se desarrolló la metodología establecida por la OPS, estratificando el 100 % de áreas y ajustada: I) Se crearon cuadrantes de 200 metros, que permitieran establecer los puntos por intervenir según los criterios paisajísticos. II) Se seleccionaron viviendas separadas mínimo 50 metros que cumplieran con las condiciones ecoepidemiológicas ideales para la presencia y abundancia del vector mediante la captura con trampas CDC y posterior identificación de especies según las claves taxonómicas de Young y Duncan. III) La circulación parasitaria se evaluó con el diagnóstico serológico de la prueba RK39 Kalazar en reservorios caninos.

Resultados: La prevalencia en perros fue de 5 % (n=111), y los valores superiores fueron de 13, 8 y 3 %, en las comunas 2, 9 y 10, respectivamente. Simultáneamente, se lograron el registro y la identificación taxonómica del vector *Lutzomyia longipalpis*. Se estableció que el 42,6, el 35,8, el 6,4 y el 11,4 % de áreas del municipio, están ubicadas en los estratos de riesgo 1, 2, 3 y 4, respectivamente.

Conclusiones: Existe gran riesgo de urbanización de la leishmaniasis visceral, producto de la construcción en áreas periurbanas. En el presente estudio se identificaron las áreas en las cuales se deben iniciar las intervenciones y sostener la vigilancia con miras a su eliminación como problema de salud pública.

Palabras clave: leishmaniasis visceral, epidemiología, transmisión, prevención y control

T52 - ¿Cuál es la contribución de la Región Caribe colombiana a la carga nacional de malaria?

Luis Acuña-Cantillo^{1,3}, Mario J. Olivera^{2,3}, Julio César Padilla-Rodríguez³

¹Grupo de Entomología, Instituto Nacional de Salud de Colombia, Bogotá D.C., Colombia.

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

³Red de Gestión de Conocimiento, Investigación e Innovación en Malaria, Bogotá D.C., Colombia.

Antecedentes: La malaria es un evento histórico prioritario de salud pública en Colombia. La distribución de la transmisión es endemoepidémica, variable y heterogénea, entre las regiones y dentro de ellas mismas. La Región del Pacífico y Urabá aportan cerca del 80 % de la carga nacional. Se considera que en la Región Caribe no representa un problema de salud pública, pero son pocas las evidencias que soportan esto.

Objetivos: Establecer la contribución de la carga acumulada de malaria en la Región Caribe colombiana entre 1950 y 2019.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo y retrospectivo, a partir de la casuística de malaria de 1950 a 2019 suministrada por el Ministerio de Salud y Protección Social. Se utilizaron variables de persona, lugar y tiempo. Se elaboraron medidas de frecuencia absoluta y relativa, y se hizo un análisis con estadística descriptiva.

Resultados: La contribución del Caribe a la carga de malaria del país entre 1950 y 2019 fue de 4,8 % (264.512/5.549.826 casos). La década que más contribuyó fue la de los 50 con el 15,3 % y la que menos aportó fue la de los 90 con el 2 %. *Plasmodium vivax* contribuyó con el 60,6 % de la carga por especie (160.166 casos/264.512 casos) en el periodo. El 69,1 % de la carga por departamento, la aportó Bolívar (43,7 %) y Magdalena (25,4 %). Durante 2010-2019, los menores de 30 años aportaron cerca del 76 % (17.802/23.517 casos). Entre estos, los menores de 15 años y de 15 a 29 presentaron el 37 y el 38,9 % de la carga.

Conclusiones: Estos hallazgos demuestran la magnitud real del problema y aportan información contundente que facilitaría la planeación e implementación de planes, políticas y programas de eliminación efectivos en la región.

Palabras clave: carga, malaria, Caribe, Colombia, epidemiología

T53 - Retos para la implementación de las directrices de atención de dengue/2022 de la OPS en Colombia

Luisa Consuelo Rubiano¹, Dayana Montoya², Catalina Urrego², Katherine Monsalve³, Santiago Alberto Morales⁴, Paola Astrid Ríos Tapias¹, Katerina Marín¹, Margarita Arboleda¹

Instituto Colombiano de Medicina Tropical ICMT-CES

IPS Salud Darién

Maestría en Epidemiología, Universidad CES

Facultades de Psicología, Enfermería y Medicina, Universidad CES

Antecedentes: Las directrices para el diagnóstico clínico y el tratamiento del dengue, chikunguña y Zika de OPS/OMS 2022, se dirigen a los administradores de unidades de salud y a jefes de programas nacionales de prevención y control de enfermedades arbovirales.

Objetivo: Identificar retos para la implementación de directrices de atención de enfermedades arbovirales, percibidos por los académicos y referentes de salud pública del país.

Materiales y métodos: Es un estudio cualitativo con análisis de matrices de entrevistas semiestructuradas a referentes académicos y de salud pública (Ministerio de Salud y Protección Social, Instituto Nacional de Salud, facultades de Ciencias de la Salud).

Resultados: Los principales retos se resumen en: 1) adecuar las directrices en consonancia con la normatividad vigente, el proceso regulador y el administrativo; 2) reconocer cómo se elaboraron las directrices, basadas en evaluación por expertos y validadas mediante la medicina basada en la evidencia; 3) facilitar el acceso rápido; aprovechar las ventajas de las TIC en educación en salud, y permitir que los equipos de salud y la comunidad resuelvan dudas; 4) armonizar las recomendaciones en las diferentes fuentes de referencia: guías clínicas, protocolos de vigilancia en salud pública, fichas de notificación, rutas de atención, intervenciones comunitarias; 5) disponer de herramientas amigables para la prevención a nivel individual y comunitario, y 6) incorporar y apropiarse de los conceptos de comorbilidad, coinfección, enfoque pediátrico y geriátrico diferencial.

Conclusiones: La implementación de directrices sobre arbovirosis requiere un esfuerzo mancomunado entre los entes reguladores, los grupos de investigación, la academia, los equipos de salud pública y la comunidad, para construir mejor evidencia que refleje calidad en la atención de la población afectada.

Palabras clave: guías, directrices, dengue, arbovirosis

T54 - Fortalecimiento de las capacidades de detección, diagnóstico, tratamiento y prevención de los casos de dengue en municipios de Urabá, 2020-2022: protocolo de estudio

Margarita Arboleda¹, Dayana Montoya², Catalina Urrego², Katherine Monsalve³, Santiago Alberto Morales⁴, Paola Astrid Ríos Tapias¹, Berta Nelly Restrepo⁵, Wilber Adolfo Gómez⁵, Braulio Andrés Angulo⁶, Catalina Calle⁷, Ángela Segura⁸, Miriam Margoth Sánchez⁵, Dedsy Yahaira Berbesi⁹, Alejandra Bedoya⁶, Yenny Fernanda Castellar⁶, Luisa Consuelo Rubiano¹

¹ Instituto Colombiano de Medicina Tropical, ICMT-CES, Apartadó, Colombia

² IPS Salud Darién, Apartadó, Colombia

³ Universidad CES, Maestría en Epidemiología, Medellín, Colombia

⁴ Universidad CES, Facultades de Psicología, Enfermería y Medicina, Medellín, Colombia

⁵ Instituto Colombiano de Medicina Tropical, ICMT-CES, Sabaneta, Colombia

⁶ Fundación de Estudios Superiores Universitarios FESU, Apartadó, Colombia

⁷ Universidad CES, Educación virtual, Medellín, Colombia

⁸ Universidad CES, Escuela de Graduados, Medellín, Colombia

⁹ Universidad CES, Facultad de enfermería, Medellín, Colombia

Antecedentes: El dengue representa un problema de salud pública en la región de Urabá, donde se registra 3,5 veces la tasa de incidencia de Antioquia (205,5 Vs. 58,3 casos por 100.000 habitantes) y 41,6 % de la mortalidad (5/12), en 2018. Desde las unidades de análisis se identificaron demoras en la consulta y en la atención médica, y probable circulación de cepas virulentas.

Objetivo: Fortalecer las capacidades de diagnóstico, tratamiento y prevención del dengue, desde la apropiación social del conocimiento por parte de comunidades civiles y de salud de Urabá.

Materiales y métodos: Investigación de implementación con métodos cuantitativos y cualitativos en etapas tempranas (identificación de barreras y facilitadores), intermedias (diseño de programas que tengan en cuenta los hallazgos de la anterior fase) y tardías de la implementación del programa (evaluación de la efectividad de la intervención cocreada en cada componente). Para dar respuesta se desarrollan tres protocolos: 1) descripción del comportamiento clínico del dengue en las poblaciones en estudio; 2) desarrollo de un programa de apropiación para la atención de la población afectada por parte del personal de salud, y 3) abordaje educativo desde la investigación participativa basada en la comunidad. Cada uno de los protocolos busca resultados que respondan a cada una de las tres etapas, al evaluar: aceptabilidad, adopción, apropiación, factibilidad, fidelidad y cobertura de las intervenciones.

Discusión: Las directrices para la atención clínica, desactualizadas, y la ausencia de guías orientadoras para las comunidades, pueden generar falta de armonización entre la implementación de los programas y los hallazgos científicos sobre el manejo actualizado del dengue en forma integral.

Palabras clave: dengue, protocolo, investigación de implementación, apropiación social del conocimiento

T55 - Lepra en el departamento del Cesar, epidemiología y desafíos

Yulibeth Torres Pedrozo^{1,2}, Ximena Rodríguez Puerta¹, Pedro José Fragozo Castilla¹

¹ Universidad Popular del Cesar

² Secretaría de Salud Departamental

Introducción: La lepra, o enfermedad de Hansen, es una infección crónica causada por *Micobacterium leprae* y *Mycobacterium lepromatosis*. Afecta principalmente la piel y los nervios periféricos, y puede generar secuelas graves causadas por la pérdida de la sensibilidad, lo cual afecta la calidad de vida de quienes la padecen.

Objetivos: Describir la situación epidemiológica de la lepra en Valledupar, Cesar, Colombia, período 2017-2021, y analizar los desafíos existentes respecto al diagnóstico y la búsqueda activa.

Materiales y métodos: Es un estudio descriptivo transversal, basado en la información captada en el sistema de vigilancia nacional (Sivigila) y el Programa Departamental de Lepra.

Resultados: En el periodo analizado, se informaron al Sivigila 95 casos nuevos de lepra, de residentes en el departamento del Cesar; el 89,4 % (n=85) correspondió a casos nuevos y predominó el diagnóstico de lepra de tipo multibacilar, 87 % (74/85). El rango de edad de los casos afectados fue de 14 a 83 años con una distribución uniforme. En el 40 % (34/85), se detectó algún grado de discapacidad y el 75,2 % (n=64) se encontraba afiliado al régimen subsidiado. En municipios como San Martín, Agustín Codazzi, Becerril, Curumaní y Gamarra, hubo prevalencias de lepra mayores de 1 por 10.000 habitantes.

Conclusiones: La lepra continúa siendo un problema de salud pública. Es necesario fortalecer las acciones en los municipios que mantienen prevalencias por encima de la meta. El predominio de la lepra multibacilar favorece las posibilidades de contagio. Los desafíos actuales para la prevención y el control de la lepra son el diagnóstico oportuno y la disminución de los casos con discapacidad, enfocando la atención en poblaciones vulnerables.

Palabras clave: lepra, enfermedades desatendidas, discapacidad, Hansen, enfermedades tropicales

T56 - Coinfección geohelmintos-*Plasmodium vivax* y su relación con la anemia en niños

Mayra Raciny Alemán¹, María Fernanda Yasnot Acosta¹, Ana Rodríguez Fernández².

¹ GIMBIC, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia.

² Department of Microbiology, NYU Langone School of Medicine, NY, USA

Antecedentes: Los geohelmintos y *Plasmodium vivax* comparten áreas de distribución geográfica y pueden infectar a los mismos huéspedes; esta coinfección es un importante problema de salud pública en los trópicos. Ambas infecciones pueden causar anemia por mecanismos diferentes, con un posible impacto aditivo en los niveles de hemoglobina.

Materiales y métodos: Se estudiaron 60 niños distribuidos en dos grupos: con monoinfección o con coinfección. La infección por *P. vivax* se determinó por gota gruesa; se calculó la parasitemia. Los geohelmintos se diagnosticaron por el método de Kato Katz, y se determinó la intensidad de la infección. Se obtuvo sangre venosa para hacer hemogramas.

Resultados: La prevalencia de los geohelmintos fue de 45 %, hubo 15 (56 %) monoinfecciones y 12 (44 %) poliinfecciones. *Trichuris trichiura* fue el más frecuente (62 %) con intensidad moderada, seguido de uncinarias (28 %) y *Ascaris lumbricoides* (10 %), ambos con intensidades leves. Las densidades parasitarias para *P. vivax* en ambos grupos fueron grandes y, al comparar entre grupos, hubo una diferencia estadísticamente significativa ($p=0,04$), lo cual indica que la parasitemia por *P. vivax* es significativamente mayor en niños coinfectados. La media de la hemoglobina fue de 11,3 g/dl para los monoinfectados y de 11,2 g/dl para los coinfectados. En ambos grupos, el grado de anemia fue moderado, 30 % 30 % (IC 14,3-45,6) y 48 % (IC 29,1- 66,8), respectivamente. Solo un caso del grupo de monoinfectados tuvo concentraciones de hemoglobina por debajo de 8 g/dl, cifra que clasifica a la anemia como grave.

Conclusiones: Hubo diversidad en la prevalencia de los geohelmintos. Los niveles de concentración de hemoglobina no tuvieron una alteración significativa en los casos de coinfecciones con *P. vivax*.

Palabras clave: coinfección, geohelmintos, *Plasmodium vivax*, anemia

T57 - Métodos para el diagnóstico de la tuberculosis, una experiencia desde la práctica clínica en bacteriología

Carmen Lucía Carvajal Sáenz, Maireth Paola Gómez Negrete, Mayra Raciny Alemán
Universidad de Córdoba

Antecedentes: Desde el año 2020, en Colombia se establecieron las directrices técnicas y operativas para la prevención, el control y la vigilancia de la tuberculosis, dejando atrás el diagnóstico rutinario basado en la baciloscopia y el cultivo. Esto promueve un cambio de paradigma del algoritmo diagnóstico y del manejo integral de la tuberculosis, acorde con la estrategia mundial de la OMS “Hacia el fin de la tuberculosis”.

Materiales y métodos: Se utilizó la base de datos de resultados del laboratorio de la clínica ZAYMA SAS del primer semestre de 2022. Se incluyeron en el estudio 39 pacientes hospitalizados, de quienes se obtuvieron muestras respiratorias para la práctica simultánea de baciloscopias, pruebas moleculares y cultivos. Se determinaron la sensibilidad, la especificidad y el grado de concordancia de las diferentes metodologías evaluadas, mediante la calculadora estadística SAMIUC para valorar pruebas diagnósticas.

Resultados: La baciloscopia obtuvo una sensibilidad del 50 % (IC_{95%} 34,3-65,5) y una especificidad del 100 %. Las pruebas moleculares fueron 100 % sensibles y específicas frente a los resultados del cultivo. A la fecha, 64,1 % (IC_{95%} 49,0-79,1) de los cultivos siguen en incubación de 42 días; de los cultivos con incubación completa, 35,7 % (IC_{95%} 10,6-60,7) fueron positivos. El índice de concordancia kappa de Kohen para la baciloscopia fue de 0,64 (moderada) y el de las pruebas moleculares fue 1,0 (muy buena).

Conclusiones: Los métodos moleculares permitieron detectar rápidamente el 100 % los casos positivos. Los cultivos son el método de referencia, pero no son oportunos. La baciloscopia no es apropiada para el diagnóstico del paciente hospitalario por su poca sensibilidad.

Palabras clave: métodos diagnósticos, tuberculosis, práctica clínica, bacteriología

T61 - Determinación de ARN mensajero de oncoproteínas E6/E7 del HPV, en la detección de lesiones intraepiteliales escamosasAndrés Felipe Díaz Salgado¹, Giselle Di Filipo Iriarte²¹ Universidad de San Buenaventura, Cartagena² Corporación Universitaria Rafael Núñez

Antecedentes: El cáncer cervicouterino se encuentra asociado a la infección por genotipos de virus del papiloma humano (HPV) de gran riesgo y a la sobreexpresión de oncogenes. La determinación de E6/E7 de HPV podría ser un avance importante en el diagnóstico y vigilancia clínica de pacientes con riesgo de progresión a este tipo de cáncer. Por lo anterior, esta investigación tiene como objetivo evaluar las propiedades diagnósticas de la determinación de transcritos de E6/E7 de HPV en la detección de neoplasia intraepitelial cervical, en mujeres con citología anormal de células escamosas atípicas de significado indeterminado.

Materiales y métodos: En este estudio de evaluación de prueba diagnóstica, se determinó la presencia de ARNm de E6/E7 de HPV de tipos 16, 18 y 31, mediante la técnica de reacción en cadena de la polimerasa anidada con transcripción inversa (RT-PCR), en 98 muestras de hisopado cervicouterino.

Resultados: El 14,3 % (14/98) fueron positivas para estos oncogenes. Se compararon estos resultados con los obtenidos por colposcopia y estudio histopatológico. Los porcentajes de concordancia estimados se encontraron entre 39,7 % y 84,7 %. Los datos de sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo y negativo, fueron 16,6 %, 95 %, 88,9 % y 32,2 %, respectivamente.

Conclusiones: La técnica molecular evaluada resultó ser poco sensible, muy específica, con baja confiabilidad en resultados negativos, alta confiabilidad en los resultados positivos, y ser una prueba moderadamente útil para confirmar la presencia vírica en lesiones intraepiteliales escamosas de bajo y alto grado.

Palabras clave: oncogenes, neoplasia intraepitelial cervical, reacción en cadena de la polimerasa, infección por HPV.

T62 - Prevalence of undiagnosed HIV in Venezuelan patients with suspected COVID-19 during the first wave: A complex syndemic

Daniela Restuccia, Fhabían S. Carrión-Nessi, Óscar D. Omaña-Ávila, Daniela L. Mendoza-Millán, Daniela L. Mendoza-Millán, Mario D. Mejía-Bernard, María V. Marcano-Rojas, Adriana Quintero, Sebastián Gasparini, Fabián R. Chacón, Jorge G. Basso, Verónica A. Rodríguez, Diana C. Freitas-De Nobrega, David A. Forero-Peña

Instituto de Investigación Biomédica y Vacunas Terapéuticas, Ciudad Bolívar, Venezuela

Background: The impact of the COVID-19 pandemic is deeper in resource-limited settings, including Venezuela, where its effects are compounded by the country's complex humanitarian crisis, inadequately resourced health systems, and human immunodeficiency virus (HIV) epidemics.

Objective: To determine the prevalence of undiagnosed HIV in suspected COVID-19 patients during the first wave and their clinical-epidemiological characteristics at the main sentinel hospital in Caracas, Venezuela.

Materials and methods: We cross-sectionally analyzed 118 consecutive suspected COVID-19 cases in the respiratory triage tent of the "Hospital Universitario de Caracas", Venezuela, between May and August, 2020. After signing the informed consent, clinical-epidemiological information was obtained from patients. HIV testing was performed using the ABON™ HIV 1/2/O Tri-Line HIV rapid test device.

Results: Out of 118 COVID-19 patients, 5 were HIV positive. Compared to HIV-negative, a higher proportion of HIV-positive patients were homosexual ($p < 0.001$), had sexual intercourse under the influence of alcohol/drugs in the last six months ($p = 0.044$), and had syphilis history ($p < 0.001$). Fever (67.8%), dry cough (65.3%), headache (63.6%), dyspnea (54.2%) and asthenia (52.5%) were the most common symptoms. A higher proportion of skin lesions and lymphadenopathies were found in HIV-positive patients compared to HIV-negative ones (80% vs. 3.5%, $p < 0.001$; 60% vs. 5.1%, $p < 0.001$; respectively).

Conclusion: The healthcare focus on COVID-19 has neglected other pathologies such as HIV, contributing to a lower rate of people diagnosed early. Expanding HIV screening and linking it to COVID-19 care are important public health initiatives that should continue to be employed in the Venezuelan health system.

Palabras clave: HIV, COVID-19, first wave, syndemic, Venezuela

T63 - Desempeño de las pruebas directas e indirectas para el diagnóstico de dengue en pacientes de Apartadó y Turbo durante los años 2020-2022

Luis Alberto Rivera Pedroza^{1,2}, Paola Astrid Ríos Tapias^{1,2}, Yuris Ortega Díaz^{1,3}, Margarita Arboleda Naranjo¹, Ángela María Segura Cardona³, Berta Nelly Restrepo Jaramillo¹, Miryan Margot Sánchez Jiménez¹, Katherine Marín Velasquez¹

¹ Instituto Colombiano de Medicina Tropical ICMT-CES, Apartadó, Colombia

² Fundación Universitaria Área Andina, candidato a MSc. en Epidemiología

³ Universidad CES

Antecedentes: El dengue es la arbovirosis más importante a nivel mundial y constituye un problema de salud pública. Actualmente, no es común el montaje simultáneo de pruebas moleculares y serológicas inmunoenzimáticas para confirmar casos, por lo que siguen siendo las pruebas rápidas las elegidas en los primeros niveles de atención.

Objetivos: Evaluar el desempeño de las pruebas directas e indirectas para el diagnóstico de dengue en pacientes de Apartadó y Turbo, durante los años 2020 a 2022.

Materiales y métodos: Es un estudio de cohorte, en el que se incluyeron pacientes con sospecha de dengue. Se emplearon pruebas directas e indirectas para el diagnóstico confirmatorio en la fase aguda y la convaleciente.

Resultados: Se incluyeron 328 pacientes, 57,7 % positivos para dengue; de estos, 97,6 % se diagnosticaron en la fase aguda y la mitad fueron reclutados entre el día 0 y el 4. Las pruebas ELISA NS1 y RT-PCR fueron positivas en un 57,1 % y 49,7 %, respectivamente. Mientras las pruebas indirectas mostraron positividad del 78,3 % para anticuerpos IgM, el 2,4 % fue diagnosticado en fase convaleciente por seroconversión. El 89,1 % presentó infección secundaria. La fuerza de concordancia entre las pruebas directas (PR y ELISA NS1 contra RT-PCR) fue buena, mientras que fue moderada en las pruebas indirectas (IgM por PR y ELISA).

Conclusión: La interpretación de las pruebas de laboratorio debe ser en función de los días de evolución; por ello, es importante usar pruebas combinadas para incrementar la sensibilidad diagnóstica. Existe buena concordancia entre las pruebas directas; para las pruebas indirectas, las PR presentan mayor proporción de falsos positivos.

Palabras clave: dengue, diagnóstico, pruebas, sensibilidad

T64 - Evaluación de la efectividad de tratamientos físicos, químicos y fisicoquímicos para el diagnóstico de SARS-CoV-2 mediante RT-qPCR directa

William Fernando Chaparro Pico, Martha Lucía Díaz Galvis, Anyela Lozano, Clara Isabel González Rugeles

Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

Antecedentes: COVID-19 es una enfermedad causada por el virus SARS-CoV-2. En Colombia, se han reportado 6'175,181 casos y 140.070 muertes. Aunque gran parte de la población se encuentra vacunada, aún se siguen presentando casos de contagio generando brotes y, posiblemente en los años próximos, se verán picos endémicos de la enfermedad. La prueba de referencia para el diagnóstico de este virus es la reacción en cadena de la polimerasa con retrotranscripción en tiempo real (RT-qPCR). Este protocolo es complejo y costoso. Por tanto, una alternativa que permite reducir costos y tiempo es la PCR directa.

Objetivo: Evaluar la efectividad de pretratamientos físicos, químicos y fisicoquímicos en muestras de saliva humana obtenidas para el diagnóstico de SARS-CoV-2 mediante RT-qPCR directa.

Materiales y métodos: Se evaluaron tres temperaturas y cinco químicos diferentes. Se realizó extracción por kit y se amplificaron los genes *E* y *N1* del virus y se compararon los CT. Se determinó el mejor tratamiento y se validó en una cohorte de muestras.

Resultados: La incubación a 95 °C por 15 minutos mostró el mejor resultado entre los métodos probados. El 29 % (n=15) de las muestras fueron positivas por kit para gen *E* y *N1*. Con el tratamiento térmico, se identificó 25 % (n=13) de muestras positivas. El tratamiento térmico no permitió detectar el virus en muestras (n=2) con CT>34. Las muestras negativas por kit fueron negativas por el tratamiento térmico.

Conclusión: Incubar una muestra de saliva a 95 °C por 15 minutos permite detectar los genes *E* y *N1* de SARS-CoV-2 mediante RT-qPCR directa. Esta propuesta representa una alternativa rápida y económica para la tamización de SARS-CoV-2 en la población.

Palabras clave: RT-qPCR directa, saliva, SARS-CoV-2, COVID-19, ARN

T65 - Formación de calcificaciones en el encéfalo de ratones neonatos inoculados con virus Zika

Gerardo Santamaría, Jorge Rivera, Julián Naizaque, Aura Catherine Rengifo, Orlando Torres-Fernández

Grupo de Morfología Celular, Instituto Nacional de Salud

Antecedentes: La infección por el virus del Zika (ZIKV) genera un amplio espectro de signos clínicos que van desde la infección asintomática hasta la manifestación de problemas neurológicos graves. Entre estos, se destaca la microcefalia que se presenta en los fetos de madres infectadas durante los primeros meses de gestación. En estos casos, uno de los signos característicos observados en las neuroimágenes es la formación de calcificaciones en la corteza cerebral y el cerebelo. El uso de modelos animales permite estudiar los mecanismos fisiopatológicos involucrados.

Métodos: Se inocularon ratones Balb/c neonatos (20-24 horas) con ZIKV, por vía intraperitoneal o intracerebral, y controles con solución *mock*. A los 10 días después de la inoculación, fueron sacrificados bajo anestesia profunda, mediante perfusión intracardiaca con PFA al 4 %. Se extrajeron los encéfalos, se tomaron imágenes macroscópicas y luego se obtuvieron cortes para tratarlos con la reacción histoquímica de von Kossa. Otros cortes se procesaron mediante inmunohistoquímica para evaluar la expresión de calbindina (CB), calretinina (CR), parvalbúmina (PV) y S100B, proteínas de unión al calcio (CaBP).

Resultados: El ZIKV generó en los ratones signos neurológicos de la enfermedad a partir del día 7 después de la inoculación. Al extraer los encéfalos, se observaron grumos blancuzcos bajo la superficie del cerebro y el cerebelo, mucho más notables en los animales inoculados por vía intracerebral. La reacción de von Kossa confirmó que correspondían a calcificaciones. La infección también generó cambios en la expresión de las CaBP, en especial, sobreexpresión de PV, S100B.

Conclusiones: Estos resultados demuestran el efecto de la infección por ZIKV en el metabolismo del calcio.

Palabras clave: virus del Zika, trastornos del metabolismo del calcio, proteínas de unión al calcio, inmunohistoquímica.

T66 - Maternal and foetal-neonatal outcomes of dengue virus infection during pregnancy

Sawai Singh Rathore¹, Sharvi Oberoi², Jonathan Hilliard³, Ritesh Raja⁴, Noman Khurshid Ahmed⁵, Yogesh Vishwakarma⁶, Kinza Iqbal⁷, Chandani Kumari⁶, Felipe Velásquez-Botero^{8,9}, María Alejandra Nieto-Salazar¹⁰, Guillermo Andrés Moreno Cortes¹¹, Edwin Akomaning¹², Islam elFatih Mohamed Musa¹³

¹ Internal Medicine, Dr. Sampurnanand Medical College, Jodhpur, Rajasthan, India

² Internal Medicine, Dr. D. Y. Patil Medical College, Hospital & Research Centre, Pune, Maharashtra, India

³ College of Medicine, All Saints University College of Medicine, Amos Vale, Saint Vincent and the Grenadines

⁴ Internal Medicine, China Three Georges University, Yichang, Hubei Province, China

⁵ Internal Medicine, Dow Medical College, Karachi, Pakistan

⁶ Internal Medicine, American University of Barbados, Wildey, St. Michael, Barbados

⁷ Department of Internal Medicine, Dow Medical College, Dow University of Health Sciences, Karachi, Pakistan

⁸ Universidad CES, Medellín, Colombia

⁹ Larkin Community Hospital, Miami, Florida, USA

¹⁰ Universidad Juan N. Corpas, Bogotá, D.C., Colombia

¹¹ Departamento de Medicina Familiar, Universidad FUCS, Bogotá, D.C., Colombia

¹² The Community Hospital, Akim Oda, Ghana

¹³ Alquwarah General Hospital, Alquwarah, AlQassim, Saudi

Background: Given that women of reproductive age in dengue-endemic areas are at risk of infection, it is necessary to determine whether dengue virus (DENV) infection during pregnancy is associated with adverse outcomes.

Aim: The aim of this systematic review and meta-analysis is to investigate the consequences of DENV infection in pregnancy on various maternal and foetal-neonatal outcomes.

Methods: A systematic literature search was undertaken using PubMed, Google Scholar, and Embase till December, 2021. Mantel-Haenszel risk ratios were calculated to report overall effect size using random effect models. The pooled prevalence was computed using the random effect model. All statistical analyses were performed on MedCalc Software.

Results: We obtained data from 36 studies involving 39,632 DENV-infected pregnant women. DENV infection in pregnancy was associated with an increased risk of maternal mortality (OR=4.14 [95% CI: 1.17-14.73]), stillbirth (OR=2.71 [95% CI: 1.44-5.10]), and neonatal deaths (OR=3.03 [95% CI: 1.17-7.83]) compared with pregnant women without DENV infection. There was no significant statistical association established between maternal DENV infection and the outcomes of preterm birth, maternal bleeding, low birth weight in neonates, and risk of miscarriage. Pooled prevalences were 14.9% for dengue shock syndrome, 14% for preterm birth, 13.8% for maternal bleeding, 10.1% for low birth weight, 6% for miscarriages, and 5.6% for stillbirth.

Keywords: DENV; dengue virus; foetal outcomes; maternal; neonatal; pregnancy.

T67 - Confirmación etiológica de SARS-CoV-2 en una muestra de pacientes con sospecha de COVID-19 en Santa Marta DTCH, 2020 a 2022

María Teresa Mojica-Ortiz¹, Jorge Armando Egurrola Pedraza¹, Lyda Castro García²

¹ Grupo de Investigación en Medicina Tropical – CIMET, Universidad del Magdalena

² Centro de Genética y Biología Molecular, Universidad del Magdalena

Antecedentes: La Universidad del Magdalena realizó la adecuación y la habilitación del Laboratorio de Biología Molecular bajo los estándares de calidad de la Red Nacional de Laboratorios de Colombia. El 10 de mayo de 2020 fue autorizado por el Instituto Nacional de Salud como laboratorio colaborador para el diagnóstico molecular del nuevo SARS-CoV-2.

Materiales y métodos: Se hizo un estudio de diseño observacional descriptivo y retrospectivo a todas las muestras recibidas en el Laboratorio de Biología Molecular para diagnóstico de SARS-CoV-2, remitidas por IPS de Santa Marta.

Resultados: Se recibieron 8.780 muestras de pacientes: en 2020, 2.984 muestras (33,95 %); en 2021, 5.309 muestras (60,40 %), y en 2022, 497 muestras (5,65%), La distribución de las muestras recibidas fue: 4.387 (50,25 %) mujeres y 4.344 (49,75 %) hombres; con una media de 39,63 años y desviación estándar de 18,51 años. Las muestras resultaron: 3.305 (37,6 %) positivas, 5.417 (61,63 %) negativas, y 58 (0,66 %) indeterminadas; y hubo 10 (0,11 %) muestras sin procesar. La oportunidad de diagnóstico corresponde a los días entre la toma de muestra y el reporte del resultado de la prueba RT-PCR; se estimó una mediana de 4 días con un rango intercuartílico de 2 a 5 días.

Conclusiones: Como resultado del esfuerzo y el trabajo en equipo generado desde el Laboratorio de Biología Molecular, la Universidad ha impactado a la población de Santa Marta y personas provenientes de diferentes departamentos del país y extranjeros, que se han beneficiado de un diagnóstico oportuno bajo los estándares de calidad, aportando a la identificación de casos positivos de SARS-CoV-2, permitiendo la corroboración del diagnóstico de la sintomatología asociada con la COVID-19 y ayudando a disminuir la propagación del virus.

Palabras clave: SARS-CoV-2, RT-qPCR, COVID-19, diagnóstico molecular

T71 - Evaluación de la durabilidad y aceptabilidad de los toldillos insecticidas de larga duración SafeNet® en el Pacífico caucano

Diana Lucumí-Aragón¹, Nicole Vargas-García¹, Edward Vargas¹, Nicole Álvarez-Fernández¹, Martha Castro¹, Karent Cotazo-Calambas¹, Jennifer Ballesteros¹, Leonardo Micolta-Aragón¹, Olver Vente-Sinisterra¹, Anderson Hair Piamba², Hernando Gil², Jarrinson Aguirre-Castro¹, María Riascos-Cuenú¹, Carlos Andrés Morales², Martha L. Ahumada³, Manuela Herrera-Varela¹

¹ USAID-Vector Link Colombia Project, Abt Colombia SAS, Colombia

² Secretaría de Salud Departamental del Cauca

³ Grupo de Entomología, Dirección de Investigación en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes: En marzo de 2021, la Secretaría de Salud Departamental del Cauca distribuyó 2.440 toldillos insecticidas de larga duración TILD-SafeNet® en áreas maláricas del Pacífico caucano.

Objetivo: Evaluar la durabilidad y aceptabilidad de los TILD-SafeNet® distribuidos en Guapi y Timbiquí, Cauca.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio transversal a los seis y doce meses después de distribuidos los TILD. En cada momento de muestreo, se seleccionaron y recambiaron 40 toldillos para evaluar integridad física y la bioeficacia de acuerdo con la metodología de la Organización Mundial de la Salud. Para determinar la aceptabilidad, se hicieron encuestas a los cinco y once meses.

Resultados: El 80 % de los TILD se consideraron útiles y óptimos a los seis meses, porcentaje que disminuyó a 20 % a los 12 meses. Las pruebas de bioeficacia, después de 6 meses el derribo promedio fue solo del 3 % (IC_{95%} 1,8-4,2) y la mortalidad promedio 5 % (IC_{95%} 3,2-6,8). El 50 % de los TILD evaluados mostraron un derribo y mortalidad ≤ 2 %. Con las encuestas, se encontró una tenencia y aceptabilidad del 97 % y del 62 % a los cinco meses; y del 86 % y 72 % a los once meses, respectivamente.

Conclusiones: La aceptación y uso de los TILD SafeNet® es alta en todas las comunidades evaluadas. Se evidenció que las propiedades insecticidas y la integridad de la tela se veían disminuidas rápida y progresivamente a lo largo del tiempo, con un 5 % de mortalidad a los seis meses y con 60 % de los toldillos considerados como óptimos y útiles a los doce meses.

Palabras clave: malaria, toldillos insecticidas de larga duración, durabilidad, aceptabilidad, Colombia

T72 - Sensibilidad a insecticidas de los mosquitos vectores de malaria *Anopheles neivai* y *Anopheles albimanus* en el Pacífico del Cauca, Colombia

Jennifer Ballesteros¹, Karent Cotazo-Calambas¹, Nicole Álvarez-Fernández¹, Nicole Vargas-García¹, Martha Castro¹, Edward Vargas¹, Anderson Hair Piamba², Hernando Gil², Liliana Santacoloma³, Susanne Ardila³, Carlos Andrés Morales², Diana Lucumí-Aragón¹, Manuela Herrera-Varela¹

¹ USAID-Vector Link Project, Abt Colombia S.A.S, Colombia

² Secretaría de Salud departamental del Cauca, Colombia

³ Grupo de Entomología, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes: El control de vectores de malaria en el Cauca se realiza con toldillos impregnados con Safenet® (i.a. alfa-cipermetrina) y con rociamiento residual de K'othrine® (i.a. deltametrina). La vigilancia de la sensibilidad a estos insecticidas permite orientar e implementar medidas de control vectorial de la malaria.

Objetivos: Evaluar la sensibilidad a los insecticidas alfa-cipermetrina, deltametrina y permetrina, en concentración de 12,5 µg/ml, en poblaciones de *Anopheles neivai* y *Anopheles albimanus* del Pacífico caucano.

Métodos: Se realizaron tres evaluaciones de botella CDC. Las zonas de evaluación se seleccionaron por la alta densidad de las especies: *An. neivai* fue recolectado en Quiroga y Carmelo (Guapi) y Calle del Pueblo (Timbiquí). *Anopheles albimanus* fue recolectado en San José de Guare y Micaelita (Guapi) y Coteje (Timbiquí). Se determinó la sensibilidad a los insecticidas.

Resultados: Las tres poblaciones de *An. neivai* mostraron mortalidad de 100 % con los insecticidas evaluados. *Anopheles albimanus* de Guapi exhibió mortalidad de 100 %, lo cual indica sensibilidad. Para esta especie en Timbiquí, los porcentajes de mortalidad fueron del 96 % con alfa-cipermetrina y del 94 % con deltametrina. Al exponer los mosquitos a permetrina, la mortalidad fue del 93 %. Al repetir la prueba, se encontró una mortalidad del 78 %.

Conclusiones: *Anopheles neivai* fue sensible a los insecticidas evaluados mientras que *An. albimanus* de Coteje, Timbiquí, exhibió posible resistencia a alfa-cipermetrina y deltametrina, y fue resistente a permetrina. Se requiere hacer seguimiento de la especie en la zona, complementando con pruebas bioquímicas para confirmar los hallazgos y verificar el tipo de resistencia presentada.

Palabras clave: resistencia, intervención, prueba de botellas CDC, toldillos, fumigación

T73 - Mosquitos adultos en el intradomicilio en municipios de alto riesgo para dengue en Cauca, Colombia

Sergio Méndez-Cardona¹, Catalina Marceló¹, Carlos Andrés Morales², María Camila Lesmes^{1,3}, Patricia Fuya Oviedo¹, Horacio Cadena⁴, Álvaro Ávila-Díaz³, Anderson Piamba², Érika Santamaría¹

¹ Grupo de Entomología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

² Secretaría de Salud Departamental del Cauca, Popayán, Colombia

³ Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales, Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Medellín, Colombia

Antecedentes: *Aedes aegypti* y *Aedes albopictus* son importantes vectores de arbovirus con una amplia distribución en Colombia. El objetivo del trabajo fue describir las poblaciones de mosquitos en tres municipios de gran riesgo para dengue en el departamento del Cauca.

Métodos: En 1.115 viviendas de Patía, Miranda y Piamonte, se recolectaron mosquitos adultos en el intradomicilio utilizando un aspirador Prokopack. Se calculó la abundancia relativa por especie, la relación hembra:macho (H:M), el índice de viviendas (IV) y el porcentaje de infestación en las viviendas para cada municipio. Se correlacionaron variables meteorológicas con la abundancia de las especies.

Resultados: El 57,8 % de las viviendas visitadas fueron positivas para mosquitos, con un total de 2.877 individuos recolectados, de los cuales, el 22,4 % correspondió a *Ae. aegypti*, el 1,8 % a *Ae. albopictus* y el 75,8 % a *Culex quinquefasciatus*. La relación hembra:macho fue de 1,1:1 para las especies de *Aedes* y de 0,5:1 para *Cx. quinquefasciatus*. Los índices de viviendas más altos se presentaron en Piamonte (57,2 %) y Patía (55,8 %). Los porcentajes de infestación de hembras *Ae. aegypti* fueron mayores de 50 % en los tres municipios. La temperatura y la precipitación están correlacionadas positivamente con la abundancia de algunas especies.

Conclusiones: Los índices de viviendas indican que, en los municipios de Piamonte y Patía, se encuentran mosquitos en aproximadamente 6 de cada 10 viviendas, y los porcentajes de infestación sugieren que, en al menos el 50% de las viviendas positivas, se encuentran hembras *Ae. aegypti*, lo cual es un importante hallazgo para la vigilancia y control vectorial.

Palabras clave: vigilancia entomológica, índices entomológicos, mosquitos, infestación, dengue

T74 - Mosquitos del género *Anopheles* implicados en la transmisión de malaria en la Costa Pacífica del departamento del Cauca, Colombia

Taylor H. Díaz-Herrera¹, Diana Carolina Moreno Aguilera¹, Nicole Álvarez-Fernández¹, Karent Cotazo-Calambas¹, Nicole Vargas-García¹, Jennifer Ballesteros¹, Jarrinson Aguirre¹, Edward Vargas¹, Martha Castro¹, Anderson Hair Piamba², Hernando Gil², Liliana Santacoloma³, Susanne Ardila³, Carlos Andrés Morales², Martha L. Ahumada⁴, Diana Lucumí-Aragón¹, Manuela Herrera-Varela¹

¹ USAID-Vector Link Project, Abt Colombia S.A.S., Colombia

² Secretaría de Salud Departamental del Cauca

³ Grupo de Entomología, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Grupo de Entomología, Dirección de Investigación en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes: El Pacífico colombiano reporta la mayor cantidad de casos por malaria en el país. Para esta región, se registran 9 especies del género *Anopheles*. Se requiere precisar su implicación en la transmisión mediante estudios de comportamiento e infección con *Plasmodium*, para obtener información que contribuya en el diseño de estrategias adecuadas para su control.

Objetivo: Determinar la infección natural por *P. falciparum* y *P. vivax* en mosquitos *Anopheles* y estimar la probabilidad de recibir una picadura infectiva durante el período de estudio en el Pacífico caucano.

Métodos: Se realizó un estudio transversal entre enero y febrero de 2021 en zonas rurales de los municipios de Guapi y Timbiquí, reportadas bajo situación de alerta para malaria. Se muestrearon 160 casas mediante atrayente humano protegido. La detección de *Plasmodium* se realizó por la técnica ELISA. Las muestras positivas se confirmaron mediante qPCR.

Resultados: Se recolectaron 18.370 mosquitos correspondientes a *An. neivai* (74,9 %), *An. albimanus* (24,6 %) y *An. apicimacula* (0,5 %). Cuatro *An. albimanus* fueron positivos para *P. falciparum* entre los dos municipios. Un *An. neivai* fue positivo para *P. falciparum* recolectado en el municipio de Timbiquí en el intradomicilio. La tasa de infección fue de 0,0009 y 0,0001; la tasa de picadura fue de 18,3 y 767,5 mosquitos/persona/noche, y la tasa de inoculación entomológica mensual fue de 0,5 y 1,8 para *An. albimanus* y *An. neivai*, respectivamente.

Conclusión: Se confirma el rol de *An. albimanus* y *An. neivai* como vectores de malaria en el Pacífico caucano, dejando evidencia de que la transmisión puede ocurrir dentro y fuera de la vivienda.

Palabras clave: *Anopheles*, malaria, tasa de infección, *Plasmodium*, Colombia

T75 - Vigilancia entomoviológica de *Aedes aegypti* en Colombia

Marcela Gómez^{1,2}, David Martínez¹, Carolina Hernández¹, Nicolás Luna¹, Ramiro Bohórquez Melo³, Luis Alejandro Suárez Ramírez³, Mónica Palma-Cuero³, Luz Mila Murcia Montañó³, Leonel González Páez⁴, Manuel Alfonso Medina Camargo⁴, Katuska de Jesús Ariza Campo⁵, Holmer David Padilla Otálora⁶, Alexander Zamora Flórez⁷, Jorge Luis De las Salas⁷, Marina Muñoz¹, Juan David Ramírez^{1,8}

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

² Grupo de Investigación en Ciencias Básicas (NÚCLEO), Facultad de Ciencias e Ingeniería, Universidad de Boyacá, Tunja, Colombia

³ Secretaría de Salud Pública de Leticia, Amazonas, Colombia

⁴ Secretaría de Salud Pública de Boyacá, Colombia

⁵ Laboratorio de Salud Pública del Magdalena, Colombia

⁶ Hospital local de El Retén, Magdalena, Colombia

⁷ Secretaría Departamental de Salud del Vichada, Colombia

⁸ Molecular Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell-based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA

Antecedentes: La amplia distribución del mosquito vector y la cocirculación de múltiples especies arbovirales, han generado en el mundo y en las Américas aumentos en la incidencia de dengue, Zika y chikunguña, considerados un importante problema de salud pública.

Objetivo: Describir la frecuencia de infección o coinfección por los virus del dengue (DENV), del Zika (ZIKV) y de chikunguña (CHIKV), en mosquitos *Aedes* en diferentes departamentos de Colombia.

Materiales y métodos: En Amazonas, Boyacá, Magdalena y Vichada se recolectó el material entomológico. Las muestras se procesaron individualmente para la extracción de ARN y síntesis de cDNA, y para detección de serotipos DENV1-4 (PCR múltiple), CHIKV y ZIKV (qRT-PCR). Las muestras positivas-infectadas se secuenciaron (método de Sanger) para identificar la especie vectorial, a partir de la subunidad I del gen citocromo oxidasa (*COI*).

Resultados: Se capturaron 558 mosquitos y el 29,4 %, identificado como *A. aegypti*, presentó infección por arbovirus. El DENV mostró la mayor tasa de infección en todos los departamentos, con predominio de DENV-1 y DENV-2 con una frecuencia del 10,7 % y 14,5 %, respectivamente. Las coinfecciones entre serotipos representaron el 3,8 %. Se detectó infección en un individuo por CHIKV (0,2 %) y no se detectaron infecciones por ZIKV.

Conclusiones: La infección por arbovirus en el vector refleja el comportamiento epidemiológico en el país, con una mayor incidencia por los serotipos DENV-1 y DENV-2. Además, confirma que *A. aegypti* es el principal transmisor de arbovirus en el país. Se resalta la importancia de los estudios entomoviológicos dentro de los sistemas de vigilancia, para comprender la dinámica de transmisión y el riesgo potencial en la población.

Palabras clave: arbovirus, dengue, Zika, chikunguña, infección, *Aedes*

T76 - Comparación de la vigilancia entomológica de *Aedes aegypti* mediante captura de adultos e índice de pupas en tres municipios del departamento del Cauca

Carlos Andrés Morales-Reichmann¹, Érika Santamaría², María Camila Lesmes^{2,3}, Sergio Andrés Méndez², Patricia Fuya², Anderson Hair Piamba¹, Hernando Gil¹, Duban Ely Quintero¹, Marceló-Díaz Catalina²

¹ Secretaría de Salud Departamental del Cauca

² Grupo de Entomología, Instituto Nacional de Salud

³ Universidad de Ciencias Ambientales y Aplicadas, UDCA

Antecedentes: La vigilancia de *Aedes aegypti* se ha basado principalmente en la obtención de los índices de larvas, que guardan poca relación con el número de hembras del mosquito.

Objetivo: Comparar la vigilancia entomológica mediante índices cuantitativos de pupas y de adultos.

Materiales y métodos: El muestreo de pupas y adultos se hizo entre las 08:30 y las 17:30 horas en 1.115 viviendas en tres municipios del Cauca.

Resultados: Se recolectaron adultos de *Ae. aegypti* (n=643), *Ae. albopictus* (n=51) y *Culex quinquefasciatus* (n=2.183). Hasta el 30,4 % de las viviendas muestreadas fueron positivas para *Ae. aegypti*, y el 70 % de las viviendas positivas presentaron, al menos, una hembra de este mosquito. De 1.930 depósitos con agua, 111 fueron positivos para pupas de *Aedes* spp. En total, se capturaron 2.413 pupas. En cuanto al riesgo medido en pupas/persona/municipio, solo este último fue cercano al índice de riesgo de transmisión. En el análisis de regresión, se encontró una correlación positiva ($R^2=0,56$) entre la captura de adultos y pupas, lo que sugiere el uso del índice de adultos para la vigilancia entomológica; además, se observó una autocorrelación espacial entre la presencia de casas positivas para pupas y la mayor densidad de adultos en las manzanas vecinas.

Conclusiones: La vigilancia de adultos es más sensible para medir el riesgo entomológico y detecta la presencia de otras especies de mosquitos. Aunque requiere de equipos costosos para su ejecución, permite efectuar la vigilancia de virus en los mosquitos, siendo el indicador más importante para la prevención y el control de las epidemias de arbovirosis.

Palabras clave: vigilancia, entomológica, pupas, adultos

T77 - Utilidad de enfoque multilocus en la resolución de conflictos filogenéticos y evolutivos de la tribu Rhodniini

Carolina Hernández¹, Mateo Alvarado¹, Fabián C. Salgado-Roa^{2,3}, Nathalia Ballesteros¹, Carolina Pardo², Joao Aristeu da Rosa⁴, Jader Oliveira^{4,5}, Clever Galvao⁶, Simone Freitas⁶, Jose Calzada⁷, Juliana Dameli Nascimento⁴, Lineth García⁸, Mario Grijalva⁹, Anita Villacis⁹, Hernán Carrasco¹⁰, Maikell Segovia¹⁰, César Gómez Hernández¹¹, Plutarco Urbano¹², Omar Cantillo¹, Marina Muñoz¹, Felipe Guhl¹³, Gustavo Vallejo¹⁴, Julio César Carranza¹⁵, Luz Stella Buitrago¹⁶, Marina Stella González¹⁶, Kaio Cesar Chaboli Alevi⁴, Andrés Cuervo¹⁷, Claudia Sandoval¹⁸, Camilo Salazar², Juan David Ramírez¹

¹ Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología-UR (CIMIBIUR), Facultad de Ciencias Naturales, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de Genética Evolutiva y Filogeografía, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

³ School of BioSciences, The University of Melbourne, Parkville, VIC, Australia

⁴ Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Farmacêuticas, Araraquara, Sao Paulo, Brazil

⁵ Universidade de São Paulo, Faculdade de Saúde Pública, São Paulo, SP, Brazil

⁶ Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brasil

⁷ Sección de Parasitología, Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud, Panamá

⁸ Universidad Nacional de San Marcos, Cochabamba, Bolivia

⁹ Universidad Católica de Ecuador, Quito, Ecuador

¹⁰ Laboratorio de Biología Molecular de Protozoarios, Instituto de Medicina Tropical, Universidad Central Naturales, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

¹¹ Universidade Federal do Triangulo Mineiro (UFTM), Grupo de Investigaciones Biológicas de la Orinoquia, Fundación Universitaria Internacional del Trópico Americano (Unitrópico), Yopal, Colombia

¹² Centro de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Tropical (CIMPAT), Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

¹³ Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical (LIPT), Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

¹⁴ Laboratorio de Salud Pública del Meta, Villavicencio, Colombia

¹⁵ Secretaría Departamental de Salud de Arauca, Arauca, Colombia

¹⁶ Grupo de Investigaciones en Ciencias Básicas y Aplicadas para la Sostenibilidad (CIBAS), Facultad de Ciencias Exactas, Naturales y Agropecuarias, Universidad de Santander, Bucaramanga, Colombia

Introducción: La tribu Rhodniini comprende 24 especies reportadas. El panorama evolutivo de la tribu es confuso por incongruencias filogenéticas que persisten, ya que los estudios realizados no incluyen muestreo representativo de especies y de su distribución geográfica.

Objetivo: Determinar la estructura filogenética y evolutiva de la tribu Rhodniini.

Materiales y métodos: Se secuenciaron 8 marcadores moleculares en 519 ejemplares recolectados en siete países de Latinoamérica. Se realizaron reconstrucciones filogenéticas mediante máxima verosimilitud e inferencia bayesiana. Se hicieron cálculos estadísticos de diversidad genética y estructura. Se estimaron los tiempos de divergencia.

Resultados: La topología que evidenció mayor credibilidad recuperó las especies del género *Psammolestes* en un clado monofilético (*bootstrap*>95,0 %). En el género *Rhodnius*, se recuperaron dos clados: el primero compuesto por dos clados monofiléticos que corresponden a los grupos *pallescens* y *pictipes*; y el segundo, compuesto por dos clados, uno con *R. neivai* y otro que agrupa dos clados internos con las especies del grupo *prolixus*. La estructura genética mostró agrupación en 6 clúster. La tribu Rhodniini divergió hace 5,26 millones de años (95%HPD: 2:49-6.86), y los géneros *Psammolestes* y *Rhodnius* divergieron hace 3,86 (95%HPD: 2:49-6.86) y 4,59 (95%HPD: 3.59-5.77) millones de años, respectivamente.

Conclusión: Esta es la primera evidencia filogenética de la clasificación de la tribu en dos géneros, el estatus de algunas especies del grupo *prolixus* y las relaciones interespecíficas del grupo *pallescens*. La divergencia de la tribu ocurrió durante el mioceno tardío y plioceno temprano, posiblemente asociada con dispersión a través de barreras geográficas, en lugar de la vicarianza por la elevación de la cordillera de los Andes.

Palabras clave: *Rhodnius*, *Psammolestes*, multilocus, enfermedad de Chagas

T81 - Análisis morfológicos y moleculares de especies de *Haemoproteus* que infectan Anseriformes permiten revalidar a *Haemoproteus gabaldoni*.

Angie D. González¹, Ingrid Lotta-Arévalo¹, Gustavo A. Fuentes-Rodríguez^{1,2}, Jhon Macías-Zacipa^{1,3}, Luz Dary Acevedo-Cendales⁴, Nubia E. Matta¹

¹ Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá, Colombia

² Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá, Colombia

³ Programa Bacteriología y Laboratorio Clínico, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá, Colombia

⁴ Health Program, Wildlife Conservation Society (WCS), Colombia

Antecedentes: Los parásitos del grupo *Haemosporida* incluyen a los agentes causantes de la malaria aviar, que se han asociado con mortalidad en aves silvestres y son de interés económico.

Objetivo: Evidenciar si *Haemoproteus gabaldoni* es una especie diferente de *H. nettionis* (sinonimizadas) y ayudar a aclarar el estado de las otras especies.

Materiales y métodos: Se analizaron las muestras disponibles para el orden Anseriformes en la colección biológica del Grupo de Estudio de Relación de Parásitos, GERPH. Se realizaron análisis morfométricos comparativos con material tipo de *H. greineri*, *H. gabaldoni* y con diagnóstico de *H. nettionis*, proporcionado por el Centro Internacional de Referencia para Haematozoa Aviar y *H. macrovacuolatus* de GERPH. Las variables morfométricas se exploraron por análisis de componentes principales y se amplificó un fragmento de citocromo b utilizado en análisis filogenéticos y redes de haplotipos.

Resultados: El análisis de 82 muestras de Anseriformes indicó una frecuencia de infección del 21,9 %. Se encontraron infecciones por *H. macrovacuolatus*, *H. gabaldoni*-like y otras que fueron identificadas hasta el género. El análisis de los componentes principales demostró que las especies estudiadas forman tres grandes grupos, soportados en un gradiente de las variables largo y ancho de parásito, su núcleo y el efecto sobre el núcleo del eritrocito. Los análisis filogenéticos y de haplotipos agruparon los linajes de parásitos según el huésped y la región geográfica.

Conclusiones: Los resultados indican que *H. gabaldoni* es una especie diferente de *H. nettionis*. Se resalta la importancia de vincular la información genética a estudios morfológicos y el mantenimiento de colecciones biológicas como repositorios de la biodiversidad mundial.

Palabras clave: Apicomplexa, colecciones biológicas, fauna silvestre, linaje molecular, morfometría

T82 - La sirtuina 2.3 de *Giardia duodenalis* (GdSir2.3), una proteína citoplasmática presente en trofozoítos y quistes

Aravy Suárez Jurado¹, María Helena Ramírez Hernández¹, Gonzálo J. Díaz²

¹ Laboratorio de Investigaciones Básicas en Bioquímica – LIBBIQ, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia

² Laboratorio de Toxicología, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia

Antecedentes: Las sirtuinas son deacetilasas dependientes de NAD presentes en todos los organismos. Estas proteínas han sido estudiadas en parásitos protozoarios como posibles dianas farmacológicas considerando que son esenciales en procesos celulares como la reparación del ADN y el ciclo celular. En *G. duodenalis* se han identificado tres sirtuinas y estudios del transcriptoma demuestran una expresión diferencial a lo largo del ciclo de vida, resaltando su importancia para la supervivencia del parásito.

Materiales y métodos: Se estudió la proteína GdSir2.3 en trofozoítos y quistes mediante pruebas de inmunodetección, por western blot y microscopía de fluorescencia. Para ello, se generaron anticuerpos policlonales en modelo aviar, empleando como antígeno la proteína recombinante a partir del vector pET-100-GdSir2.3, construido previamente.

Resultados: En extractos totales del parásito, se identificó de manera específica una proteína de 45 kDa, que corresponde al peso molecular esperado de la GdSir2.3. Dicha proteína presenta una localización citoplasmática en trofozoítos y quistes de acuerdo con los resultados de microscopía de fluorescencia. Además, tiene una distribución vesicular en los quistes.

Conclusiones: La GdSir2.3 está presente en ambos estadios de vida del parásito, con una localización citoplasmática y vesicular. Lo anterior concuerda con los perfiles de expresión de dicha proteína e indicaría sus posibles funciones en el organismo.

Palabras clave: deacetilasas de histonas, inmunodetección, metabolismo del NAD, anticuerpos policlonales

T83 - Sarna sarcóptica en un puercoespín andino (*Coendou quichua*) de los Andes centrales de Colombia: una evaluación integral de caracteres morfológicos, moleculares e histológicos

Érika Mayerly Ospina-Pérez¹, Ana Busi¹, Caterine Rodríguez-Hurtado², Ingrith Y. Mejía-Fontecha³, Paula A. Ossa-López³, Fredy A. Rivera-Páez³, Héctor E. Ramírez-Chaves¹

¹ Grupo de Investigación en Genética, Biodiversidad y Manejo de Ecosistemas (GEBIOME), Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Caldas, Manizales, Caldas, Colombia; doctorado en Ciencias - Biología, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Caldas, Manizales, Caldas, Colombia

² Parque Nacional Natural Selva de Florencia, Parques Nacionales Naturales de Colombia, Corregimiento de Florencia, Samaná, Caldas, Colombia

³ Grupo de Investigación en Genética, Biodiversidad y Manejo de Ecosistemas (GEBIOME), Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Caldas, Manizales, Caldas, Colombia

Antecedentes: La sarna sarcóptica es una enfermedad muy contagiosa causada por el ácaro *Sarcoptes scabiei* que afecta los mamíferos, incluidos los humanos. Sin embargo, la información disponible en países con gran diversidad de mamíferos como Colombia, es limitada.

Objetivo: Documentar un nuevo caso de sarna sarcóptica en un puercoespín andino (*Coendou quichua*) de la cuenca media del río Magdalena.

Materiales y métodos: Describimos la histopatología asociada con la sarna, y el ciclo de vida de *S. scabiei* a partir de muestras de piel del puercoespín. También, construimos un árbol filogenético con secuencias del gen *16S* reportadas para *S. scabiei* en el Genbank.

Resultados: Se confirma morfológica y molecularmente al ácaro como *S. scabiei*, y se encuentra una gran cercanía de nuestra secuencia genética con otras reportadas previamente. Se describe el ciclo completo del ácaro, como la presencia de huevos dentro de las madrigueras maternas en el estrato córneo de la piel, larvas y ninfas en la capa superficial de la piel y la presencia predominante de hembras adultas en madrigueras y túneles excavados en la capa basal de la epidermis del puercoespín. En Sudamérica, en 15 especies de mamíferos, en su mayoría carnívoros, artiodáctilos y roedores, se ha documentado la sarna, siendo este el cuarto caso reportado en Colombia.

Conclusiones: Consideramos que la información sobre esta problemática es limitada a escala nacional, por lo que es urgente evaluar el riesgo de esta condición en los mamíferos silvestres, lo que contribuiría al conocimiento epidemiológico y las posibles implicaciones de la sarna sarcóptica en la ecología y conservación de los mamíferos en el país.

Palabras clave: Mammalia, parásito, ácaro, Rodentia, enfermedad de piel

T84 - Miosina B de *Plasmodium falciparum* y su papel en la invasión del parásito al glóbulo rojo

Jacqueline Chaparro-Olaya

Universidad El Bosque, Vicerrectoría de Investigaciones, Laboratorio de Parasitología Molecular, Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes: *Plasmodium falciparum* es un parásito intracelular obligado; por eso, su supervivencia depende de su capacidad para invadir células del huésped. La estrategia de locomoción/invasión del parásito es conocida como *liding* e involucra maquinaria proteica dirigida por un motor miosina. En *P. falciparum* se han identificado seis miosinas (PfMyoA a PfMyoF), pero sólo se ha caracterizado funcionalmente a PfMyoA, la cual participa en la invasión. No se conoce la función de las otras miosinas, pero se ha sugerido que PfMyoB también podría estar involucrada en este proceso.

Objetivos: Explorar la posible participación de PfMyoB en la invasión de *P. falciparum* a eritrocitos y si tiene redundancia funcional con PfMyoA.

Métodos: Se generaron anticuerpos policlonales contra PfMyoB. Como antígenos, se usaron proteínas recombinantes y péptidos sintéticos. Se obtuvieron parásitos *knock-out* para los genes *pfmyo-a* y *pfmyo-b*, usando recombinación homóloga sencilla.

Resultados: Sólo un anticuerpo logró detectar a PfMyoB y permitió establecer que su localización celular es distinta a la de PfMyoA. Sin embargo, el anticuerpo no fue útil para reconocer proteínas de interacción porque falló al intentar inmunoprecipitar a PfMyoB. El silenciamiento del gen *pfmyo-a* resultó en la muerte de la población *knock-out*, lo que impidió estudiar el comportamiento de PfMyoB en ausencia de PfMyoA. Finalmente, el silenciamiento del gen *pfmyo-b* no tuvo efecto aparente sobre la invasión, aunque alteró el desarrollo del parásito.

Conclusiones: Los resultados obtenidos parecen indicar que *pfmyo-b* no es un gen esencial para la supervivencia de los estadios intraeritrocíticos de *P. falciparum* y que PfMyoB no tiene una función complementaria con PfMyoA.

Palabras clave: *Plasmodium falciparum*, PfMyoB, invasión, silenciamiento génico

T85 - Expresión constitutiva de Cas9 en promastigotes de *Leishmania braziliensis*

Leidy Valentina Ortiz Barón, Jesús Esteban Gutiérrez León, William Alexander Pérez Mancipe, María Helena Ramírez Hernández, Luis Ernesto Contreras Rodríguez
Laboratorio de Investigaciones Básicas en Bioquímica, Universidad Nacional de Colombia

Antecedentes: Los protozoarios del género *Leishmania* son los agentes causantes de la leishmaniasis, enfermedad parasitaria para la cual no se dispone de medicamentos, tratamientos o vacunas eficaces. En consecuencia, es primordial encontrar alternativas terapéuticas basadas en la comprensión de la biología del parásito. El sistema de edición CRISPR/Cas9 resulta promisorio para identificar genes esenciales y generar líneas atenuadas con potencial vacunal.

Objetivos: Obtener líneas transfectantes de *Leishmania braziliensis* que expresen constitutivamente la endonucleasa Cas9, como punto de partida para la edición de su genoma mediante el sistema CRISPR/Cas9.

Métodos: Promastigotes de *L. braziliensis* se transfectaron con el plásmido pTB007-Viannia, previamente analizado por digestión enzimática y PCR. Los parásitos se seleccionaron en medio suplementado con higromicina y se caracterizaron molecularmente mediante PCR de hervido e inmunodetección por Western blot, utilizando anticuerpos policlonales anti-Cas9.

Resultados: El plásmido pTB007-Viannia, permitió obtener promastigotes transfectados resistentes al antibiótico de selección. El análisis molecular por PCR de hervido corroboró la presencia de los genes *cas9* y *t7nap* en los parásitos transfectados, en comparación con la línea *wild-type*. Por su parte, el suero inmune producido contiene anticuerpos policlonales anti-Cas9 que reconocieron específicamente la expresión de esta proteína en los parásitos transfectados, confirmando su identidad y utilidad para próximas pruebas.

Conclusiones: Se obtuvo una línea celular de *L. braziliensis* que expresa constitutivamente la endonucleasa Cas9, aportando un avance para implementar el sistema de edición CRISPR/Cas9 en este modelo patogénico en Colombia.

Palabras clave: *Leishmania braziliensis*, CRISPR/Cas9, transfección, anticuerpos policlonales, proteína recombinante

T86 - Identificación de regiones de unión de AMA-1 de *Babesia bovis* a eritrocitos bovinos: enfoque funcional para elegir candidatos vacunales

Laura Cuy-Chaparro^{1,2}, Gabriela Arévalo-Pinzón³, Michel David Bohórquez², Carlos Fernando Suárez⁴, Manuel Alfonso Patarroyo^{2,5}, Darwin Andrés Moreno⁶.

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

² Departamento de Biología Molecular e inmunología, Fundación Instituto de Inmunología de Colombia (FIDIC), Bogotá D.C., Colombia

³ Departamento Receptor-Ligando, Fundación Instituto de Inmunología de Colombia (FIDIC), Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Departamento de Bioinformática, Fundación Instituto de Inmunología de Colombia (FIDIC), Bogotá, D.C., Colombia.

⁵ Departamento de Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia.

⁶ Facultad de Ciencias, Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales [U.D.C.A.], Bogotá, D.C., Colombia.

Antecedentes: El desarrollo de vacunas contra *Babesia bovis* se ha centrado en la identificación de proteínas antigénicas importantes para la invasión. Entre estas se encuentra el antígeno de membrana apical 1 (AMA-1). Sin embargo, el mecanismo de la interacción molecular de AMA-1 con eritrocitos bovinos no se ha definido en *B. bovis*.

Objetivos: Identificar las regiones de AMA-1 de *B. bovis* asociadas con la adhesión a eritrocitos bovinos.

Materiales y métodos: Se determinaron la variabilidad genética y las señales de selección natural del *locus* ama-1 mediante métodos bioinformáticos. Después, la estructura del ectodominio AMA-1 se modeló, utilizando el *software* MODELLER 9.25 y se realizó la predicción de epítopos de células T y B con el *software* NetMHCIIpan.

Resultados: El gen *ama-1* de *B. bovis* presentó varias regiones bajo restricción funcional, con la mayor intensidad de presión selectiva negativa en la región codificante del dominio I (DI). Se encontraron tres péptidos de *B. bovis* AMA-1 con gran capacidad de unión a un receptor sensible al tratamiento con quimotripsina y neuraminidasa. Los péptidos derivados de la región DI están expuestos en la superficie de la proteína y contienen epítopos de células B y T.

Conclusiones: Se reporta por primera vez regiones de unión muy conservadas de AMA-1 de *B. bovis* (péptidos 42437, 42438 y 42443) a un receptor que contiene residuos de ácido siálico. Estas regiones poseen epítopos de células B y T. Los datos destacan la importancia del enfoque funcional para poder elegir candidatos para ser evaluados en una vacuna sintética contra *B. bovis*.

Palabras clave: *Babesia bovis*, AMA-1, región de unión, adhesión, eritrocito-bovino

T87 - Perfiles electroforéticos de fosfocarbonilación en proteínas de membrana de eritrocitos deficientes en glucosa-6-fosfato deshidrogenasa infectados con *Plasmodium falciparum*

Isaac De La Rosa, Elizabeth Castro Larios, Érika Rodríguez-Cavallo, Darío Méndez-Cuadro
Grupo de Investigación en Química Analítica y Biomedicina, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales,
Universidad de Cartagena, Facultad de Ciencias Farmacéuticas, Cartagena

Antecedentes: La deficiencia de glucosa-6-fosfato deshidrogenasa (G6PD) es una eritroenzimopatía que confiere protección frente a signos clínicos de malaria grave; no obstante, aún se desconocen muchos aspectos moleculares de esta protección. Las proteínas de membrana del eritrocito humano son importantes en la infección por *P. falciparum*, y sensibles a la fosforilación y la carbonilación.

Objetivos: Identificar cambios en estas modificaciones postraduccionales en dichas proteínas que guarden relación con los mecanismos protectores residentes en la deficiencia de G6PD.

Métodos: Se han obtenido cultivos sincrónicos de alta parasitemia del clon FCB-2 en eritrocitos deficientes de G6PD y controles sanos. Las proteínas de membrana obtenidas mediante degradación hipotónica se cuantificaron por colorimetría. Se visualizaron perfiles de proteínas fosforiladas con la tinción de quercetina en geles SDS-PAGE; mientras que los cambios en el oxiproteoma de membrana se determinaron mediante metodología Western, empleando sonda de 2,4-dinitrofenil-hidracina y anticuerpos anti-DNP. También, se incluyeron controles no parasitados.

Resultados: Se halló similitud en los perfiles electroforéticos de proteínas fosforiladas en eritrocitos deficientes y controles no parasitados, pero, hubo un mayor grado de oxidación en los deficientes. En infectados, se han obtenido cultivos sincrónicos *in vitro*, con parasitemias entre 40 % y 50 %. Los perfiles electroforéticos de proteínas carboniladas de los eritrocitos parasitados, muestran un mayor grado de oxidación en las muestras con deficiencia de G6PD que comienza desde la fase de anillos. Los perfiles de fosforilación se encuentran actualmente bajo análisis.

Conclusiones: Las proteínas de membrana de eritrocitos deficientes presentan un mayor grado de carbonilación que los glóbulos rojos normales, tanto en ausencia como en presencia del parásito *P. falciparum* FCB-2.

Palabras clave: deficiencia de G6PD, *Plasmodium falciparum*, eritrocito humano, proteínas de membrana, fosforilación y carbonilación de proteínas

T91 - Evaluación de la observancia y la cobertura de la vigilancia entomológica de la enfermedad de Chagas en La Mesa, Cundinamarca

Paola Mesa¹, Omar Cantillo², Juan Carlos Quintero³

¹ Grupo de Epidemiología, Facultad Nacional de Salud Pública, Universidad de Antioquia

² Laboratorio BCEI, Universidad de Antioquia

³ Grupo de Ciencias Veterinarias-Centauro, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia

Introducción: La enfermedad de Chagas es endémica en diferentes países de Latinoamérica y las iniciativas multinacionales han logrado reducir la transmisión vectorial. El cumplimiento de las actividades de prevención de las enfermedades transmitidas por vectores y la amplia cobertura de las estrategias, son de suma importancia para la prevención y el control.

Objetivo: Determinar los potenciales factores asociados a la presencia de triatominos y evaluar la observancia y la cobertura de la vigilancia entomológica en el municipio de La Mesa, Cundinamarca.

Materiales y métodos: Mediante entrevistas semiestructuradas, se analizaron datos de forma cualitativa mediante temas y categorías y, finalmente, se realizó la triangulación de los resultados.

Resultados: El número de bombillas (≥ 7) en el intradomicilio, las tejas de barro, el arrume de piedras y el avistamiento de animales sinantrópicos alrededor del domicilio, fueron factores asociados con el avistamiento de triatominos en las viviendas del casco urbano. El porcentaje de cobertura de la vigilancia entomológica fue del 2,08 %. En las viviendas, el cumplimiento del proceso de recolección fue del 17,90 % y, del proceso de notificación de vectores, fue del 25,74 %. La percepción de poca observancia y cobertura se relacionó con la falta de implementación de estrategias de información, educación y comunicación.

Conclusión: La escasez de recursos físicos y humanos, la forma en la cual se priorizan las intervenciones en los territorios y la falta de intervenciones educativas referentes a la enfermedad de Chagas, son factores que pueden explicar la poca observancia y cobertura de las estrategias de vigilancia entomológica.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, investigación de la implementación, vigilancia entomológica

T92 - Ecoepidemiología de la leishmaniasis en un foco mixto del municipio de El Carmen de Bolívar, Colombia

Suljey Cochero Bustamante¹, Melissa Cárdenas¹, Matilde Rivero Rodríguez¹, Luis Paternina Tuirán¹, Liris Yepes Fuentes², Eduar Bejarano Martínez¹

¹ Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre

² Universidad de Cartagena

Antecedentes: En la Región Caribe colombiana, el principal foco de leishmaniasis está en el municipio de El Carmen de Bolívar, área donde se registran todas las formas clínicas de la endemia.

Métodos: Se analizó la ecoepidemiología de la leishmaniasis en la vereda El Bledo, municipio de El Carmen de Bolívar, en el contexto de la implementación de un sistema de información geográfica. Se hicieron capturas de flebotomíneos con trampas de luz de tipo CDC y se utilizaron pruebas rápidas para el diagnóstico de leishmaniasis visceral canina. También, se detectó ADN de *Leishmania* en flebotomíneos y perros, mediante amplificación por PCR de las regiones ITS1 y Hsp70.

Resultados: Las viviendas están construidas principalmente con paredes de bahareque, techo de cinc y piso de tierra; disponen de servicio de energía eléctrica, y se encuentran rodeadas de cultivos y zonas boscosas. El 45 % de los encuestados conoce la enfermedad. De 38 muestras de perros analizadas con pruebas rápidas, 4 (10,5 %) fueron positivas. Se identificaron 9 especies de flebotomíneos: *Lutzomyia evansi*, *Lu. gomezi*, *Lu. dubitans*, *Lu. rangeliana*, *Lu. c. cayennensis*, *Lu. micropyga*, *Lu. atroclavata*, *Lu. carpenteri* y *Lu. trinidadensis*. Se detectó infección con tripanosomatídeos en las especies *Lu. evansi*, *Lu. gomezi*, *Lu. c. cayennensis* y *Lu. micropyga*.

Conclusiones: Por su abundancia, *Lu. evansi* y *Lu. gomezi* podrían actuar como vectores principales del parásito en este foco de la enfermedad.

Palabras clave: flebotomíneos, *Lutzomyia*, leishmaniasis, vectores

T93 - Seroprevalencia de la enfermedad de Chagas en la población indígena Hitnü-Macaguán del departamento de Arauca

Dina Ricardo Caldera¹, Claudia Galeano Páez², Lyda Espitia-Pérez², Catalina Tovar Acero¹, Paula Avilés Vergara¹, Sara Soto De León¹, Ana Marcela Peñata², Andrés Coneo², Pedro Espitia-Pérez², Karina Pastor Sierra², Luisa Jiménez Vidal², Shirley Salcedo-Arteaga², Gean Arteaga-Arroyo², Alicia Humanéz Álvarez², Hugo Brango-García³, Osnamir Bru-Cordero⁴, Álvaro J. Idrovo⁵, Claudia Amaya⁵

¹ Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales y Resistencia Bacteriana, Universidad del Sinú, Montería, Colombia

² Grupo de Investigación Biomédicas y Biología Molecular, Universidad del Sinú, Montería, Colombia

³ Departamento de Matemáticas y Estadística, Universidad del Norte, Barranquilla, Colombia

⁴ Facultad de Ciencias e Ingeniería, Laboratorio de Investigaciones Biomédicas y Biología Molecular, Universidad del Sinú, Montería, Colombia

⁵ Departamento de Salud Pública, Escuela de Medicina, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

Antecedentes: El pueblo Hitnü es un grupo indígena de tradición seminómada establecido en las riberas del río Ele, el cual se encuentra en riesgo de exterminio físico y cultural por el desplazamiento ancestral, el conflicto armado, la explotación de hidrocarburos, las enfermedades asociadas a su nuevo estilo de vida y el abandono estatal.

Objetivo: Determinar la seroprevalencia de la enfermedad de Chagas en la población indígena Hitnü-Macaguán.

Materiales y métodos: Es un estudio descriptivo de corte transversal llevado a cabo entre febrero y marzo de 2021, en seis localidades del pueblo indígena Hitnü. Se realizó una tamización serológica para la detección de anticuerpos IgG anti-*Trypanosoma cruzi* mediante la técnica ELISA, utilizando dos kits de principio antigénico diferente. Se caracterizaron las viviendas, el entorno y el consumo de alimentos, mediante una encuesta y entrevistas; se indagó la percepción de la población sobre la enfermedad de Chagas.

Resultados: Se seleccionaron 88 individuos de la población, con un promedio de edad de $26,38 \pm 14,27$ años en un rango de 6 a 70 años. La prevalencia general de anticuerpos fue del 51 %; las comunidades con mayor número de seropositivos fueron Las Vegas y Monogarra. Predominaron las viviendas con piso de tierra (93,3 %), paredes de madera, palma y guaduas (61 %), y techos de palma (57,3 %). Entre los hábitos de alimentación, consumen un vino de palma “vinete” y carne de animales silvestres.

Conclusiones: Se encontró una gran seroprevalencia de *T. cruzi*; el consumo de “vinete” y animales silvestres puede considerarse como factor de riesgo para la aparición de brotes por transmisión oral.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, seroprevalencia, indígenas Hitnú, *Trypanosoma cruzi*, desplazamiento

T94 - Detección serológica y molecular de *Leptospira* spp. en pacientes con síndrome febril del Hospital Salazar de Villeta, Cundinamarca, ColombiaMarylin Hidalgo¹, Juan David Rodas², Heidy Martínez¹, Juliana Gil Mora¹¹ Grupo de Enfermedades Infecciosas, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia² Grupo Centauro, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Antecedentes: La leptospirosis es una enfermedad zoonótica ocasionada por especies patógenas de la bacteria *Leptospira*. La transmisión ocurre por contacto con orina de animales portadores del microorganismo, agua o superficies contaminadas. Estudios previos en el municipio de Villeta, Cundinamarca, reportaron casos de síndrome febril agudo indiferenciado con diagnóstico presuntivo de dengue, confirmados como positivos para *Leptospira* spp.

Materiales y métodos: Se recolectaron 56 muestras de suero, en fases aguda y convaleciente, de pacientes con síndrome febril agudo indiferenciado del Hospital Salazar de Villeta. Se hizo análisis serológico por medio de ELISA para la detección de anticuerpos IgM contra *Leptospira* spp., considerando como positivo la seroconversión entre fases. Para el análisis molecular, se extrajo ADN a partir de sangre y orina de las muestras en fase aguda y se practicó PCRc para la amplificación de los genes *16S* y *Lip32*.

Resultados: *Análisis serológico:* Se obtuvo un total del 20 % (11/56) muestras positivas, 71 % (40/56) muestras negativas y 9 % (5/56) muestras con resultado indeterminado. *Análisis molecular:* 9 % (5/56) de las muestras fueron positivas en sangre y 7 % (4/56) en orina para ambos genes.

Conclusiones: El síndrome febril agudo indiferenciado es un síndrome común en Colombia; en muchas ocasiones, se atribuye su aparición a agentes patógenos endémicos, como el dengue, ignorando otros microorganismos que circulan en el país que no son diagnosticados de manera rutinaria. En este estudio se confirma la circulación de *Leptospira* spp. en pacientes febriles del municipio de Villeta, lo cual destaca su importancia en la búsqueda activa en esta región.

Palabras clave: *Leptospira*, zoonosis, síndrome febril agudo indiferenciado, leptospirosis, Colombia

T95 - Vigilancia de la resistencia a piretroides en poblaciones naturales de *Rhodnius prolixus* y *Triatoma dimidiata* (Hemiptera: Reduviidae)

Sara Zuluaga Aguirre¹, Omar Cantillo Barraza¹, Plutarco Urbano², Omar Triana Chávez¹

¹ Grupo BC El Biología y Control de Enfermedades infecciosas, Universidad de Antioquia

² Grupo de Investigaciones Biológicas de la Orinoquia_GINBIO, Universidad del Trópico

Introducción: La resistencia de los triatominos a insecticidas se ha reportado en gran parte del continente americano, lo que representa una amenaza para el control vectorial. En Colombia, la eliminación de poblaciones domésticas de triatominos está basada en el uso de insecticidas; no obstante, se desconoce el estado de resistencia a estos.

Objetivo: Caracterizar el grado de resistencia a insecticidas piretroides en poblaciones naturales de *Rhodnius prolixus* y *Triatoma dimidiata*, e identificar posibles mutaciones en el gen del canal de sodio dependiente de voltaje involucradas en la resistencia a estos insecticidas.

Materiales y métodos: Se evaluaron poblaciones naturales de *R. prolixus* (Pore, Casanare) y *T. dimidiata* (Socotá, Boyacá) mediante bioensayos (OMS), utilizando ninfas de estadio I. La mortalidad con los piretroides permetrina y lambdacialotrina, se evaluó a las 72 horas. Para verificar mutaciones puntuales del gen del canal de sodio, se realizó extracción de ARN, síntesis de ADNc, y amplificación y secuenciación de las subunidades 4 a 6 del dominio 2.

Resultados: Los resultados preliminares demostraron que la población de *T. dimidiata* presenta grados de resistencia (G.R50) de 1,97 y (G.R90) de 3,09 contra el insecticida lambdacialotrina. Mediante PCR, se amplificó un fragmento del gen del canal de sodio, utilizando los cebadores reportados para dicho gen en *T. infestans*, y se está a la espera de los datos de secuenciación.

Conclusión: Los resultados preliminares indican que *T. dimidiata* presenta algún grado de resistencia a los insecticidas y se espera un resultado similar para la especie *R. prolixus*.

Palabras clave: resistencia, triatominos, vectores, piretroides, enfermedad de Chagas

T96 - Efecto de la temperatura en la actividad horaria de picadura de *Anopheles* en dos municipios del Pacífico caucano, Colombia

Nicole Vargas-García¹, Nicole Álvarez-Fernández¹, Karent Cotazo-Calambas¹, Jennifer Ballesteros¹, Carlos Andrés Morales², Martha Ahumada³, Manuela Herrera-Varela¹

¹ VectorLink project Colombia

² Secretaría Departamental de Salud del Cauca, Colombia

³ Grupo de Entomología, Dirección de Investigación en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción: La dinámica poblacional de mosquitos vectores adquiere importancia para determinar factores de riesgo en la transmisión de la malaria y en el diseño de estrategias para su control.

Objetivo: Identificar si la temperatura está relacionada con cambios en la densidad de *Anopheles albimanus* y *An. neivai* en el intradomicilio y peridomicilio en dos municipios del Pacífico caucano.

Materiales y métodos: Los mosquitos fueron capturados con atrayente humano en el intradomicilio y el peridomicilio entre las 17:00 y las 05:00 horas; la temperatura se registró en los dos ambientes cada hora, usando termohigrómetros. Se calcularon las correlaciones de Pearson y Spearman.

Resultados: Se capturaron 95.940 mosquitos, el 20 % correspondió a *An. albimanus* y, el 80 %, a *An. Neivai*. Se encontraron preferencias de *An. Albimanus* por el peridomicilio del 78,4 y 55,5 % en Timbiquí y Guapi, respectivamente. Para *An. Neivai*, se encontró preferencia por el peridomicilio del 59,5 % en Timbiquí, pero en Guapi no hubo preferencia por ningún ambiente. Para *An. Neivai*, la correlación entre temperatura y densidad fue positiva en los dos ambientes en ambos municipios (0,76 a 0,86; $p < 0,05$). Para *An. albimanus*, se observó tendencia positiva en Guapi (intra=0,84 y peri=0,57; $p < 0,05$), pero no hubo correlación en Timbiquí. Se identificó un valor máximo de densidad para *An. neivai* a $27,2 \text{ } ^\circ\text{C} \pm 0,75$ y para *An. albimanus* a $26,6 \text{ } ^\circ\text{C} \pm 1,17$.

Conclusiones: El análisis preliminar indica que la temperatura puede tener un mayor efecto sobre el comportamiento de picadura de *An. neivai* en el intradomicilio y el peridomicilio, respecto al efecto encontrado en *An. albimanus*.

Palabras clave: temperatura, *Anopheles*, intradomicilio, peridomicilio

T97 - Detección de *Flavivirus* en mosquitos (Diptera; Culicidae) circulantes en zona rural del departamento de Vichada, Colombia

David Martínez¹, Marcela Gómez^{1,2}, Jorge Luis De las Salas³, Carolina Hernández¹, Marina Muñoz¹, Alexander Zamora Flórez³, Juan David Ramírez^{1,4}

¹ Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología-UR (CIMBIUR), Facultad de Ciencias Naturales, Universidad del Rosario, Bogotá, Colombia

² Grupo de Investigación en Ciencias Básicas (NÚCLEO) Facultad de Ciencias e Ingeniería, Universidad de Boyacá, Tunja, Colombia

³ Secretaría Departamental de Salud del Vichada, Colombia

⁴ Molecular Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell-based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA

Antecedentes: La circulación de familias virales potencialmente patógenas, su interacción con los vectores y la fragmentación de ecosistemas, tienen como consecuencia posibles brotes de arbovirus emergentes y reemergentes.

Objetivo: Identificar las especies de mosquitos (Culicidae) circulantes en el departamento de Vichada y describir la frecuencia de infección del género *Flavivirus*.

Materiales y métodos: En diferentes zonas rurales del departamento de Vichada, se realizó la recolección del material biológico. La identificación de las especies de mosquitos se llevó a cabo mediante caracteres morfológicos y, en algunos casos, marcador molecular. Los grupos e individuos recolectados se procesaron para la extracción de ARN, síntesis de ADNc y detección de flavivirus mediante PCR convencional.

Resultados: Se capturaron 1.159 mosquitos y la especie que se encontró en mayor abundancia fue *Aedes serratus*, 73,6 % (n=853). En total, se procesaron 235 grupos y 46 individuos; el 37,01 % (n=104) presentó infección por *Flavivirus*. La infección predominó en los grupos compuestos por individuos de la especie *Ae. Serratus* y *Ps. Albites*, con una frecuencia de 68,27 % (n=71) y 19,27 % (n=19), respectivamente. Finalmente, se encontró un (0,96 %) individuo de la especie *Wyeomyia abebela* infectado por *Flavivirus*.

Conclusiones: Los datos de infección de los mosquitos capturados en este estudio muestran la posible circulación de diferentes especies virales del género *Flavivirus*. Dado lo anterior, se resalta la importancia de realizar estudios de vigilancia entomoviológica, especialmente en zonas de baja intervención antropogénica, debido a las grandes probabilidades de que virus potencialmente patógenos generen eventos de *spillover*.

Palabras clave: Flavivirus, Culicidae, vigilancia entomoviológica, frecuencia de infección

T101 - *Ascaridia galli*: reporte de migración errática en huevos para consumo humano en Bucaramanga, Colombia

Andrea Liliana Bautista Vanegas, María Victoria Esteban Mendoza, Daniel Leonardo Cala Delgado
Universidad Cooperativa de Colombia

Objetivo: Describir la migración errática y la recuperación de manera inusual de *Ascaridia galli*, parásito gastrointestinal que afecta principalmente a las aves que son criadas en sistemas de producción semiintensivos o extensivos.

Materiales y métodos: Treinta unidades de huevos de gallina fueron analizadas mediante pruebas de frescura en el Laboratorio de Alimentos de la Universidad Cooperativa de Colombia, sede Bucaramanga. Mediante el proceso, se observó en uno de los huevos un objeto de forma alargada presente en la albúmina y recubierto por moco; para su identificación la muestra fue remitida al laboratorio clínico veterinario BIOVET.

Resultados: El objeto se examinó bajo el microscopio de luz y sus características morfológicas permitieron identificar una forma parasitaria, determinando un ejemplar perteneciente al género *Ascaridia*, especie *galli*; según la descripción del parásito se asemejó a una hembra adulta, aproximadamente de 6,5 cm de longitud.

Conclusiones: Se concluye que, a pesar de que la presencia de *A. galli* en huevos para el consumo no causa enfermedad en los humanos, puede transmitir otros agentes patógenos como *Escherichia coli*, *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Cryptosporidium* spp. y *Giardia intestinalis*, poniendo en riesgo la salud pública. Es por ello que se deben implementar y mantener planes estratégicos de bioseguridad en las granjas de producción, que busquen disminuir la presencia de microorganismos patógenos, principalmente en los sistemas semiintensivos o extensivos.

Palabras clave: parásito, gallinas, sanidad, nematodo, salud pública

T102 – Descripción de la microbiota intestinal de bovinos Holstein parasitados por *Fasciola* en un área hiperendémica para fascioliasis en el centro de Colombia

Angie L. Ramírez¹, Giovanni Herrera¹, Marina Muñoz¹, Laura Vega¹, Lissa Cruz-Saavedra¹, Diego García-Corredor^{1,2}, Martín Pulido-Medellín², Diana M. Bulla-Castañeda², Julio César Giraldo^{3,4}, María Consuelo Bernal⁵, José Fernández-Manrique⁶, Luis R. Vásquez-Arteaga⁷, Juan David Ramírez^{1,8}

¹ Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología –UR (CIMBIUR), Facultad de Ciencias Naturales, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de Investigación en Medicina Veterinaria y Zootecnia (GIDIMEVETZ), Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia (UPTC), Tunja, Colombia

³ Grupo de Investigación en Parasitología y Microbiología Tropical, Programa de Biología, Universidad INCCA de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Facultad de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad Militar Nueva Granada, Bogotá, D.C., Colombia

⁵ Escuela de Ciencias de la Salud (Ecisalud), Universidad Nacional Abierta y a Distancia, Bogotá, D.C., Colombia

⁶ Laboratorio de Parasitología, Escuela de Ciencias Animales, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales, Universidad de los Llanos, Villavicencio, Colombia

⁷ Centro de Estudios en Microbiología y Parasitología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

⁸ Molecular Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell-based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA; Director científico, CIMBIUR

Antecedentes: La capacidad de identificar cambios en la composición de la microbiota intestinal de huéspedes parasitados, es importante en la comprensión de procesos fisiológicos que pueden afectar la productividad animal. Los estudios han sugerido que los helmintos como *Fasciola*, pueden influir en la composición microbiana de sus huéspedes debido a su capacidad inmunomoduladora. **Objetivo:** Describir la microbiota intestinal de bovinos Holstein parasitados por *Fasciola* por medio de métodos parasitológicos y ELISA.

Materiales y métodos: Se obtuvieron muestras de heces bovinas (n=65) provenientes de plantas de beneficio animal ubicadas en el altiplano cundiboyacense colombiano (una región hiperendémica para la fascioliasis bovina). De estas, se emplearon 35 muestras negativas y 30 positivas para *Fasciola hepatica* en los análisis de detección y se estudiaron mediante secuenciación de próxima generación basada en amplicones de los genes *16S-rRNA* y *18S-rRNA*.

Resultados: Se encontró una reducción en la abundancia relativa de Bacteroidetes y Ascomycota en las muestras positivas para *Fasciola*, junto con una disminución de la abundancia relativa de taxones comensales como Rikenellaceae y Bacteroidaceae.

Conclusiones: Se encontró que los bovinos parasitados por *Fasciola* presentaron una reducción de la abundancia relativa de taxones comensales previamente asociados a procesos de fermentación y digestión, lo cual podría ser un efecto del parásito previamente no explorado. Sin embargo, son necesarios estudios futuros con enfoques metabólicos y análisis funcionales de la microbiota intestinal para respaldar esta hipótesis.

Este estudio representa el primer estudio descriptivo dirigido hacia la comprensión de las comunidades procariontas y eucariontas que habitan los ecosistemas intestinales en bovinos con infección por *Fasciola* y sin ella.

Palabras clave: *Fasciola*, bovinos, microbiota, infecciones, bacteroidetes

T103 - Parásitos gastrointestinales en materia fecal de bovinos en las sabanas de Arauca, Colombia

Clara Romero-Hurtado¹, Germán Prada Sanmiguel¹, Ariosto Ardila Silva¹, Andrea del Pilar Uribe¹, Pilar Calvo Robayo¹, Julio Tobón²

¹Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de La Salle, Bogotá, D.C., Colombia

²Vecol, S.A.

Antecedentes: La proteína de origen bovino es fundamental en el consumo de los colombianos y los parásitos gastrointestinales son una fuente de preocupación por el impacto sanitario y económico. Esta investigación se desarrolló entre la Universidad de La Salle (Bogotá, Colombia), y la Empresa Colombiana de Productos Veterinarios Vecol, en el departamento de Arauca, de la Orinoquía Colombiana.

Objetivo: Identificar los géneros de endoparásitos gastrointestinales que afectan a los bovinos de esta región.

Materiales y métodos: Se recolectaron muestras de materia fecal en épocas de verano e invierno durante el 2020, a un total de 1.300 animales, machos y hembras y distribuidos en tres grupos de edades, menores de 1 año, entre 1 y 3 años, y mayores de 3 años. Las muestras fueron procesadas mediante las técnicas coprológicas de McMaster, Baerman y coprocultivo.

Resultados: Se identificaron cargas parasitarias promedios 200 hpg de materia fecal, extremos de 2.000 hpg de materia fecal y 0 hpg, con presencia de *Haemonchus* spp. (40,7 %), *Ostertagia ostertagi* (36,5 %), *Trichostrongylus* spp. (29,25 %), *Cooperia* spp. (16,7 %), *Eimeria* spp. (9 %), *Oesophagostomum* spp. (4,8 %), Strongylidae (2,9 %), *Nematodirus* spp. (1,7 %), *Moniezia benedeni* (1,6 %), *Bunostomum* spp. (0,8 %) y *Ascaris suum* (0,1 %).

Conclusiones: Este trabajo es uno de los primeros reportes de endoparásitos gastrointestinales de la región, lo que lo convierte en un insumo para la generación de planes sanitarios ajustados a la realidad del territorio, con miras a la disminución del impacto que ocasionan las parasitosis intestinales en la especie productiva más importante para el país.

Palabras clave: bovinos, parásitos, Arauca, Colombia

T104 - Tratamiento exitoso con transfusión sanguínea y transfaunación para hemoparásitos en bovinos

Jesús Emilio Castillo Navarro
MVZ UDES, Valledupar, Colombia

Antecedentes: Es muy común encontrar hemoparásitos en el trópico bajo en Colombia, pues es una zona endémica; son transmitidos por garrapatas, moscas y tábanos. Tratarlos con un solo medicamento y sin apoyo laboratorial no es recomendable. La vaca 103-12 con hematocrito de 14 % fue tratada antes de realizar la transfusión que se indica en estos casos de anemia aguda.

Objetivos: Utilizar en el campo, a cielo abierto, la transfusión y la transfaunación.

Métodos: Se usó citrato de sodio más dextrosa al 5 % para recibir la sangre del animal donador. Preparar al animal receptor con corticoides, oxitetraciclina al 5 % intravenosa y lactato de Ringer, garantiza una mejor respuesta al sacar al animal del choque hipovolémico.

Resultados: Los animales tratados fueron positivos para *Babesia* spp., así como para *Anaplasma phagocytophilum*.

Conclusiones: En regiones endémicas de Colombia, se debe considerar el manejo adecuado de los animales debido a una mayor probabilidad de presentación de la enfermedad en la forma hiperaguda. La introducción de vectores como la garrapata en zonas endémicas hace necesario realizar controles más efectivos de estos artrópodos, así como la implementación de pruebas diagnósticas de gran especificidad y sensibilidad para la detección de anticuerpos con el fin de diagnosticar animales asintomáticos. Se deben hacer tratamientos con antibióticos efectivos, acompañados con terapia de soporte, incluida la transfusión de sangre, que evite el deterioro del paciente, mejorando así el pronóstico. Es indispensable mejorar el manejo de los animales que no han sido expuestos previamente a este agente, evitando así fases hiperagudas de la enfermedad en estos animales vulnerables.

Palabras clave: *Babesia*, *Anaplasma*, transfaunación, transfusión, hemoparásitos

T105 - Identificación de las especies de *Eimeria* en ovinos en trópico de altura colombiano

Rubén Darío Torres¹, Jimmy Jolman Vargas², Germán Afanador Téllez¹

¹ Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootécnica

² Universidad Nacional de Colombia, Intituto de Genética

Antecedentes: La coccidiosis ovina es una enfermedad parasitaria que afecta el tubo digestivo de los animales con implicaciones económicas. Además de la edad, la prevalencia de las especies de *Eimeria* varía con la ubicación geográfica, el tipo de explotación, la edad al destete, y factores ambientales como el clima y la estación; otro hallazgo común son las coinfecciones con diferentes especies del parásito. En Colombia, existen algunos trabajos sobre la prevalencia del género *Eimeria* spp., pero no se han identificado las especies que parasitan a los ovinos.

Materiales y métodos: Se tomaron muestras de materia fecal al momento del destete, de 29 corderos del Centro Agropecuario Marengo (CAM-UN) en abril de 2013, distribuidos de la siguiente forma: ocho de la raza criolla (19,5 %), siete Romney Marsh (21,22 %), siete Hampshire (21,88 %) y siete Corriedale (30,83 %). Las muestras se procesaron con la técnica de MacMaster y se identificaron por caracteres morfológicos y morfométricos.

Resultados: Se identificaron 12 especies de *Eimeria* en las cuatro razas presentes: criolla, Hampshire, Romney Marsh y Corriedale, las especies *E. ashata*, *E. ovinoidalis*, *E. crandallis*, *E. faurei*, *E. granulosa*, *E. parva*, *E. weybridgensis*, *E. pallida*, *E. marsica*, *E. ovina* y *E. punctata*. Se observaron infecciones mixtas en el 85,2 % de las muestras, en un rango entre 2 y 11 especies que afectan a los ovinos reconocidas por la comunidad científica. Además, se encontró una especie descrita en aves y ocasionalmente en ovinos, conocida como *E. gonzalezi* (*E. gonzalezcastroi*), pero no se sabe si es una infección espúrea.

Palabras clave: coccidiosis ovina, especies, morfología, morfometría

T106 - Identificación de los coleópteros *Alphitobius diaperinus* y *Carcinops troglodytes* en galpones de pollo de engorde en Colombia por medio de claves taxonómicas y del gen *COI* con ADNm

Camilo A Galindo-Acosta¹, Magda Beltrán², Jimmy Jolman Vargas³, Arlen Patricia Gómez²

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

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

³ Instituto de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.

Antecedentes: Los coleópteros *Alphitobius diaperinus*, *Carcinops pumilio* y *Carcinops troglodytes*, son escarabajos habituales en las granjas avícolas. Los *A. diaperinus* son insectos plaga en sus estadios larvarios y adultos, ya que genera pérdidas económicas en los sistemas de producción avícola a nivel global; también, son reservorios y vectores de agentes patógenos como virus, bacterias, hongos y parásitos. Los escarabajos del género *Carcinops* se han relacionado como predadores de otros insectos como *Musca doméstica*, *Fannia femoralis*, *Chrysomya putoria* y *A. diaperinus*, y se han hallado en dos zonas geográficas distintas, *C. pumilio* en las zonas templadas y *C. troglodytes* en las zonas tropicales. En Colombia, se desconoce la población de coleópteros que hacen parte de la entomofauna en los ambientes avícolas.

Objetivo: Establecer la clasificación por claves taxonómicas y con herramientas moleculares de ADN mitocondrial (*mtDNA*) citocromo oxidasa I (*COI*) de los escarabajos en galpones de pollo de engorde.

Resultados: Con la clasificación taxonómica, se identificaron dos coleópteros *A. diaperinus* y *C. troglodytes* con el 95,1 y el 4,9 %, respectivamente, del total de escarabajos. De la identificación con el gen *COI* se obtuvo una homología del 98,68 % con *A. diaperinus* con genes de referencia del GenBank confirmando su identidad, mientras que no se obtuvo homología para el *C. troglodytes* debido a que no se tiene un genoma de referencia con el cual hacer una comparación; por lo tanto, el genoma del gen *COI* de *C. troglodytes* del presente trabajo es el primer reporte para esta especie.

Palabras clave: *Alphitobius diaperinus*, *Carcinops troglodytes*, *COI*, *mtDNA*, avicultura, pollo de engorde

T107 - Understanding the epidemiological features of *Leishmania infantum* in dogs from the metropolitan area of Bucaramanga, Santander

Jeiczon Jaimes-Dueñez¹, Ángela Jimenez-Leaño¹, Laura-García¹, Lina Romero-Vera¹, Adriana Castillo-Castañeda², Juan David Ramírez², Jonny Duque³, Omar Cantillo-Barraza⁴, Omar Triana-Chávez⁴

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Animales, GRICA-UCC

² Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología, CIMBIUR-UR

³ Centro de Investigaciones en Enfermedades Tropicales, CINTROP-UIS

⁴ Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas, BCEI-UDEA

Background: Dogs are the main reservoir of *Leishmania infantum*, thus, their epidemiological surveillance is essential to control visceral leishmaniasis.

Aim: To determine the epidemiological features associated to the prevalence of *Leishmania* spp., in dogs from the Metropolitan Area of Bucaramanga, Santander.

Methods: The symptomatic group corresponded to 33 dogs with differential diagnoses of canine leishmaniasis, whereas the healthy group corresponded to 215 dogs from the Metropolitan Area of Bucaramanga. Light traps were used for the capture of vectors. For both mammals and vectors, the molecular diagnosis was performed using a PCR targeting the *Hsp70* gene. Serological analyzes were performed using immunofluorescence antibody test (IFAT).

Results: Molecular analyses showed a positivity rate of 24,2% (8/33) to *L. infantum* in the symptomatic group, with higher positivity in lymph node aspirations (6/33) compared with blood samples (2/33). No positive animals were detected in the healthy group. A seroprevalence of 24.8% was detected by IFAT, with higher values in symptomatic group (42.4%), followed by the asymptomatic one (21%). A total of 33 *Lutzomyia* specimens were collected, belonging to two main species (*L. camposi* and *L. dubitans*), without *Leishmania* spp. infection.

Conclusion: Our results show an active transmission cycle of *L. infantum* in dogs from the Metropolitan Area of Bucaramanga, with a higher rate of infection in the symptomatic ones, that suggests high pathogenicity of isolates, probably associated with genetic variants of the pathogen, as well as ecological conditions in the study area.

Keywords: zoonoses, reservoirs, vectors, trypanosomatids, leishmaniasis

T111 - Composición y comportamiento de especies de vectores de malaria recolectadas con aspirador Prokopack en las localidades de Guapi y Timbiquí, Cauca, Colombia

Karent Cotazo-Calambas¹, Nicole Álvarez-Fernández¹, Nicole Vargas-García¹, Jennifer Ballesteros¹, Martha Castro¹, Carlos Andrés Morales², Anderson Hair Piamba², Hernando Gil², Lilia Santacoloma³, Susanne Ardila³, Diana Lucumí-Aragón¹, Manuela Herrera-Varela¹

¹ USAID-VectorLink Project, Abt Colombia SAS, Colombia

² Secretaría de Salud Departamental del Cauca, Colombia

³ Grupo de Entomología, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá D.C, Colombia

Introducción: Para orientar adecuadamente las estrategias de control de los vectores, es crucial caracterizar los patrones de comportamiento de picadura y reposo de las especies vector en sus entornos específicos, así como vigilar sus cambios tras el uso generalizado de intervenciones químicas intradomiciliarias.

Objetivos: Recolectar información sobre el comportamiento de reposo en mosquitos *Anopheles* de la Región Pacífica del Cauca, Colombia.

Materiales y métodos: Se realizaron 144 muestreos en viviendas de las localidades de San José de Guare y El Carmelo en Guapi y, Brazo Corto y el Charco en Timbiquí, usando el aspirador Prokopack, desde las 05:00 hasta las 08:00 horas, en el intradomicilio –sala, cocina, baño y habitaciones– a un rango de altura entre 0,5 m y 2,0 m.

Resultados: Se recolectaron 1.289 mosquitos: 24 % Culicinae y 76 % Anophelinae. Esta última subfamilia se distribuyó así: *An. albimanus* (38,0 %), *An. neivai* (61,7 %) y *An. apicimacula* (0,3 %). La mayoría de los individuos de *An. neivai* fueron recolectados a alturas mayores de 1 m, mientras que *An. albimanus* lo fue a lo largo de diferentes alturas dentro del rango. El 20 % de los mosquitos *An. neivai* recolectados se encontraron alimentados, en contraste con el 60 % de *An. albimanus*. Respecto a la proporción de sexos, las hembras representaron el 99 % de mosquitos *Anopheles* recolectados.

Conclusiones: La presencia de mosquitos *An. neivai* alimentados sugieren un comportamiento endófago y endofílico, que contrasta con el comportamiento reportado para esta especie en el país, lo que posiblemente favorezca su capacidad para transmitir la malaria.

Palabras clave: *Anopheles*, actividad de reposo, endofagia, endofilia, malaria.

T112 - Comportamiento de picadura de *Anopheles albimanus* y *Anopheles neivai* en el Pacífico caucano (Colombia)

Nicole Álvarez-Fernández¹, Carolina Moreno¹, Nicole Vargas-García¹, Karent Cotazo-Calambas¹, Jennifer Ballesteros¹, Jarrinson Aguirre¹, Martha Castro¹, Edward Vargas¹, Carlos Andrés Morales², Diana Lucumí-Aragón¹, Martha Ahumada³, Manuela Herrera-Varela¹

¹ USAID-VectorLink project, Abt Colombia SAS, Colombia

² Secretaría Departamental de Salud del Cauca, Colombia

³ Grupo de Entomología, Dirección de Investigación en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, Colombia

Antecedentes: El control vectorial de la malaria, o paludismo, se basa principalmente en la distribución de toldillos con insecticida de larga duración y el rociamiento residual intradomiciliario. Sin embargo, existe información limitada con respecto a su eficacia contra vectores neotropicales de malaria que pueden exhibir diversos comportamientos de picadura.

Objetivo: Caracterizar el comportamiento de picadura de *Anopheles albimanus* y *An. neivai* en el Pacífico caucano, antes y durante la intervención con toldillos y fumigación de la Secretaría Departamental de Salud del Cauca.

Materiales y métodos: Se hizo un estudio longitudinal en 40 localidades de los municipios de Guapi y Timbiquí (Cauca) durante un periodo de 10 meses. Se capturaron mosquitos con atrayente humano en el intradomicilio y el peridomicilio, entre las 17:00 y 05:00 horas. Se calculó la tasa mensual de picadura mosquitos/humano/hora y la de mosquitos/humano/noche para cada mes, expresadas como promedio geométrico.

Resultados: Se recolectaron 88.344 mosquitos: *An. albimanus* (19,8 %) y *An. neivai* (80,2 %). *An. albimanus* registró actividad durante toda la noche, mientras *An. neivai* tuvo mayor actividad entre las 18:00 y 19:00 horas, mostrando hábitos crepusculares. *Anopheles albimanus* presentó una diferencia significativa entre los ambientes ($p=0,02$), evidenciándose un comportamiento exofágico; sin embargo, *An. neivai* no mostró preferencia ($p=0,63$). Durante el estudio, ambas especies presentaron mayor abundancia entre enero y febrero 2021. El mes con menor tasa de picadura mosquitos/humano/noche para *An. albimanus* fue diciembre de 2021 con 0,5 (IC_{95%} 0,3-1,1) y, para *An. Neivai*, mayo de 2021 con 2,8 (IC_{95%} 2,2-9,4).

Conclusión: Es necesario evaluar el impacto del comportamiento de picadura crepuscular de *An. neivai* y el exofágico de *An. albimanus* sobre la eficacia de las intervenciones de control vectorial implementadas en los municipios estudiados.

Palabras clave: *Anopheles*, malaria, paludismo, control de vectores, tasa de picadura

T113 - Mutaciones en el gen del canal de sodio en poblaciones colombianas de *Aedes aegypti* asociadas con el desarrollo de resistencia a insecticidas

Yurany Granada, Ana María Mejía, Omar Triana

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

Introducción: En Colombia, el uso de insecticidas es una de las medidas de control vectorial utilizadas para interrumpir y prevenir la transmisión de arbovirus por *Aedes aegypti*. Siendo los piretroides la mejor opción, su uso masivo genera presión de selección en las poblaciones de mosquitos y causa resistencia, la cual puede manifestarse como diferentes mutaciones en el canal de sodio. La caracterización de estas mutaciones en poblaciones de mosquitos, permite monitorear este fenómeno en poblaciones naturales.

El objetivo de este trabajo fue caracterizar el estado de resistencia a insecticidas en poblaciones naturales provenientes de diferentes municipios de Colombia e identificar la presencia de mutaciones en la región codificante del gen del canal de sodio.

Materiales y métodos: La sensibilidad a los insecticidas piretroides permetrina (tipo I) y lambdacialotrina (tipo II), se evaluó mediante pruebas moleculares según las técnicas recomendadas por la OMS y el CDC. Las frecuencias alélicas para las mutaciones 419, 1016 y 1534 del gen del canal de sodio, se determinaron mediante una PCR alelo específica.

Resultados: Todas las poblaciones evaluadas mostraron resistencia al insecticida permetrina, mientras que, para lambdacialotrina, se evidenció resistencia en siete de las 12 poblaciones evaluadas. Las cinco poblaciones restantes presentaron indicios de resistencia. En todas las poblaciones se encontraron mutaciones en el gen del canal, en las posiciones 419, 1016 y 1534, siendo esta última la más frecuente.

Conclusión: Teniendo en cuenta el papel que juegan las mutaciones en el gen del canal de sodio, se propone implementar la vigilancia molecular de estas mutaciones en las poblaciones de mosquitos colombianas para monitorear la resistencia como una excelente iniciativa para la toma de decisiones por las entidades de salud pública, para el control de enfermedades transmitidas por mosquitos.

Palabras clave: Resistencia, insecticidas, *Aedes aegypti*

T114 - Efecto de las fuentes lumínicas artificiales en la intrusión de Triatomínos (Hemiptera: Reduviidae) en viviendas rurales de Casanare, Colombia

Helen Jineth Rincón Galvis¹, Fred Manrique Abril², Bibiana Matilde Bernal Gómez³

¹ Grupo de investigación biomédica y de patología Uptc-AGENF. Estudiante de maestría ciencia biológicas (UPTC)

² Grupo de investigación biomédica y de patología UPTC-AGENF. Docente Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia (UPTC) y Universidad Nacional de Colombia (UNAL)

³ Grupo de investigación biomédica y de patología Uptc-AGENF. Docente Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia (UPTC)

Antecedentes: La enfermedad de Chagas es una parasitosis transmitida principalmente por triatomínos, que migran a ambientes domiciliarios debido a los desequilibrios ambientales y a actividades antrópicas. Estos vectores han sido intervenidos con insecticidas, químicos que producen resistencia y son causas de reinfestación, incrementándose los gastos económicos y los índices de infección e infestación peridomiliaria.

Objetivo: Determinar la eficacia y efectividad de las fuentes lumínicas artificiales en la intrusión de los triatomínos en viviendas rurales del departamento de Casanare, Colombia.

Métodos: Se diseñó un estudio comunitario con dos etapas. En la primera, se determinaron las diferentes longitudes de onda lumínica con poca intrusión de triatomínos. En la segunda etapa, se evaluará la efectividad de estas fuentes lumínicas con menor atracción en dos ecosistemas rurales de bosque y sabana-rastrojo, y se determinarán los índices entomológicos de infestación e infección por *T. cruzi* en los triatomínos recolectados.

Resultados: Se espera que la intrusión varíe frente a las diferentes longitudes de onda lumínica artificial, donde, durante la fase-1, el modelo de predicción (OR=0,25) asociación por color del programa JAMOV1, reportó las fuentes lumínicas con baja respuesta de intrusión, roja (OR=0,01), ultravioleta (OR=0,07), verde (OR=0,07) y amarilla (OR=0,13); bombillos que están en proceso de evaluación en la trampa trípode TrapLuz Nochnir en los diferentes ecosistemas-campo (fase 2). Para poder llegar a un resultado concreto a la comunidad, amigable con el medio ambiente y su fauna; son el propósito de innovador con un método para el control de los triatomínos a menos costo e impactar a la comunidad.

Palabras clave: Casanare, control entomológico, enfermedad de Chagas, intrusión, vigilancia epidemiológica

T115 - Relaciones filogenéticas y patrones evolutivos del género *Psammolestes* Bergroth, 1911 (Hemiptera: Reduviidae: Triatominae)

Carolina Hernández¹, Mateo Alvarado¹, Fabián C. SalgadoRoa^{2,3}, Nathalia Ballesteros¹, Nicol RuedaM², Jader Oliveira^{4,5}, Kaio Cesar Chaboli Alevi⁴, Joao Aristeu da Rosa⁴, Plutarco Urbano⁶, Camilo Salazar², Juan David Ramírez¹

¹ Centro de Investigaciones en Microbiología y BiotecnologíaUR (CIMIBIUR), Facultad de Ciencias Naturales, Universidad del Rosario, Bogotá, Colombia.

² Grupo de Genética Evolutiva y Filogeografía, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad del Rosario, Bogotá, Colombia.

³ School of BioSciences, The University of Melbourne, Parkville, VIC 3010, Australia.

⁴ Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Farmacêuticas, Araraquara, Sao Paulo 01000, Brazil.

⁵ Universidade de São Paulo (USP), Faculdade de Saúde Pública, São Paulo, SP, Brazil.

⁶ Grupo de Investigaciones Biológicas de la Orinoquía, Universidad Internacional del Trópico Americano (Unitrópico), Yopal, Colombia.

Antecedentes: La historia evolutiva de la biodiversidad de Suramérica ha sido pobremente explorada en el bosque seco tropical comparado con otras regiones, especialmente la de los artrópodos. Entender los patrones de diversificación en estos hábitats es importante en taxones que pueden tener relevancia epidemiológica.

Objetivos: Evaluar el número de linajes genéticos de *Psammolestes* y explorar la relevancia del conservatismo de nicho en su diversificación.

Materiales y métodos: Se emplearon métodos filogenéticos, de genética de poblaciones y de modelado de nicho.

Resultados: El análisis multilocus demostró *P. coreodes* y *P. tertius* en un clado monofilético hermano de *P. arthuri*, y los análisis de delimitación de especies recuperaron estos linajes como especies diferentes a pesar de su variación genética compartida, sin flujo genético. Además, el modelo demográfico predijo un escenario de divergencia en ausencia de flujo genético. Se detectó que la cuenca del Amazonas constituye una barrera climática que separa las especies tropicales (*P. arthuri*) de las especies de climas subtropicales-templados (*P. coreodes* y *P. tertius*). Esta barrera geográfica, además, promueve la especiación alopátrica luego de dispersión a grandes distancias. El análisis de nicho mostró que cada una de estas especies ocupa un nicho climático distinto, lo cual sugiere que la conservación del nicho no es relevante en la diferenciación de las especies.

Conclusiones: Este estudio constituye uno de los primeros intentos enfocados a entender el patrón de diversificación en insectos con capacidad vectorial distribuidos en el bosque seco tropical, específicamente, aquellos para la enfermedad de Chagas. Los resultados del estudio pueden influir en los programas de control vectorial actuales enfocados en la enfermedad de Chagas en la región.

Palabras clave: *Psammolestes*, divergencia de nicho, Triatominae, Rhodniini, genética poblacional

T116 - Participación de *Triatoma venosa* en la transmisión peridoméstica de *Trypanosoma cruzi* en una zona certificada del departamento de Boyacá

Omar Cantillo-Barraza¹, Manuel Medina², Sara Zuluaga¹, María Fernanda Martínez², Virgilio Beltrán², Juan Carlos Bermudez², Marina Muñoz³, Juan David Ramírez³, Omar Triana-Chávez¹

¹ Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas (BCEI), Universidad de Antioquia)

² Programa de Control de Vectores, Secretaría de Salud Departamental, Tunja, Colombia

³ Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología – UR (CIMBIUR), Facultad de Ciencias Naturales, Universidad del Rosario, Bogotá

Introducción: La reinfestación por vectores secundarios en zonas certificadas por OPS-OMS como libres de transmisión por especies primarias, es actualmente el más grande problema para los programas de control de la enfermedad de Chagas. Boyacá es el departamento de Colombia con más municipios certificados por la OPS y la OMS como libres de la transmisión de *Trypanosoma cruzi* por parte de *R. prolixus* intradoméstico.

Objetivo: Describir aspectos relevantes de la transmisión de *T. cruzi* en los municipios del Valle de Tenza certificados por la OPS y la OMS.

Materiales y métodos: Se hizo una búsqueda activa de triatominos en viviendas y peridomicilios, y se tomaron muestras de sangre a los perros de las viviendas con presencia de *T. venosa* o con reporte de avistamiento de los vectores en las casas durante el último año. La infección de los vectores y la identificación de fuentes de ingestión fueron analizadas por cPCR y secuenciación. La infección en perros se determinó mediante serologías (ELISA e IFI), cPCR y secuenciación.

Resultados: Se recolectaron 101 muestras con *T. venosa*, de las cuales el 13,9 % presentaba infección natural. TcI silvestre fue el único genotipo encontrado en *T. venosa*. Se identificaron cuatro fuentes de ingestión: *Homo sapiens*, *Canis lupus*, *Rattus rattus* y *Gallus gallus*. Por otro lado, el 46,5 % de los perros fueron seropositivos y en el 16,4 % se encontró ADN de *T. cruzi*. En los perros con PCR positiva, solo se encontró TcI silvestre.

Conclusiones: Los datos acá presentados sugieren que *T. venosa* hace parte de un ciclo peridoméstico de transmisión de *T. cruzi* con un estrecho contacto con los residentes, situación que puede reactivar la transmisión de la enfermedad de Chagas en la zona.

Palabras claves: Boyacá, enfermedad de Chagas, *Triatoma venosa*, triatominos, *Trypanosoma cruzi*

T117 - Estimating the genetic structure of *Triatoma dimidiata* (Hemiptera: Reduviidae) and the transmission dynamics of *Trypanosoma cruzi* in Boyacá, eastern Colombia

Natalia Velásquez-Ortiz¹, Carolina Hernández^{1,2}, Omar Cantillo-Barraza^{1,3}, Manuel Medina⁴, Mabel Medina-Alfonso⁵, Sandra Suescún-Carrero⁵, Marina Muñoz¹, Laura Vega¹, Sergio Castañeda¹, Lissa Cruz-Saavedra¹, Nathalia Ballesteros¹, Juan David Ramírez^{1,6}

¹ Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología-UR (CIMBIUR), Facultad de Ciencias Naturales, Universidad del Rosario, Bogotá, Colombia

² Centro de Tecnología en Salud (CETESA), Innovaseq SAS, Bogotá, Colombia

³ Grupo BCEI Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia, Colombia

⁴ Programa de Control de Enfermedades Transmitidas por Vectores, Secretaría de Salud Departamental, Tunja, Boyacá, Colombia

⁵ Grupo de Investigación del Laboratorio de Salud Pública de Boyacá, Secretaría de Salud de Boyacá, Tunja, Colombia

⁶ Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell-Based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA

Introduction: Chagas disease is considered a public health issue in Colombia, where many regions are endemic. *Triatoma dimidiata* is an important vector, and it is gaining importance in Boyacá, eastern Colombia.

Objectives: We evaluated the transmission dynamics of *Trypanosoma cruzi* at a microgeographic level with specimens of *T. dimidiata* collected in nine municipalities in Boyacá, Colombia, along 2019. We described the genetic structure of *T. dimidiata*, evaluated the infection rates, parasitic load and DTUs of *T. cruzi* and identified *T. dimidiata* feeding preferences.

Material and methods: We used qPCR and Next Generation Sequencing (NGS) to evaluate *T. cruzi* infection, parasite load, feeding profiles, and *T. cruzi* genotyping for *T. dimidiata* specimens collected in nine municipalities in Boyacá and explored *T. dimidiata* population genetics.

Results: We found that *T. dimidiata* populations are a single population with similar genetic characteristics, present infection rates up to 70%, high parasite loads up to 1.46×10^9 parasite-equivalents/ml, a feeding behavior that comprises at least 17 domestic, synanthropic and sylvatic species, and a wide diversity of TcI genotypes even within a single specimen. These results imply that *T. dimidiata* behavior is similar to other successful vectors, having a wide variety of blood sources and contributing to the circulation of different genotypes of the parasite.

Conclusion: In the light of the elimination of *Rhodnius prolixus* in Boyacá and the results we found, we suggest that *T. dimidiata* should become a new target for vector control programs.

Key words: *Triatoma dimidiata*, *Trypanosoma cruzi*, transmission dynamics, genetic structure, Boyacá

T121 - Aspectos sociodemográficos y culturales de una comunidad indígena de la Sierra Nevada de Santa Marta del departamento de La Guajira con gran prevalencia de enfermedad de Chagas

Anderson Ramírez Ayala, Saireth Soto Iguarán

Facultad de Ciencias Básicas y Aplicadas, Universidad de La Guajira

Antecedentes: La Sierra Nevada de Santa Marta tiene algunas comunidades indígenas con una gran tasa de prevalencia de esta enfermedad en sus habitantes, una de las cuales es la población de la etnia wiwa de Gómake, localizada en la zona rural del municipio de Dibulla en el departamento de La Guajira.

Materiales y métodos: Se hizo una encuesta de 37 preguntas, la cual fue contestada por los hombres adultos cabeza de familia de esta comunidad. En dicha encuesta se evaluaban aspectos tales como grado de escolaridad, conocimiento de la enfermedad de Chagas, materiales utilizados para la construcción de las viviendas, presencia de triatominos en las viviendas y creencias religiosas con relación a la picadura de pitos, entre otras.

Resultados: Se logró determinar que 22/37 participantes son analfabetas (59,5 %), en 35/37 viviendas se reportó la presencia de triatominos (94,6 %), 36/37 viviendas tienen techo de palma (97,3 %), 27/37 de las personas encuestadas reportaron haber sido picadas por pitos (72,9 %), en 18/37 casos de picaduras por pitos se recurrió a la ayuda espiritual de los mamos (48,6 %), y en 36/37 viviendas se reportan pisos de tierra (97,3 %).

Conclusiones: Entre las características identificadas en la comunidad de Gómake, asociadas con la enfermedad de Chagas, se encuentran las grandes tasas de analfabetismo, los materiales con los que se encuentran construidas las viviendas, y algunas creencias religiosas.

Palabras clave: triatominos, enfermedad de Chagas, La Guajira, Sierra Nevada de Santa Marta

T122 - Conocimiento, actitudes, prácticas y percepción del riesgo de dengue e indicadores entomológicos en tres barrios de Puerto Colombia, Atlántico, 2021-2022

Anabell Donado Mercado, Ivana Valentina Córdoba Fragozo, María Guadalupe De La Hoz Mejía, Juan De La Ossa Díaz, Janmar Atenea Del Portillo Bello, Daniela Gómez Sarmiento, Victoria Isabel Martínez Quintero, Nataly Michelle Sánchez Padilla, Brigitte Paola Vargas Velasco, Paula Ximena Pareja-Loaíza

Universidad Simón Bolívar, Facultad de Ciencias de la Salud, Programa de Medicina

Antecedentes: En Colombia, las acciones de vigilancia y control para el dengue se orientan al vector *Aedes aegypti*. La Organización Panamericana de la Salud y la Organización Mundial de la Salud, desarrollaron la estrategia de gestión integrada para la prevención y control del dengue en la Región de las Américas, (EGI-dengue). Uno de los aspectos clave es la movilización y comunicación social basada en evidencias, la cual incluye encuestas de conocimientos, actitudes y prácticas (CAP).

Objetivos: Determinar los conocimientos, actitudes, prácticas y percepción del riesgo de dengue e indicadores entomológicos, en tres barrios de Puerto Colombia.

Métodos: Es un estudio descriptivo transversal con muestreo por conveniencia, de los barrios Vistamar, Altos de Cupino y Nuevo Horizonte. Se aplicaron las encuestas CAP, percepción del riesgo y la encuesta entomológica. Análisis de variables, paquete estadístico SPSS 25.

Resultados: De 156 encuestados, el 78,8 % eran mujeres entre los 29 y los 39 años, el 70,5 % desconocía el agente causal, el 71,6 % reconoció la fiebre como síntoma del dengue y el 82 % manifestó tener disposición para la educación comunitaria. El 21,1 % manifestó eliminar, tapar y lavar depósitos de agua, y el 98,7 % consideró al dengue como una enfermedad seria para los niños y, el 94,8 %, para los adultos. Se hallaron 160 recipientes, el 81,2 % correspondía a canecas y el 45 % contaba con una capacidad de 200 litros; asimismo, el 17 % se encontraron positivos para *A. aegypti*.

Conclusiones: El desconocimiento sobre el dengue y la adopción de prácticas de riesgo, contribuyen a la presencia del vector en la comunidad.

Palabras clave: dengue, *Aedes aegypti*, conocimientos, actitudes, prácticas y percepción del riesgo

T123 - Actividades pedagógicas como estrategias para la prevención de la leishmaniasis en zona rural de El Carmen de Bolívar (Bolívar, Colombia)

Marlon Mauricio Ardila^{1,2,3}, Yoselín Villadiego⁴, Yeisson Cera-Vallejo⁴, Leidi Herrera⁵

¹ Facultad de Ciencias Básicas y Biomédicas, Universidad Simón Bolívar, Barranquilla, Colombia

² Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán, Chile

³ Grupo de Investigación Básica y Clínica en Ciencias de la Salud (GIBAC), Fundación Universitaria San Martín, Puerto Colombia, Colombia

⁴ Semillero de Investigación en Microbiología y Parasitología (SIMIPA), Universidad del Atlántico, Puerto Colombia, Colombia

⁵ Instituto de Zoología y Ecología Tropical, Facultad de Ciencias, Universidad Central de Venezuela, Caracas, Venezuela

Antecedentes: En Colombia, la leishmaniasis como zoonosis de manifestación cutánea o visceral con gran morbimortalidad, es causada por el protozoo *Leishmania* y transmitida por flebotomíneos (“aludos”). En gran parte del territorio nacional, principalmente en zonas rurales con difícil acceso, no hay prevención ni control. La literatura científica refiere que el uso de estrategias educativas es una herramienta que cambia conductas humanas, lo que favorece la reducción de la zoonosis.

Objetivo: Aplicar estrategias pedagógicas dirigidas a la prevención de la leishmaniasis en la población infantil de la vereda El Alférez, zona rural del municipio de El Carmen de Bolívar, Bolívar, Colombia.

Materiales y métodos: Se aplicaron actividades pedagógicas de tipo lúdico, como el uso de cartillas de fábulas, juegos, cartillas para colorear, crucigramas y sopas de letras, acompañadas por charlas sobre la biología de flebotomíneos y su fuente de ingestión sanguínea, y del reservorio más frecuente de *Leishmania* como es la zarigüeya (*Didelphis marsupialis*). La población considerada para el estudio fueron niños entre los 5 y los 12 años, escolarizados o no, habitantes de la vereda.

Resultados: Un total de 33 niños lograron identificar al aludo como el transmisor de *Leishmania*. Mamíferos del entorno, como el perro y zarigüeyas, fueron referidos como posibles reservorios y fuente de ingestión sanguínea de los aludos, con actividad de picadura, generalmente nocturna. Los niños reconocieron la necesidad de utilizar repelentes, protección para la piel y toldillos.

Conclusiones: La participación y el desarrollo completo de sus actividades lúdicas, abre la posibilidad de que desempeñen el rol de divulgadores o promotores de los conocimientos y prácticas adquiridas al resto de su comunidad, generando en ellos los hábitos de prevención.

Palabras clave: leishmaniasis, *Leishmania*, El Carmen de Bolívar, estrategias pedagógicas, actividades lúdicas

T124 - Epidemiología crítica de la malaria en Colombia, 1935-2020Jaiberth Antonio Cardona-Arias¹, Jaime Carmona-Fonseca^{1,2}¹ Universidad de Antioquia² Grupo Salud y Comunidad César Uribe Piedrahíta

Antecedentes: En esta investigación se analiza la incidencia de malaria en Colombia, 1935-2020, desde los postulados de la determinación social de la salud.

Métodos: Investigación documental con datos de fuentes oficiales e investigaciones científicas sobre la enfermedad y sus procesos sociales, políticos e históricos, en tres niveles que permiten identificar los siguientes procesos dialécticos: metabolismo sociedad-naturaleza y reproducción social desde el nivel general (modos de vida) al particular (condiciones de vida) y singular (estilos de vida).

Resultados: Se configuró un modelo crítico con los siguientes factores determinantes sociales de la malaria: i) el contexto natural incluye ancestros en malaria, orografía, regiones naturales, pisos térmicos, condiciones climáticas y uso de insecticidas en la agricultura; ii) contexto social conformado por el nexo economía, violencia y migración interna, iii) el contexto económico da cuenta del trabajo, las condiciones materiales de vida en el hogar, las intervenciones epidemiológicas y los servicios de salud, y iv) el contexto individual incluye conocimientos, creencias, conductas y percepciones sobre la infección, y búsqueda de atención médica.

Conclusión: La malaria o paludismo fue y siguió siendo un problema de salud pública en Colombia en el período 1935-2020 y varias razones intervienen en la determinación del problema; incluyen la migración forzada por el conflicto armado, los cambios en la estructura de la población, las reformas al sistema de salud con orientación capitalista neta y el retroceso del sistema de datos de salud. La tarea de abordar la eliminación y erradicación de la malaria, requiere el establecimiento de diferentes políticas sanitarias y sociales basadas en la determinación social de la salud.

Palabras clave: malaria, epidemiología crítica, determinación social de la salud, Colombia

T125 - Desigualdades en la atención en salud de personas para enfermedad de Chagas, Colombia, 2009-2021

Mauricio Javier Vera Soto^{1,2}

¹ Ministerio de Salud y Protección Social, Bogotá, D.C., Colombia

² Universidad Autónoma de Manizales, Manizales, Colombia

Antecedentes: La enfermedad de Chagas es una parasitosis desatendida y olvidada, relacionada con la pobreza y las zonas rurales. Colombia, desde 2015, fortalece su atención clínica, implementando las rutas de atención; asimismo, la OMS y la OPS establecen metas de eliminación de la transmisión o como problema de salud pública.

Objetivos: Analizar los cambios en las desigualdades en salud para la atención clínica de personas por enfermedad de Chagas en Colombia.

Materiales y métodos: Se analizaron las brechas de desigualdad, comparando la mediana de personas atendidas en los periodos 2009-2014 y 2015-2021.

Resultados: Al comparar los dos periodos, se observó un aumento del 150 % de personas atendidas, pasando de 10.713 a 25.583, y un aporte del 52 % en siete departamentos que hacen parte del plan de interrupción de la transmisión vectorial. La brecha relativa relacionada con la afiliación se redujo e invirtió, pasando de 42 % más personas en el régimen contributivo a 14 % más en el subsidiado; sin embargo, por área de residencia, esta brecha solo se redujo de 48 a 44 % más del área urbana. Por grupos de edad, se observa un incremento de personas atendidas menores de 30 años. Finalmente, se mantiene la brecha de personas atendidas por médico especialista en comparación los médicos generales, siendo mayor en los primeros.

Conclusión: En el presente estudio se evidencia un adecuado avance en el efecto de las intervenciones realizadas para el fomento de la atención clínica en la reducción de las desigualdades. Es un insumo para la planeación con miras a la eliminación.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, vigilancia de las desigualdades en salud, desigualdades en atención de la salud

T126 - Efecto de los conocimientos, actitudes y prácticas sobre las medidas de control vectorial de malaria en la Costa Pacífica del Cauca (Colombia)

Raúl Hernando Pardo^{1,2}, Andrea Bonilla², Hernando Gil³, Anderson Jair Piamba³, Carlos Andrés Morales³, Jarrinson Aguirre², Diana Lucumí-Aragón², Manuela Herrera-Varela²

¹ Grupo de Entomología, Dirección de Investigación en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Colombia

² USAID-VectorLink Project, Abt Colombia SAS, Colombia

³ Secretaría Departamental de Salud del Cauca, Colombia

Antecedentes: Los conocimientos, actitudes y prácticas (CAP) de la comunidad son fundamentales para el éxito del control en malaria. Se determinó el efecto de los CAP de comunidades de Guapi y Timbiquí (Cauca) sobre el rociado residual intradomiciliario (RRI) y los toldillos insecticidas de larga duración (TILD).

Materiales y métodos: Se utilizó un cuestionario con 175 familias (TILD=88; RRI=87), indagando sobre el conocimiento de la malaria, el vector y su control, aceptabilidad de las intervenciones y tiempo de exposición a estas, estimado como porcentaje del tiempo de actividad de picadura de los mosquitos (17:00-07:00 h) en que una persona está protegida por RRI (permanece en el intradomicilio) o TILD (duerme).

Resultados: Las familias conocen la enfermedad, los mosquitos, sitios y horario de picadura. En ambas intervenciones las personas permanecen dentro de la vivienda entre las 19:00 y las 07:00 h y, durmiendo, de 21:30 a 06:00 h. Los TILD tuvieron alta cobertura, pero solo 63 % estaban en uso. Cuando no se usó fue, principalmente, por alergias y retiro de camas. Se reportaron efectos adversos en salud a corto plazo (prurito) en ambas intervenciones, TILD (46 %) y RRI (12 %). La mayoría (59 %) de las familias lavan los TILD más de dos veces por mes, lo que puede reducir el residuo de insecticida. En RRI se limpian paredes solo anualmente. Para ambas intervenciones se percibió efectividad entomológica baja, de corta duración.

Conclusiones: Los CAP afectan de forma diferente la protección que proporcionan las intervenciones. En el Cauca, el RRI protege más (TE=81 % del tiempo) durante el tiempo de picadura de los mosquitos, en comparación con el TILD (TE=60 %).

Palabras clave: malaria, control, toldillos insecticidas, rociado residual, encuesta CAP

T131 - Vigilancia integrada de la leishmaniasis en la salud pública nacional, 2017-2021

José Leonardo Gómez Gómez¹, Jessica Paola Bautista Silva², Liliana Jazmín Cortés Cortés², Martha Stella Ayala Sotelo², Olga Patricia Fuya Oviedo²

¹ Dirección de Vigilancia y Análisis del Riesgo en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

² Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes: La leishmaniasis es una enfermedad tropical desatendida vinculada a la pobreza, y a factores ambientales y climáticos, que favorecen la presencia de los vectores, los parásitos y los reservorios. Sumado a esto, fenómenos como la migración, el conflicto armado y las condiciones de la vivienda, circunscriben el evento a un escenario rural.

Objetivo: Analizar la información nacional del evento leishmaniasis, teniendo en cuenta los datos provenientes de los componentes de vigilancia epidemiológica, entomológica y parasitológica.

Materiales y métodos: Estudio descriptivo analítico, a partir de la información epidemiológica, entomológica y por laboratorio del evento leishmaniasis, generada por las entidades territoriales, en el periodo 2017-2021.

Resultados: En el análisis descriptivo, se tuvieron en cuenta los casos notificados al Sivigila, la información de la distribución y comportamiento de los vectores, reportados por la Red Nacional de Entomología y las muestras parasitológicas recibidas en el marco de control de calidad. De 2017 a 2019, los casos notificados de leishmaniasis cutánea disminuyeron y, en los dos años posteriores, se presentó una tendencia al aumento. Para las otras dos formas clínicas, se evidenció un descenso progresivo a lo largo de los cinco años. No obstante, en el último año se presentó una muerte por leishmaniasis visceral, después de dos años sin fallecimientos.

Conclusiones: Para intervenir el impacto de morbilidad y mortalidad de las leishmaniasis, se deben mantener y fortalecer las acciones de vigilancia desde un abordaje integrado.

Palabras clave: leishmaniasis, vigilancia, epidemiología, entomología, laboratorio

T132 - ¿Cuánto costó la campaña de erradicación de la malaria en Colombia?

Julio Cesar Padilla-Rodríguez¹, Luis Acuña-Cantillo^{1,2}, Mario J. Olivera^{1,3}

¹ Red de Gestión de Conocimiento, Investigación e Innovación en Malaria, Bogotá D.C – Colombia.

² Grupo de Entomología, Instituto Nacional de Salud de Colombia INS, Bogotá D.C – Colombia

³ Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud de Colombia INS, Bogotá D.C – Colombia.

Antecedentes: Entre 1958 y 1979, se implementó en Colombia la campaña de erradicación de la malaria (CEM).

Objetivos: Determinar los costos de poner en operación la CEM en el país.

Materiales y métodos: Evaluación económica parcial, utilizando microdatos de informes del Servicio de Erradicación de Malaria, División de Campañas Directas y Organización Panamericana de la Salud, período 1958-1979. Se cuantificaron los gastos según las fases de la puesta en operación de la CEM. Se discriminó la estructura del gasto según personal, prestaciones, equipos y otros. Los costos fueron llevados a valor presente neto, utilizando una tasa de descuento del 3 % y presentados en dólares americanos.

Resultados: Antes de la implementación de la CEM, se registraban 71.565 casos al año, número que se redujo a 29.500 con su implementación. El costo total de la CEM fue de USD\$ 157'259.978, y el 87,6 % (USD\$ 137'795.936) fue aporte nacional. Las fases preparatoria y de ataque fueron las más costosas: USD\$ 100'697.793 (64 % del total de CEM). El restante presupuesto se utilizó para las actividades de vigilancia y control de foco. Cerca del 40 % de los costos de la fase de ataque se utilizaron para cubrir gastos de personal en actividades de rociado y, un 19 %, en adquisición de insecticidas. El costo promedio de rociamiento por vivienda fue de USD\$ 10,7. Se evitaron en promedio 41.965 casos anuales.

Conclusiones: El costo total de la CEM en Colombia fue de USD\$ 157'259.978, siendo el 87,6 % financiado con recursos nacionales. Se evitaron en promedio 41.965 casos por año en el periodo, pero no se logró la erradicación.

Palabras clave: malaria, erradicación, enfermedad, economía, análisis, costos

T133 - Sistema de alerta temprana para el seguimiento del riesgo por dengue en municipios del departamento del Cauca

María Camila Lesmes^{1,2}, Erika Santamaría³, Carlos Andrés Morales-Reichmann⁴, Patricia Fuya³, Horacio Cadena⁵, Catalina Marceló Díaz³

¹ Instituto Nacional de Salud, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

² Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales, UDCA

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

⁴ Secretaría de Salud Departamental del Cauca

⁵ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET

Antecedentes: El dengue es una enfermedad prioritaria para la salud pública en Colombia, debido a su comportamiento endemoepidémico, la ocurrencia de brotes cada tres años, la circulación de los cuatro serotipos y la amplia distribución de *Aedes aegypti* en el territorio. Una de las herramientas utilizadas para su gestión son los sistemas de alerta temprana, que contribuyen a su prevención.

Métodos: Se utilizó el proceso de análisis jerárquico y la regresión espacial para identificar los componentes y analizar los indicadores del sistema de alerta temprana; por otra parte, se elaboró un tablero de control para la visualización de alarmas. El área de estudio correspondió a los municipios de Piamonte, Patía y Miranda, los cuales presentan gran riesgo por la enfermedad en el departamento del Cauca.

Resultados: Se seleccionaron 12 indicadores epidemiológicos, ambientales, meteorológicos, sociodemográficos y entomológicos determinantes del dengue, y se establecieron cuatro componentes para el sistema de alerta temprana. De igual forma, se identificaron los indicadores de mayor incidencia en la enfermedad por medio de una regresión espacial: el modelo de mejor ajuste para Piamonte presentó un $R^2=0,6992$; por su parte, el modelo de Patía obtuvo un $R^2=0,4452$, mientras que en Miranda se presentó una devianza=0,244.

Conclusión: El modelo con mayor capacidad predictiva correspondió al municipio de Piamonte, entre tanto, los modelos de Patía y Miranda presentaron una gran capacidad explicativa. Por medio de mapas, se identificaron los 9 barrios con mayor riesgo de dengue en los tres municipios; asimismo, se dispuso un tablero de control para la focalización de acciones en torno a la enfermedad.

Palabras clave: dengue, indicadores, regresión espacial, sistema de alerta temprana

T134 - Costos económicos de la malaria para el sistema de salud colombiano en 2019 : un estudio de costo de la enfermedad

Mario J. Olivera^{1,2}, Julio César Padilla Rodríguez²

¹ Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

² Red de Gestión de Conocimiento, Investigación e Innovación en Malaria, Instituto Nacional de Salud, D.C., Colombia

Antecedentes: La malaria es una enfermedad que genera una gran carga de morbimortalidad y gastos económicos en el sector salud. El objetivo del estudio fue cuantificar los costos de la malaria en Colombia desde una perspectiva del tercer pagador, en 2019.

Materiales y métodos: Análisis del costo de la enfermedad, utilizando un enfoque basado en la incidencia y centrado en los costos directos de la atención médica entre enero y diciembre de 2019. Los costos directos atribuibles a la malaria se estimaron a partir de una estrategia de abajo hacia arriba, utilizando fracciones atribuibles a la población. Todos los gastos se informaron en pesos colombianos y se convirtieron a dólares estadounidenses.

Resultados: En 2019, se registraron 80.415 casos y fue considerado año epidémico. El 98,3 % (79.120) fueron casos no complicados, con predominio de las infecciones por *Plasmodium falciparum* (50,2 %). El costo total de la malaria fue de USD\$ 2,1 millones e incluyó USD\$ 799.167 en atención, USD\$ 528.930 en hospitalización y USD\$ 292.016 en diagnóstico. El costo promedio de la atención de casos no complicados fue USD\$ 17,5. En contraste, el costo de la forma complicada fue USD\$ 593. El 91 % (USD\$ 1,9 millones) de los costos de atención se generaron en pacientes pertenecientes al régimen subsidiado.

Conclusiones: En 2019, la atención de la malaria registró una carga financiera sustancial sobre el sistema de salud colombiano. La mayoría de la población afectada hace parte del régimen subsidiado, que asumió la mayor carga económica. El costo de atención de los casos complicados superó a la de los no complicados

Palabras clave: malaria, costo enfermedad, costo y análisis de costo, costo de atención en salud, Colombia

T135 - Vigilancia por laboratorio de malaria: diagnóstico y evaluación del desempeño de la red de diagnóstico, Colombia 2020-2021

Liliana Jazmín Cortés, Martha Stella Ayala Sotelo

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

Antecedentes: La malaria es una enfermedad transmitida por vectores, endémica en Colombia, que requiere un diagnóstico de amplia cobertura y un programa fortalecido de gestión de calidad. El análisis de la información remitida por los laboratorios departamentales de salud pública, permite generar actividades de apoyo y mejora desde el nivel central.

Materiales y métodos: Es un estudio descriptivo transversal, en el que la información obtenida se analizó por métodos estadísticos para determinar estructura de red, actividades de gestión de calidad, y criterios de calidad diagnóstica a nivel departamental y municipal.

Resultados: Información de 29/33 laboratorios departamentales de salud pública: red de diagnóstico en 503 municipios, 1.119 sitios de diagnóstico, 942 (84 %) laboratorios de diagnóstico del nivel local públicos y privados y 177 (16 %) puestos de microscopía. Se examinaron 200.166 gotas gruesas; las positivas fueron 39.914: 17.865 por *P. falciparum*, 19.661 por *P. vivax* y 2.388 mixtas. En PDR se realizaron 9.601 PDR; las positivas fueron 3.534: 1988 por *P. falciparum*, 1.447 por *P. vivax* y 99 mixtas. A nivel departamental, por evaluación directa (30/33) hubo: concordancia general, 93 %, especie, 95 %, estadios parasitarios 88 % y recuento 90%; por evaluación indirecta (9/33) hubo: concordancia general 100 %, e índice kappa general y de especie, 0,97, A nivel municipal, por evaluación directa (4/33) hubo: concordancia, 90 %, evaluación indirecta (30/33), C(+) 98 % y C(-) 99 %, índice kappa general y de especie, 0,96, y concordancia de recuento, 78 %.

Conclusiones: La red de diagnóstico de malaria se constituye en herramienta fundamental para el diagnóstico oportuno de la malaria a nivel nacional, tanto la microscopía como las pruebas de diagnóstico rápido, permiten el acceso al diagnóstico en áreas rurales dispersas del territorio colombiano.

Palabras clave: malaria, red de diagnóstico, vigilancia por laboratorio

T136 - Comportamiento de los indicadores de evaluación directa del desempeño de malaria a nivel nacional, Colombia, 2018-2021

Liliana Jazmín, Martha Stella Ayala Sotelo

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

Antecedentes: La implementación y el desarrollo de actividades del sistema de gestión de la calidad del diagnóstico de malaria, permiten el adecuado funcionamiento de la red nacional de diagnóstico, necesario para fortalecer las acciones de prevención y control de este importante evento en salud pública. Para el fortalecimiento de la calidad del diagnóstico de malaria en Colombia, se desarrolla el programa de evaluación directa del desempeño, en el que participan los laboratorios privados y los departamentales de salud pública del país.

Materiales y métodos: Es un estudio retrospectivo llevado a cabo mediante la revisión de los resultados obtenidos por los laboratorios departamentales de salud pública y los laboratorios privados participantes en el programa de evaluación directa del desempeño de malaria, durante los años 2018 a 2021, en términos de participación, concordancia de positividad y negatividad, concordancia de especie parasitaria, de estadios parasitarios y de recuento (*z score*).

Resultados: En 2018, participaron 31 laboratorios, obteniendo una concordancia de positividad y negatividad del 80 %; concordancia de especie parasitaria, 77 %; concordancia de estadios parasitarios, 48 %; concordancia de recuento, 97 %, y concordancia general, 76 %.

En 2019, participaron 29 laboratorios, con concordancia de positividad y negatividad del 92 %; concordancia de especie parasitaria, 91%; concordancia de estadios parasitarios, 85 %; concordancia de recuento, 98 %, y concordancia general, 92 %.

En 2020, participaron 30 laboratorios, con concordancia de positividad y negatividad del 93 %; concordancia de especie parasitaria, 95 %; concordancia de estadios parasitarios, 88 %; concordancia de recuento, 90 %, y concordancia general, 90 %.

En 2021, participaron 31 laboratorios, con concordancia de positividad y negatividad del: 100 %; concordancia de especie parasitaria, 58 %; concordancia de estadios parasitarios, 77 %; concordancia de recuento, 94 %, y concordancia general, 82 %.

Conclusiones: Se observa gran variabilidad de los indicadores de un año a otro, lo que puede estar relacionado con falta de educación continua, gran rotación del personal y aumento en el grado de dificultad de los paneles de evaluación enviados; por esto, es necesario mejorar los indicadores que permiten evaluar la calidad del diagnóstico de malaria en el país.

Palabras clave: malaria, evaluación del desempeño, diagnóstico

T137 - Determinación de parásitos Anisakidos en filetes de pescado congelado destinados a consumo humano

Patricia Betancourth Chaves¹, Juliana González Obando¹, Jorge A Fernández-Silva¹, Jairo Gómez Merchán²

¹ Grupo Centauro, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Corporación Colombiana de Investigación, AGROSAVIA, Bogotá, Colombia

Antecedentes: La presencia de larvas de la familia Anisakidae en productos pesqueros destinados al consumo humano, representa el mayor riesgo para desarrollar anisakirosis, una de las ictiozoonosis más prevalentes en la población humana. Su contagio está influenciado por el consumo de preparaciones a base de pescado crudo o poco cocido.

Materiales y métodos: El presente estudio fue de corte observacional, en el cual se investigó la presencia de larvas de la familia Anisakidae en filetes de pescado congelado de tres mercados representativos para Medellín y su área metropolitana. En total, se analizaron 384 filetes congelados listos para el consumo (197 de sierra, 137 de salmón, 37 de atún y 13 de merluza). Cada filete fue analizado a partir del método de prensado y con luz UV de 366 nm. Los parásitos recolectados se analizaron a partir de claves taxonómicas para género y, para la especie, se utilizó la identificación por PCR y secuenciación Sanger.

Resultados: Se encontraron cuatro larvas en cuatro filetes del total de 384 filetes, lo que representa una frecuencia de 1,04 %, ($IC_{95\%}$ 1,04 ± 1,01 %). La especie donde se encontraron las larvas fue el pez sierra (*Scomberomorus* spp.), el género se clasificó como *Anisakis* spp., y la especie se clasificó como *A. pegreffii*. **Conclusiones:** El presente estudio es el primero en desarrollarse en el departamento de Antioquia, Colombia, en filetes de pescado congelados listos para consumo humano, en los cuales se encontraron larvas del género *Anisakis*, especie *A. pegreffii*.

Palabras clave: Anisakidae, emergente, parásito, peces, riesgo, zoonosis

T141 - Análisis transcriptómico de larvas *Rhipicephalus sanguineus* s.l. provenientes del norte, occidente y oriente de Colombia

Gabriel A. Tafur-Gómez¹, Marco Antonio Piñeros¹, Alejandro Rodríguez², Danny Wilson Sanjuanelo Corredor¹, Alejandro Hoyos-Jaramillo³, Rodrigo P. Baptista⁴

¹ Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales - U.D.C.A., Bogotá, D.C., Colombia

² GenXPro GmbH, Frankfurt Innovation Center Biotechnology, Frankfurt am Main, Germany

³ University of California, Davis. School of Veterinary Medicine, Department of Population Health & Reproduction, Davis, CA, USA

⁴ Houston Methodist Research Institute, Houston, TX, USA

Antecedentes: Las garrapatas del complejo de *Rhipicephalus sanguineus* s.l. incluyen especies distribuidas a nivel mundial y se consideran vectores de agentes que afectan a seres humanos y animales. Estos artrópodos presentan una gran capacidad de dispersión, con diferentes grados de densidad poblacional, diversidad genética y capacidad vectorial.

Métodos: Se recolectaron teleóginas de perros infestados de cuatro regiones ecológicas de Colombia. Después de la eclosión de larvas colonizadoras y el desprendimiento de larvas ingurgitadas de conejos infestados, los ejemplares se recolectaron y de cada estadio se extrajo el ARN total para realizar los perfiles de transcriptoma utilizando MACE-seq. Se produjeron ocho bibliotecas utilizando el kit Rapid MACE-Seq en la plataforma NextSeq. Las lecturas limpias se alinearon al genoma de *R. sanguineus* (ASM1333969v1), se anotaron y se predijeron las proteínas generando los hits de expresión. Las bibliotecas se normalizaron y compararon entre larvas colonizadoras y larvas ingurgitadas de cada región, utilizando DEseq2.

Resultados: El análisis de expresión diferencial con un padj 0,05 evidenció la expresión diferencial de 233 transcritos homólogos entre los estadios de las diferentes regiones. Con la secuencia proteica de los transcritos de expresión diferencial se anotaron las proteínas no redundantes. Se identificaron por primera vez proteínas asociadas a los estadios de garrapatas, así como mayor expresión de transcritos ribosómicos y proteosomas con términos GO asociados a la transcripción y la proteólisis.

Conclusiones: Se identificó un nuevo grupo de transcritos que se expresan en los estadios de larvas colonizadoras y larvas ingurgitadas de *Rhipicephalus sanguineus* s.l., de regiones ecológicas de Colombia, los que estarían relacionados con la densidad poblacional.

Palabras clave: *Rhipicephalus sanguineus*, garrapata marrón del perro, transcriptoma, MACE-seq

T142 - Análisis comparativo de las reacciones transcripcionales de cinco especies de *Leishmania* al antimonio trivalente

Julián Esteban Medina Velásquez¹, Lissa Cruz Saavedra¹, Luz Helena Patiño¹, Marina Muñoz¹, Juan David Ramírez^{1,2}

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

² Molecular Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell-Based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, NY, USA

Antecedentes: El fenotipo de resistencia de las diferentes especies de *Leishmania* contribuye a que se presenten fallas terapéuticas. El entender el mecanismo que utiliza el parásito para sobrevivir bajo la presión del tratamiento, para identificar posibles dianas terapéuticas comunes y específicas, es esencial en el control de la leishmaniasis.

Objetivo: Identificar los perfiles de expresión y los potenciales marcadores de resistencia compartidos y específicos de cinco especies de *Leishmania*, resistentes y sensibles al antimonio trivalente.

Materiales y métodos: Se hizo el análisis comparativo de perfiles transcriptómicos (sólo secuencias codificantes) basados en la atribución de ortólogos, de cinco líneas de *Leishmania* con resistencia inducida experimentalmente al antimonio trivalente, disponibles en bases de datos, esto, junto con el análisis funcional de la ontología y la reconstrucción de las vías metabólicas de los genes diferencialmente expresados resultantes.

Resultados: Las líneas resistentes para cada especie tuvieron diferentes respuestas en los procesos metabólicos, la unión de compuestos y los componentes de membrana con respecto a su contraparte sensible. Se encontraron 139 vías metabólicas, y las tres principales fueron el metabolismo de la cisteína y la metionina, la glucólisis y el ribosoma. Predominaron los genes ortólogos de expresión diferencial asignados a reacciones específicas de la especie, con 899 autogenes. No se encontraron genes expresados diferencialmente en común entre las cinco especies.

Conclusiones: Se identificaron varios posibles genes específicos de cada especie relacionados con la resistencia al antimonio trivalente, pero muy pocos genes compartidos entre especie. Por lo tanto, se sugiere una profundización en los genes compartidos y la consideración de esquemas de tratamiento que sea específico para cada especie

Palabras clave: *Leishmania*, perfil transcriptómico, grupos ortólogos, reconstrucción de vías

T143 - A translatomic remodeling orchestrates the antimony-drug resistance in *Leishmania* parasites.

Sneider Alexander Gutiérrez Guarnizo^{1,2}, Elena B. Tikhonova¹, Andrey L. Karamyshev¹, Zemfira N. Karamysheva³, Carlos Muskus²

¹ Department of Cell Biology and Biochemistry, Texas Tech University Health Sciences Center, Lubbock, TX, USA

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

³ Department of Biological Sciences, Texas Tech University, Lubbock, TX, USA

Background: Drug resistance is a major mitigating factor for leishmaniasis treatment, resulting in reduced therapeutic efficacy of pentavalent antimonials, the main antileishmanial drug. Molecular mechanisms modulating the antimony-resistant phenotypes remain poorly understood. Since, *Leishmania* parasites lack transcriptional control, post-transcriptional mechanisms take a prominent role in the coordination of gene expression.

Materials and methods: We selected a *Leishmania tropica* strain for high resistance to antimony. We used a translatomic approach, coupling polysome profiling and deep RNA-sequencing to determine if the resistance to antimony is modulated at the translational level. Since some changes at the translational level can occur in the absence of drug exposure (basal changes), while other changes are expected to be only detectable when the parasites are growing under SbIII exposure (changes to combat the drug), both situations were considered for the comparative translatomic analysis.

Results: The translatomic of the antimony-resistant strain was dramatically different from the sensitive strain even in the absence of the drug and included 2,431 differentially translated transcripts. In contrast, drug-resistant parasites exposed to antimony drug activated a highly selective translation of only 156 transcripts involved in interconnected biological processes, such as improved energy metabolism and oxidative response, drug inactivation, surface protein remodeling, and drug efflux. Our data were validated by both RT-qPCR and proteomic analysis using tandem mass spectrometry.

Conclusion: Here, we propose a novel model which establishes translational control as a major driver of antimony-resistant phenotypes.

Key Words: Leishmaniasis, antimony resistance, drug challenge, translatomic analysis, translational master regulator

T144 - Análisis de diversidad microbiana por medio de la metatranscriptómica en poblaciones de *Aedes aegypti* circulante en comunas con gran incidencia para arbovirosis en el municipio de Ibagué

Weimar David Briñez Zabaleta^{1,2}, Laura Fernanda Santofimio Villa^{1,2}, Natalia Barrera Angarita^{1,2}, Juan David Rojas Gómez^{1,2}, Gustavo Adolfo Vallejo¹, Julio César Carranza Martínez^{1,3}, Juan Fernando Alzate⁵, Daniel Alfonso Urrea Montes^{1,4}

¹ Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical (LIPT), Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

² Estudiante de pregrado en Biología

³ Coinvestigador

⁴ Director

⁵ Centro Nacional de Secuenciación Genómica (Universidad de Antioquia)

Antecedentes: *Aedes aegypti* se considera el principal vector de arbovirosis de importancia en salud pública. A su vez, presenta una gran diversidad de microorganismos que incluyen mayoritariamente bacterias, virus, hongos y parásitos. El estudio de las interacciones tripartitas entre bacterias, virus y huéspedes, generan dinámicas importantes que pueden ser de sentido positivo o negativo enmarcado en la salud pública, lo cual destaca la relevancia de la identificación de la microbiota en vectores como *A. aegypti*.

Materiales y métodos: Se recolectaron adultos de *A. aegypti* en cuatro comunas de Ibagué con gran incidencia para arbovirosis, durante la época de pandemia. A partir de grupos (*pools*) de 50 hembras, se extrajo ARN para practicar una RNAseq por medio del instrumento Novaseq 6000 con depleción de rRNA. Seguidamente, fueron depurados los *reads* para ser ensamblados *de novo* con Trinity, versión 2.13. En el análisis bioinformático, se utilizaron BLASTx y BLASTn, procesados utilizando la herramienta MEGAN6.

Resultados: Se obtuvieron alrededor de 26.588 *contigs* para las cuatro comunas, 68,24 % pertenecía a bacterias, 21,28 % a virus y 10,48 % a nematodos. Se identificaron 302-438 especies de bacterias, 47-137 especies de virus y 18-21 especies de nematodos; además de especies virales, que interfieren en la competencia vectorial de *A. aegypti* como el *Phasi charoen-like virus*.

Conclusiones: *Aedes aegypti* presenta un viroma central que, al parecer, se encuentra conservado; las prevalencias de arbovirus de importancia en salud pública encontradas en este trabajo, son relativamente bajas; *A. aegypti* presenta un fuerte carácter antropofílico; sin embargo, en comunas con importante 'ruralización', presenta efectos zooprofilácticos.

Palabras clave: metatranscriptómica, *Aedes aegypti*, bioinformática, Arbovirus, RNA Seq

T145 - Caracterización de la microbiota cutánea en militares con leishmaniasis cutánea localizada

Luz Helena Patiño, Juan David Ramírez

Centro de investigación en Ciencias Microbiológicas de la Universidad del Rosario (CIMBIUR), Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes: La leishmaniasis cutánea localizada es causada por el protozoo *Leishmania* sp. En Colombia, se reporta especialmente en el área rural y en población militar en zonas endémicas; se considera que es debilitante y de alto costo. Cabe resaltar la importancia de la microbiota en diferentes enfermedades infecciosas, en las que puede actuar como facilitadora o antagonista frente a su progresión. Es poco lo que se ha descrito respecto a la microbiota procariota y eucariota con *Leishmania* sp. del Nuevo Mundo y que se consideren eventos de coinfección. Por lo que, en el presente estudio, se analizó la presencia de coinfección y las comunidades procariotas y eucariotas, de pacientes militares con lesiones cutáneas y de la piel sana.

Métodos: Se identificaron las especies de *Leishmania* y las poblaciones procariotas y eucariotas de las lesiones y de piel sana, por secuenciación de nueva generación de Illumina de los genes *HSP-70*, *16S-ARNr* y *18S-ARNr*, respectivamente.

Resultados: Se encontró piel con lesiones de coinfección entre especies de *Leishmania*, también, un mayor predominio de los filos Firmicutes, Fusobacteria y Proteobacteria, y relacionados con eucariotas, los géneros *Malassezia* y *Cladosporum*. En piel sana, los filos procariotas más abundantes fueron Proteobacteria y Actinobacteria; y en eucariotas, los géneros *Malassezia* y *Aspergillus*.

Conclusiones: Se observan variaciones en la abundancia de procariotas y eucariotas de la microbiota de las lesiones y de piel sana, además de considerar la presencia casos de coinfección, que denotan importantes factores modificadores que podrían afectar el curso de la enfermedad

Palabras clave: leishmaniasis cutánea, microbiota, población militar, eucariotas, procariotas

T146 - Secuenciación Sanger y secuenciación de nueva generación como herramientas para identificar subtipos de *Blastocystis* sp. en muestras clínicas de materia fecal

Liliana Morales¹, Paula Hernández¹, Mónica Santin², Jenny G. Maloney², Jacqueline Chaparro-Olaya¹

¹Laboratorio de Parasitología Molecular, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C., Colombia

²Environmental Microbial and Food Safety Laboratory, Beltsville Agricultural Research Center (BARC), United States Department of agriculture (USDA), Beltsville, MD, USA

Antecedentes: *Blastocystis* es el protista intestinal más frecuente en humanos y se mantiene abierta la controversia sobre su importancia clínica. Se ha descrito una gran diversidad genética en los aislamientos de *Blastocystis* de aves y mamíferos, lo cual ha permitido establecer subtipos. La secuenciación Sanger (Sanger-Seq) no permite resolver mezclas de subtipos, ni detectar los que son escasos. La secuenciación de nueva generación se presenta como alternativa para superar estas limitaciones.

Objetivos: Contrastar las plataformas Sanger y la secuenciación de nueva generación, como estrategias para subtipificar *Blastocystis* en muestras fecales de humanos.

Materiales y métodos: Se usó ADN de 95 muestras de heces clasificadas por análisis microscópico como *Blastocystis*-positivas (Blas+) (n=70) o *Blastocystis*-negativas (Blas-) (n=25). Se practicó PCR-Barcoding y Sanger-Seq para las muestras Blas+. Se hizo PCR-Santin seguida de NGS para todas las muestras (n=95) para identificar los subtipos presentes.

Resultados: Sanger-Seq reveló la presencia de ST1 (26,8 %), ST2 (31,7 %) y ST3 (19,5 %). El 22 % de las muestras (n=9) no pudo ser genotipificado debido a picos superpuestos en los cromatogramas. NGS-Seq detectó la presencia de ST1 (41,2 %), ST2 (39,7 %), ST3 (44,1 %), ST4 (1,5 %) y ST5 (5,9 %), y logró resolver los subtipos para las 9 muestras indeterminadas por Sanger-Seq. Además, detectó 6 muestras que contenían más de un subtipo y Sanger-Seq había clasificado como subtipo único.

Conclusiones: NGS-Seq demostró su superioridad para detectar genotipos poco frecuentes y discernir subtipos en muestras mezcladas. NGS-Seq constituye una herramienta valiosa en estudios que exploren la asociación entre *Blastocystis* y manifestaciones clínicas.

Palabras clave: *Blastocystis*, subtipificación, Sanger-Seq, NGS-Seq, genotipos

T147 - Avances en secuenciación de genomas completos de seis especies de triatomíneos de importancia en Colombia

Carolina Hernández^{1,2}, Antonella Bacigalupo³, Marina Muñoz¹, Bachar Cheaib³, Luz Stella Buitrago⁴, Nathalia Ballesteros¹, Marina Stella González⁴, Plutarco Urbano⁵, Omar Cantillo¹, Claudia Sandoval⁶, Martin Llewellyn³, Juan David Ramírez¹

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

² Centro de Tecnología en Salud (CETESA), Innovaseq, SAS, Bogotá, Colombia

³ Institute of Biodiversity, Animal Health and Comparative Medicine, Glasgow, UK

⁴ Grupo de Investigaciones de Secretaría de Salud del Meta, Laboratorio Departamental de Salud del Meta, Villavicencio, Colombia

⁵ Grupo de Investigaciones Biológicas de la Orinoquia, Fundación Universitaria Internacional del Trópico Americano (Unitrópico), Yopal, Colombia

⁶ Grupo de Investigaciones en Ciencias Básicas y Aplicadas para la Sostenibilidad (CIBAS), Facultad de Ciencias Exactas, Naturales y Agropecuarias, Universidad de Santander, Bucaramanga, Colombia

Introducción: La enfermedad de Chagas es una enfermedad tropical desatendida causada por *Trypanosoma cruzi*; su principal mecanismo de transmisión es el vectorial, generado por insectos de la subfamilia *Triatominae*.

Objetivo: Obtener borradores de genomas completos de seis especies de triatomíneos de importancia en Colombia, asociados con diferentes características ecoepidemiológicas de la transmisión de *T. cruzi*.

Materiales y métodos: Se extrajo ADN de cinco ejemplares de las especies *Rhodnius prolixus*, *R. pallescens*, *Panstrongylus geniculatus*, *Psammolestes arthuri*, *Eratyrys mucronatus* y *Belminus herrerii*. Se realizó secuenciación mediante técnicas de lectura largas o cortas y ensamblaje *de novo* de las lecturas largas y cortas. Determinamos las estadísticas de ensamblaje y medimos la calidad buscando genes ortólogos de copia única conservados en la base de *Hemiptera*.

Resultados: En los ensamblajes se obtuvieron 4.240 *scaffolds* para *R. prolixus*, 3.646 (*P. arthuri*), 93.102 (*P. geniculatus*), 10.924 (*B. herrerii*), 16.950 (*E. mucronatus*) y 15.720 (*R. pallescens*). El N50 fue de 517.779 para *R. prolixus*, 438.662 (*P. arthuri*), 21.741 (*P. geniculatus*), 578.840 (*B. herrerii*), 390.497 (*E. mucronatus*) y 297.354 (*R. pallescens*). La búsqueda de genes ortólogos de copia única fue de 95,2 % para *R. prolixus*, 95,8 % (*P. arthuri*), 85,9 % (*P. geniculatus*), 96,2 % (*B. herrerii*), 86,4 % (*E. mucronatus*) y 87,9 % (*R. pallescens*).

Conclusión: Este estudio constituye el primer acercamiento al estudio de genomas completos mediante el uso de lecturas largas y cortas. Se proporciona un método factible para obtener genomas de una gran diversidad de vectores y puede proporcionar información sobre su adaptabilidad ambiental y nuevos escenarios de transmisión en Colombia.

Palabras clave: Oxford Nanopore, *Trypanosoma*, *Rhodnius*, diversidad

T148 - Análisis de variación estructural genómica de aislamientos colombianos de *Leishmania (Viannia) braziliensis*

Aura María Rodríguez Guzmán¹, Laura González², Germán Andrés Duarte Olaya¹, María Paula Rodríguez², Brayhan Darío Suárez¹, Hader Sebastián Ospina¹, Diana Marcela Parra³, Julio César Carranza Martínez¹, Gustavo Adolfo Vallejo¹, Daniel Alfonso Urrea¹, Jorge Duitama², María Clara Echeverry³

¹Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical (LIPT), Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

²TICSw: Tecnologías de Información y Construcción de Software, Universidad de los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

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

Antecedentes: En Colombia, la leishmaniasis cutánea es una enfermedad endémica asociada principalmente a la pobreza en áreas rurales, y se presentan alrededor de 10.000 casos por año, siendo causada por especies del subgénero *Viannia* (*Leishmania braziliensis*, *L. panamensis* y *L. guyanensis*).

Objetivo: Contribuir al conocimiento de la variación estructural genómica de *L. braziliensis* a partir de aislamientos colombianos, empleando secuenciación por lecturas cortas y largas.

Materiales y métodos: Se secuenciaron 21 cepas de *L. braziliensis* aisladas de pacientes colombianos, utilizando la plataforma Illumina y siete de estas por tecnología Nanopore MinION, generándose un total de 1,4 GB de datos por cepa. Las lecturas ensambladas y asignadas a cromosomas se usaron para evaluar la diversidad mediante análisis de ploidía, variación en número de copias y variación en SNP tanto nucleares como mitocondriales.

Resultados: El análisis de ploidía evidenció que los 21 aislamientos son predominantemente diploides, como se ha reportado previamente. La presencia de un fragmento con un aumento uniforme en la profundidad de lectura en el cromosoma 34, revela la presencia de pequeñas subpoblaciones y mayor variabilidad en las familias multigénicas de la cadena pesada de la dineína, los transportadores ABC1-putativo y las cisteín-peptidasas similares a la calpaína. Por otra parte, se obtuvo un maxicírculo de referencia anotado a partir de los aislamientos con lecturas largas.

Conclusión: Los resultados preliminares de este trabajo revelaron que es posible utilizar lecturas Illumina complementadas con lecturas ONT para reconstruir el genoma, la cual es una alternativa fácil y de bajo costo para estudiar la diversidad de *Leishmania* en nuestro país.

Palabras clave: *Leishmania braziliensis*, nanoporos, Illumina, maxicírculos, Colombia

T151 - Detección de ADN de *Leishmania infantum* en *Pintomyia evansi* y *Lutzomyia longipalpis* en Honduras

Wilfredo Sosa Ochoa¹, Javier Varela Amador², Yokomi Lozano Sardaneta³, Concepción Zúniga Valeriano⁴, Gabriela Rodríguez Segura⁵, Gabriela Venicia Araújo⁶, Carmen María Sandoval⁷, Marcia Dalastra Laurenti⁸, Fredy Galvis Ovallos⁹

¹ Instituto de Investigaciones en Microbiología, Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Tegucigalpa, Honduras; Laboratory of Pathology of Infectious Diseases, Medical School, São Paulo University, São Paulo, SP, Brazil

² Hospital Militar de Honduras, Tegucigalpa, Honduras

³ Centro de Medicina Tropical, División de Investigación, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México

⁴ Hospital Escuela Universitario, Departamento de Vigilancia de la Salud, Tegucigalpa, Honduras

⁵ Instituto de Investigaciones en Microbiología, Universidad Nacional Autónoma de Honduras

⁶ Laboratory of Pathology of Infectious Diseases, Medical School, São Paulo University, São Paulo, SP, Brazil

⁷ Laboratory of Pathology of Infectious Diseases, Medical School, São Paulo University, São Paulo, SP, Brazil

⁸ Laboratory of Pathology of Infectious Diseases, Medical School, São Paulo University, São Paulo, SP, Brazil

⁹ University of São Paulo, Department of Epidemiology, School of Public Health, São Paulo, Brazil

Antecedentes: Las dos especies de flebótomos más abundantes en el Pacífico hondureño son *Lutzomyia (Lutzomyia) longipalpis* y *Pintomyia (Pifanomyia) evansi*. Ambas especies son vectores conocidos de *Leishmania (Leishmania) infantum*, el agente etiológico de la leishmaniasis visceral en las Américas. Aunque esta y la leishmaniasis cutánea no ulcerativa son endémicas en la región del Pacífico centroamericano, esta última es la manifestación más frecuente de la leishmaniasis en la zona.

Métodos: El estudio se llevó a cabo en Amapala, isla del Tigre, Honduras. Se capturaron flebótomos utilizando trampas de luz de tipo CDC; para la extracción de ADN de los intestinos del flebótomo hembra, se utilizó el kit Chelex 100 (Bio-Rad, Hercules, CA); con una PCR convencional, se identificó el género *Leishmania*, y posteriormente, se utilizó un PCR-RFLP para identificar la especie, amplificando una región específica del gen *hsp70*.

Resultados: Se recolectaron 222 especímenes de seis especies de flebótomos. *Lutzomyia longipalpis* (180/222; 81 %) y *Pif. (Pi.) evansi* (35/222; 16 %), fueron las especies más abundantes. Se detectó ADN de *L. (L.) infantum* en nueve de las 96 muestras analizadas; siete de estos especímenes fueron identificados como *Lu. longipalpis* y los dos restantes eran *Pi. evansi*, con una tasa de infección del 9,4 y 2,7 %, respectivamente.

Conclusiones: Se presenta el primer registro de ADN de *L. infantum* en *Pi. evansi* de una región endémica de leishmaniasis cutánea no ulcerativa de Centroamérica. Los resultados sugieren que *Pi. evansi* podría ser un vector secundario de *L. infantum* en el ciclo de transmisión de leishmaniasis.

Palabras clave: *Leishmania (Leishmania) infantum*, *Pintomyia (Pifanomyia) evansi*, *Lutzomyia (Lutzomyia) longipalpis*, leishmaniasis visceral, leishmaniasis cutánea no ulcerada

T152 - Detección molecular de *Toxoplasma gondii* en heces de gato doméstico en la ciudad de Ibagué

Angie Natalia Varón Saavedra, C. J. Carranza, G. A. Vallejo
Laboratorio de Parasitología Tropical, Universidad del Tolima

Antecedentes: La toxoplasmosis es una zoonosis parasitaria de distribución mundial, con una prevalencia en humanos estimada entre el 60 y el 80 % en los países tropicales. Su agente etiológico es *Toxoplasma gondii*, protozoo capaz de infectar una amplia gama de huéspedes vertebrados, incluido el ser humano. La familia *Felidae* contiene los huéspedes principales, incluyendo los gatos domésticos, en los cuales se desarrolla el ciclo sexual del parásito y siendo ellos el primer eslabón en la cadena infectiva.

La toxoplasmosis en humanos se puede presentar en formas desde asintomáticas hasta clínicamente graves, que pueden afectar la visión o generar trastornos del sistema nervioso central. Algunos de los principales riesgos de esta enfermedad ocurren en las mujeres embarazadas, las personas inmunocomprometidas y los niños. La infección por *T. gondii* se puede adquirir por diversas fuentes, y el diagnóstico temprano y la vigilancia son importantes para prevenirla y entender la epidemiología de esta zoonosis.

Objetivo: Verificar la presencia de *T. gondii* en heces de gato en la ciudad de Ibagué.

Métodos: Mediante la detección del gen *B1* por PCR-nested y electroforesis en gel de acrilamida al 6 %.

Resultados: De 40 muestras examinadas en 12 de las 13 comunas de Ibagué, el 12 % fueron positivas, confirmando la presencia de *T. gondii* en heces de gato doméstico: Se comprobó la viabilidad del método empleado, y la importancia de hacer estos estudios para contribuir al entendimiento y la generación de información básica de la toxoplasmosis en la salud humana, animal y ambiental.

Palabras clave: toxoplasmosis, *Toxoplasma gondii*, heces, felinos, PCR-nested

T153 - Identificación de tripanosomátidos a partir de mamíferos silvestres y domésticos en diferentes departamentos de Colombia

Adriana C. Castillo-Castañeda¹, David Martínez¹, Luz H. Patiño¹, Marina Muñoz¹, Omar Cantillo-Barraza^{1,2}, Martha S. Ayala³, Maryi Segura³, Jessica Bautista³, Plutarco Urbano⁴, Jeiczon Jaimes-Dueñez⁵, Juan David Ramírez^{1,6}

¹ Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología-UR (CIMBIUR), Facultad de Ciencias Naturales, Universidad del Rosario, Bogotá, Colombia

² Grupo de Biología y Control de Enfermedades Infecciosas (BCEI), Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³ Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, Colombia

⁴ Grupo de Investigaciones Biológicas de la Orinoquía, Universidad Internacional del Trópico Americano (Unitropico), Yopal, Colombia

⁵ Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia UCC, Bucaramanga, Colombia

⁶ Molecular Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell-based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA

Introducción: A nivel mundial, las enfermedades causadas por tripanosomátidos se presentan en poblaciones en condición de pobreza y vulnerabilidad, en las cuales los factores ambientales, sociales y biológicos tienen un impacto en el modelado de la enfermedad, que influyen en la distribución de los agentes parasitarios y sus vectores.

Objetivos: Caracterizar la infección por tripanosomátidos en diferentes mamíferos provenientes de diferentes departamentos del país por medio de de secuenciación por Sanger y NGS.

Métodos: Se recolectaron 174 muestras de diferentes mamíferos de diferentes departamentos de Colombia, con el fin de identificar un fragmento del gen *HSP70* y así determinar la infección por tripanosomátidos. Las muestras positivas fueron secuenciadas por medio de Sanger y *amplicon-based* NGS.

Resultados: Se obtuvo una concordancia del 97 % al comparar las especies identificadas por las dos tecnologías de secuenciación. En los perros domésticos, se obtuvo un índice de casos de coinfección tanto por diferentes especies de *Leishmania*, como la presencia simultánea de *Trypanosoma cruzi* e, incluso, *T. rangeli*. En los animales silvestres analizados, no se observó una presencia significativa de *L. braziliensis* a pesar de su contexto de nicho selvático.

Conclusiones: El gen *HSP70* se presenta como un marcador molecular útil para identificar tripanosomátidos en diferentes actores del ciclo de vida de especies de *Leishmania* y *Trypanosoma*, permitiendo la identificación de múltiples especies cuando se usa *amplicon-based* NGS. Finalmente, estos hallazgos muestran la importancia de realizar estudios de tipo *One Health*, para ampliar nuestros conocimientos en los casos de coevolución e interacciones parasitarias en mamíferos y vectores, y así, brindar información valiosa en términos de salud pública.

Palabras clave: *amplicon-based* NGS, Sanger, mamíferos, tripanosomátidos, coinfección, diversidad

T154 - Diversidad genética y estructura poblacional de *Rhipicephalus sanguineus sensu lato* en diferentes regiones de Colombia

Luisa Páez Triana¹, Marina Muñoz¹, Giovanni Herrera¹, Darwin A. Moreno², Gabriel A. Tafur Gómez², Diego Montenegro³, Manuel A. Patarroyo^{4,5,6}, Alberto Paniz-Mondolfi⁷, Juan David Ramírez¹

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

² Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales-U.D.C.A., Bogotá, D.C., Colombia

³ Fundación Chilloa, Santa Marta, Colombia

⁴ Molecular Biology and Immunology Department, Fundación Instituto de Inmunología de Colombia (FIDIC), Bogotá, D.C., Colombia

⁵ Microbiology Department, Faculty of Medicine, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

⁶ Health Sciences Division, Main Campus, Universidad Santo Tomás, Bogotá, D.C., Colombia

⁷ Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA

Antecedentes: La taxonomía de *Rhipicephalus sanguineus sensu stricto* (*s.s.*) ha sido discutida durante varios años. Varios estudios han demostrado la ocurrencia de diferentes linajes además de *Rhipicephalus sanguineus s.s.* En Colombia, se han reportado dos diferentes linajes; sin embargo, los estudios de esta especie en el país son escasos.

Objetivo: Evaluar la estructura poblacional y diversidad genética de *R. sanguineus sensu lato* (*s.l.*) en ocho regiones de Colombia.

Materiales y métodos: Se recolectaron 170 garrapatas de perros y se identificaron morfológicamente como *Rhipicephalus sanguineus s.l.* Se amplificaron los marcadores genéticos 12S rDNA, citocromo oxidasa I (COI) y el espaciador transcrito interno 2 (ITS2). A partir de estas secuencias, se elaboró un árbol de máxima verosimilitud con cada marcador y con un concatenado de los mitocondriales. Además, se obtuvieron resultados estadísticos descriptivos y de genética de poblaciones.

Resultados: A partir de los marcadores mitocondriales, se observó que todas las garrapatas recolectadas pertenecen al linaje tropical, mientras que el marcador nuclear ITS2 no mostró la agrupación de los diferentes linajes. Por otro lado, los análisis microgeográficos mostraron que una población del departamento de Amazonas formaba un conglomerado aparte del resto de secuencias analizadas, con valores moderados de *Fst* y *Dxy*. Sin embargo, no hubo señales contundentes de estructuración genética para esta garrapata en el país. Por otro lado, la prueba de *Fu's* *Fs*, junto con la red de haplotipos, mostraban una posible expansión cercana de esta garrapata en Colombia.

Conclusión: El tropical es el principal linaje circulante en el país, el cual exhibe poca estructuración a excepción de en el departamento del Amazonas.

Palabras clave: diversidad genética, filogenética, *Rhipicephalus sanguineus*, garrapatas, enfermedades transmitidas por vectores

T155 - Secuenciación multilocus (MLST) como estrategia para identificar genotipos de *Giardia intestinalis* en perros de compañía

Liliana Morales¹, Paula Hernández¹, Jenny Jovana Chaparro-Gutiérrez², Sara López-Osorio², Anderson López-Arias³, Jacqueline Chaparro-Olaya¹

¹ Laboratorio de Parasitología Molecular, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de investigación CIBAV, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³ Go Vets Test, Laboratorio Diagnostico, Medellín, Colombia

Antecedentes: *Giardia intestinalis* es un parásito entérico de distribución mundial. La especificidad por su huésped está determinada por ensamblajes genéticos, de los cuales se conocen ocho (A-H) hasta ahora. En perros, los ensamblajes C y D son los predominantes, y les siguen los ensamblajes A y B. Teniendo en cuenta el incremento de hogares con mascotas, es importante establecer el potencial zoonótico de *G. intestinalis*.

Objetivos: Identificar los genotipos circulantes de *G. intestinalis* en muestras fecales de perros de compañía de Medellín por medio de MLST.

Materiales y métodos: Se eligieron 100 muestras de heces de perros de compañía, positivas para *Giardia* por microscopía. Se extrajo el ADN de las muestras y se hizo PCR para amplificar los genes *ssuRNA*, *gdh* (glutamato-deshidrogenasa), *bg* (beta-giardina) y *tpi* (triosa-fosfato-isomerasa) de *Giardia*. Los productos de la PCR fueron secuenciados y se hizo el análisis filogenético mediante el programa MEGA, versión X.

Resultados: Se amplificaron 47 muestras para el PCR-*ssuRNA* y sólo seis fueron positivas, al menos, en una PCR para *tpi*, *gdh* o *bg*. Una PCR-16S rRNA para *Enterococcus* descartó potenciales problemas técnicos durante la extracción del ADN. La asignación de ensamblajes indicó que tres muestras pertenecían al ensamblaje C y tres al ensamblaje D.

Conclusiones: La genotipificación de *Giardia* por MLST *tpi-gdh-bg* tuvo menor éxito en perros al compararla con previos análisis. La sensibilidad aparentemente pobre de la estrategia limitó en gran medida la posibilidad de llegar a una conclusión significativa. Identificamos como potencial limitación del estudio el prolongado tiempo de almacenamiento de las muestras antes de la extracción del ADN.

Palabras clave: *Giardia*, ensamblajes, mascotas, multilocus, genotipificación

T156 - Caracterización molecular de *Fasciola hepatica* en siete departamentos de Colombia

Diego José García-Corredor^{1,3}, Martín Orlando Pulido-Medellín¹, Julio César Giraldo-Forero², Diana Carolina Hernández-Castro³, Lissa Briceida Cruz-Saavedra³, Mateo Andrés Alvarado López³, Claudia Marina Muñoz Díaz³, Juan David Ramírez González^{3,4}

¹ Grupo de Investigación en Medicina Veterinaria y Zootecnia (GIDIMEVETZ). Programa de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Tunja, Colombia

² Grupo de Investigación en Parasitología y Microbiología Tropical, Programa de Biología, Universidad INCCA de Colombia, Bogotá, Colombia; Facultad de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad Militar Nueva Granada, Bogotá, D.C., Colombia

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

⁴ Molecular Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell-Based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA

Antecedentes: La fascioliasis es una parasitosis zoonótica causada por trematodos del género *Fasciola*. Esta enfermedad se encuentra ampliamente distribuida por todo el mundo, causando grandes pérdidas económicas debido a la mortalidad de los animales y el decomiso de los hígados, y la reducción del aumento de peso, la producción de leche y del rendimiento reproductivo. En los últimos años, ha ganado importancia en la salud pública de los humanos y ha generado especial interés el estudio de esta parasitosis. En Suramérica, son pocos los estudios realizados para entender los linajes y genotipos circulantes, y más aún para Colombia no se conoce esta información.

Objetivo: Caracterizar molecularmente los linajes y genotipos de *Fasciola hepatica* a partir de muestras recolectadas en siete departamentos de Colombia.

Materiales y métodos: Se realizó un muestreo no probabilístico de intenciones a partir de ejemplares recolectados en plantas de beneficio animal en los departamentos de Antioquia, Boyacá, Cauca, Cundinamarca, Nariño, Norte de Santander y Santander. Se seleccionaron 20 ejemplares adultos de *F. hepatica*, provenientes de 20 animales diferentes en cada departamento (un parásito adulto por animal). A cada ejemplar se le hicieron análisis morfológicos y se obtuvieron medidas como área corporal, longitud de cuerpo, ancho de cuerpo, relación longitud ancho, y área de ventosa oral, entre otras. Se utilizaron cuatro marcadores nucleares (28s, ITS1, ITS2 y β -tubulina) y un marcador mitocondrial (COI).

Resultados: Se evidencia que los ejemplares corresponden fenotípicamente a *F. hepatica*. Además, se observó la escasa baja variabilidad de *F. hepatica*, lo cual coincide con estudios previos en otras regiones del mundo.

Palabras clave: *Fasciola hepatica*, diversidad genética, filogenia, bovinos

T157 - An update on the distribution of *Blastocystis* subtypes in the AmericasPaula Jiménez¹, Marina Muñoz¹, Juan David Ramírez^{1,2}¹ Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología-UR (CIMBIUR), Facultad de Ciencias Naturales, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia² Molecular Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell-based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA

Introduction: *Blastocystis* is an intestinal protist that presents worldwide distribution and colonizes animal and human hosts. It is also genetically diverse and classified into at least seventeen ribosomal subtypes, although there are reported novel subtypes from 18 through 32 lately.

Objective: We conducted an update based on studies reporting *Blastocystis* positive samples in the Americas obtained from diverse hosts. We described the distribution throughout the continent by assembling maps representing the distribution of subtypes and the most important *18S-rRNA* alleles.

Results: Thirty-nine articles from the previous study, “A summary of *Blastocystis* subtypes in North and South America,” and forty-one additional articles from March, 2019, to March, 2022, were considered. The most common subtype described is ST3, representing the highest percentage of positive samples. Other subtypes have been identified in recent years, such as ST12, ST13, and ST16 in humans, and ST10, ST14, and ST17 in animals. South American countries have conducted more studies reporting variability of subtypes. Among the countries that stand out are Colombia and Brazil. Novel subtypes have also been described in this continent.

Conclusion: We assembled and updated geographically and molecularly the distribution of *Blastocystis* in the Americas. We hope this delivers new understandings and knowledge of this microorganism’s prevalence and genetic diversity

Key words: *Blastocystis*, subtypes, America, geographic distribution

T161 - Hacia la comprensión de la interacción patógeno-huésped para la eliminación de la lepra en Colombia

Yulibeth Torres Pedrozo¹, Pedro José Frago Castilla²

¹ Secretaría de Salud Departamental, referente de Lepra

² Universidad Popular del Cesar, coordinador del Doctorado en Medicina Tropical

Antecedentes: La lepra es una enfermedad histórica –ligada al estigma y a la discriminación– que produce pérdida de la sensibilidad dada la afectación de los nervios periféricos. Su agente etiológico *Mycobacterium leprae* ha sido estudiado, sin embargo, en el año 2008 se identificó una nueva especie, *M. lepromatosis*, recientemente descrita en Colombia y con nuevos desafíos por abordar.

Objetivo: Realizar una revisión teórica sobre la interacción patógeno-huésped en lepra y analizar los desafíos para el abordaje de la enfermedad en Colombia.

Metodología: Se realizó un artículo de reflexión en el que se analizaron los mecanismos que utiliza *M. leprae* complex para ocasionar la enfermedad. Mediante un modelo ecológico, se identificaron factores determinantes para el desarrollo de la enfermedad.

Resultados: La interacción biológica entre el agente patógeno y el huésped está determinada por factores relacionados con el ambiente, el nivel socioeconómico y la cultura. Se identificaron factores en diferentes niveles del modelo planteado, tales como residencia en zonas endémicas, costumbres y estrategias de seguimiento desde el sistema de salud. El abordaje de cada nivel es fundamental para la comprensión y el control de la enfermedad en Colombia.

Conclusiones: Las vías de transmisión de *M. leprae* complex no se conocen en su totalidad. Se plantea la necesidad de analizar los mecanismos que utiliza este agente patógeno para ingresar al huésped, así como las condiciones del individuo que favorecen las manifestaciones clínicas; asimismo, se deben considerar también las condiciones socioeconómicas, culturales y de saneamiento ambiental que influyen en la presentación de esta enfermedad en el territorio colombiano.

Palabras clave: lepra, enfermedad de Hansen, estrategias, prevención, control

T162 - Interacción entre *Rhodnius* spp. y *Trypanosoma rangeli*: mortalidad de *R. prolixus*, *R. colombiensis* y *R. pallenscens* infectados con tres genotipos del parásito

Carlos Mario Ospina Varón¹, Sneider Alexander Gutiérrez Guarnizo¹, Jenny Lorena Olaya Morales¹, Lilibiana López Manjarrez¹, Yazmín Suárez Quevedo¹, Olimpo José García Beltrán², Julio César Carranza Martínez¹, Gustavo Adolfo Vallejo¹

¹ Universidad del Tolima, Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical, Ibagué, Colombia

² Universidad de Ibagué, Grupo de Investigación QBOSMO, Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Ibagué, Colombia

Antecedentes: La capacidad patógena de *Trypanosoma rangeli* para *Rhodnius* spp. ha sido descrita por diversos investigadores a lo largo de los años; sin embargo, todavía existen interrogantes relacionadas con la patogenicidad de sus genotipos hacia las especies descritas del género *Rhodnius*.

Materiales y métodos: Utilizando la PCR-RFLP del gen citocromo oxidasa II (*COII*), se caracterizaron 19 cepas colombianas de *T. rangeli*. Luego, se les practicaron pruebas de expresión de sialidasa, y pruebas de sensibilidad y patogenicidad empleando hemolinfa y contenido intestinal de *R. prolixus*, *R. colombiensis* y *R. pallenscens*.

Resultados: Las cepas de *T. rangeli* se clasificaron molecularmente en tres grupos denominados ARpr, CRpa y CRco. Se encontró que el contenido intestinal de *R. prolixus* lisa a las cepas aisladas de *R. colombiensis*, pero no a las aisladas de *R. prolixus*. Asimismo, se halló que la mortalidad acumulada en los vectores utilizados es mayor al ser infectados con cepas que circulan de forma natural en estos. Sin embargo, la mortalidad acumulada de *R. pallenscens* no se ve afectada por el tipo de cepa que lo infecta. En cuanto a la cuantificación de la sialidasa liberada por los epimastigotos de cultivo, se evidenció una mayor producción de sialidasa en las cepas ARpr, seguida de las cepas CRco, y la menor producción se observó en las cepas CRpal.

Conclusiones: Los genotipos de *T. rangeli* demostraron causar gran mortalidad en sus respectivos vectores naturales. Asimismo, la sialidasa que estos liberan, se presenta como un factor de capacidad patógena importante de este parásito hacia sus vectores.

Palabras clave: vigilancia, entomológica, pupas, adultos

T163 - Efecto de los factores líticos de la hemolinfa de *Rhodnius prolixus* y *Rhodnius colombiensis* contra las formas tripomastigotes metacíclicas de *Trypanosoma cruzi* (DTUs I y II)

Gustavo Andrés Gaitán Veloza, Julio César Carranza Martínez, Gustavo Adolfo Vallejo
Universidad del Tolima, Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical

Antecedentes: Para comprender la importancia epidemiológica que poseen los triatominos en la transmisión de *Trypanosoma cruzi*, se han investigado las interacciones entre las diferentes DTU del parásito y la respuesta inmunológica innata generada por la hemolinfa del vector, mostrando la selectividad de este último al permitir o limitar el desarrollo de algunas DTU; sin embargo, solo se ha estudiado esta interacción en sus formas epimastigotes.

Objetivos: Evaluar la sensibilidad o resistencia de las formas tripomastigotes metacíclicas de las DTU I y II de *T. cruzi* a los factores inmunitarios innatos de la hemolinfa de *Rhodnius prolixus* y *R. colombiensis*.

Métodos: Se realizó una purificación de tripomastigotes metacíclicos mediante cromatografía de intercambio iónico con sefarsa-DEAE; posteriormente, se realizaron conteos de parásitos a la hora 0 y a la 14 de incubación *in vitro* con hemolinfa de *R. prolixus* o *R. colombiensis*, comparándolos estadísticamente mediante la prueba t de Student.

Resultados: La técnica de purificación con sefarsa-DEAE permitió la separación de formas metacíclicas rápida y eficientemente; se observó la sensibilidad de la DTU II frente a los factores inmunes innatos de *R. prolixus*, reduciéndose en un 98,4 % la cantidad de parásitos, mientras que no se detectó actividad lítica contra la DTU I; por otro lado, ambas DTU resistieron a la incubación con hemolinfa de *R. colombiensis*.

Conclusiones: Los factores tripanolíticos presentes en la hemolinfa del vector actúan también contra los tripomastigotes metacíclicos, sustentando la idea de una selectividad en la transmisión de las diferentes DTU por parte de los vectores.

Palabras clave: factores tripanolíticos, *Trypanosoma cruzi*, tripomastigotes metacíclicos, *Rhodnius prolixus*, *Rhodnius colombiensis*

T164 - Reacción fisiológica a la infección por parásitos sanguíneos en anfibios

Nubia Estela Matta¹, Leydy P. González², Carolina M. Vargas-León³, Gustavo Andrés Fuentes-Rodríguez⁴, Martha L. Calderón-Espinosa⁵

¹ Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

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

³ Facultad de Medicina, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Facultad de Medicina, maestría en Infecciones y Salud en el Trópico, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

⁵ Instituto de Ciencias Naturales, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes: Las poblaciones de anfibios están declinando a nivel mundial por causas bien conocidas como el cambio climático y la infección por *Batrachochytrium dendrobatidis*. Sin embargo, existen otros agentes comunes, como los hemoparásitos, cuyas consecuencias han sido poco estudiadas. Este estudio buscó analizar la frecuencia de eritroblastos y mitosis eritrocitaria con la infección de hemoparásitos.

Materiales y métodos: Se capturaron y muestrearon mediante punción de la vena braquial o punción cardiaca, 116 anfibios (31 especies), en seis localidades de Colombia. Se realizaron extendidos de sangre periférica y se tiñeron con Giemsa. Posteriormente, se detectaron parásitos sanguíneos, se cuantificó la parasitemia y, también, se hizo el recuento de eritroblastos y mitosis eritrocitaria.

Resultados: Los parásitos encontrados fueron *Trypanosoma*, *Hepatozoon*, *Dactylosoma*, *Karyolysus-like* y microfilarias. Los anfibios infectados mostraron mayor cantidad de eritroblastos y de mitosis eritrocitarias específicamente en células inmaduras.

Conclusiones: La sangre se comporta como un órgano hematopoyético para los anfibios, y el mecanismo de reacción a una baja de eritrocitos probablemente inducida por los parásitos intracelulares dispara mecanismos de compensación, estimulando la producción de nuevos glóbulos rojos, lo que explica el aumento de eritroblastos y de mitosis de dichas células en la sangre periférica. Sin embargo, otros agentes externos, como contaminación, metales pesados y fungicidas, también pueden estar induciendo los cambios fisiológicos observados. Aún falta información sobre el impacto de la infección de parásitos sanguíneos en población silvestre de anfibios y reptiles. Su caracterización es necesaria en la procura de mantener estables las poblaciones de anfibios.

Palabras clave: anemia, hemoparásitos, hematología, hematopoiesis

T165 - Microbiome alterations driven by *Trypanosoma cruzi* infection in two disjunctive mice models

Sergio Castañeda¹, Claudia Muñoz¹, Rojelio Mejía², Kathryn Jones^{2,3}, Peter Hotez^{2,3,4,5}, María Bottazzi^{2,3,4,5}, Alberto Paniz-Mondolfi^{6,7}, Cristina Poveda², Juan David Ramírez-González^{1,6}

¹ Universidad del Rosario, Faculty and Natural Sciences, Bogotá, D.C., Colombia

² Baylor College of Medicine, Department of Pediatrics, Section of Tropical Medicine, Texas, USA

³ Baylor College of Medicine, Department of Molecular Virology and Microbiology, Texas, USA

⁴ Baylor College of Medicine, Texas Children's Hospital Center for Vaccine Development, Texas, USA

⁵ Baylor College of Medicine, Department of Biology, TX, USA

⁶ Icahn School of Medicine at Mount Sinai, Molecular Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell-Based Medicine, NY, USA

⁷ Incubadora Venezolana de la Ciencia, Incubadora Venezolana de la Ciencia, Barquisimeto, Venezuela

Antecedentes: Las alteraciones causadas por *Trypanosoma cruzi* en el microbioma intestinal pueden desempeñar un papel clave en las interacciones huésped-parásito, y estar implicadas en el establecimiento y la progresión de la infección. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue evaluar el impacto de *T. cruzi* en el microbioma intestinal a partir de modelos animales.

Métodos: Se implementó un modelo en ratones con dos cepas de ratón, BALBc y C57BL/6. Hubo un grupo de control (n=5) y un grupo infectado (n=5) con *T. cruzi* (Tulahuen). Se evaluaron la parasitemia, las citocinas y el microbioma por medio de *shotgun metagenomics*.

Resultados: Se observaron cambios en las citocinas, principalmente un aumento de IFN γ , IL-6 y TNF- α . Especies como *Bacteroides thetaiotaomicron*, *Faecalibaculum rodentium*, *Bifidobacterium pseudolongum* y *Lactobacillus johnsoni*, mostraron una disminución de la abundancia relativa, mientras que otros aumentaron, como *Akkermansia muciniphila* y *Staphylococcus xylosum*. Los cambios funcionales mostraron disminución de las vías metabólicas asociadas a la síntesis de ácidos grasos y aminoácidos, y de las vías de fermentación de piruvato-lactato. Los ensamblajes y *bins* permitieron reconstruir genomas a partir de metagenomas (MAG) de buena calidad.

Conclusiones: *Trypanosoma cruzi* produce efectos intrínsecos en el microbioma intestinal. Estos cambios pueden generar una reacción proinflamatoria y alteración del microbioma intestinal en las bacterias, la que puede estar relacionada con el establecimiento o progreso de la infección. Los cambios funcionales indican reducción de las vías de síntesis de aminoácidos como el triptófano. Asimismo, la disminución de la síntesis de ácidos grasos de cadena corta se correlacionó con la pérdida de ciertos *taxa* propios de un entorno anaerobio, favoreciendo la disbiosis.

Palabras clave: *Trypanosoma cruzi*, microbioma, metagenómica, interacción parásito-huésped

T166 - Evaluate the role of cytokines and chemokines in the development of complications in malaria caused by *Plasmodium vivax*

Catalina Tovar Acero^{1,2,3}, Javier Ramírez-Montoya⁴, María Camila Velasco¹, Paula Avilés², Dina Ricardo-Caldera², Juan Rivera-Correa^{5,6}, Ana Rodríguez⁵, María Fernanda Yasnot-Acosta¹

¹ Grupo Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba, GIMBIC, Universidad de Córdoba

² Grupo de Enfermedades Tropicales y Resistencia Bacteriana, Universidad del Sinú, Montería, Colombia

³ Doctorado de Medicina Tropical, SUE Caribe, Universidad de Cartagena

⁴ Grupo de Investigación en Estadística, Universidad de Córdoba

⁵ New York University School of Medicine, New York, NY, USA

⁶ Autoimmunity and Inflammation Program, Hospital for Special Surgery, New York, USA; Department of Medicine, Weill Cornell Medicine, New York, NY, USA

Background: *Plasmodium vivax* can cause complicated manifestations, and the mechanisms that lead to this situation are not entirely clear. The presence of parasite and parasite-derived components triggers the inflammatory response, which is characterized by the production of pro- and anti-inflammatory molecules. These molecules may be responsible for the damage observed in different affected organs in complicated malaria.

Objective: To evaluate the role of cytokines and chemokines in the development of complications in malaria caused by *P. vivax*.

Materials and methods: Thirteen cytokines and chemokines were quantified in 106 people with malaria (severe and not severe) and 50 controls, with bead-based multiplex assay. The study variables were analyzed by non-parametric tests were carried with Prima and R statistical software. Fitting models with interaction to study the complication probability, using Lasso regression with readjustment of Gamlss models of binomial family.

Results: IL-10, IL-6 and IFN γ had higher concentration in the severe malaria group (<0.0001) and lower concentration of TGF- β (<0.0001), compared with non-severe malaria group and control group. IL-10, IL-6, IFN γ showed a negative correlation with platelet count in severe malaria, IL-6 and IFN γ specifically with severe thrombocytopenia; and a positive correlation between IFN γ and transaminases, and IL-2 and creatinine. Lasso regression model suggests that IL-4, IL-10, CCL2 and TGF- β might be developed as prognostic for severity in *P. vivax* malaria.

Conclusions: The inflammatory response during *P. vivax* infection can mediate the development of hematological, renal, and hepatic complications. TGF- β to protect against the development of complicated forms of *P. vivax* malaria.

Palabras clave: *Plasmodium vivax*, cytokine, severe malaria, chemokines, TGF- β

T167 - Alteraciones histopatológicas e inmunológicas en la lesión de leishmaniasis cutánea durante el tratamiento tópico con miltefosina y después de él

Laura Fernanda Neira¹, Julio César Mantilla², Patricia Escobar¹

¹ Centro de Investigación de Enfermedades Tropicales (CINTROP), Universidad Industrial de Santander, Colombia

² PAT-UIS, Escuela de Medicina, Departamento de Patología, Universidad Industrial de Santander, Colombia

Antecedentes: El gel de miltefosina (MTF) aplicado tópicamente es efectivo en modelos experimentales de leishmaniasis cutánea.

Objetivo: Determinar la reacción histopatológica e inmunológica *in situ* durante y después del tratamiento con MTF.

Materiales y métodos: Ratones BALB/c infectados con *Leishmania (L.) amazonensis* (clon 1 y 2) fueron tratados tópicamente con un hidrogel de MTF al 0,5 % p/v y con el vehículo, durante 25 días. Grupos de ratones (N=3) fueron sacrificados los días 0, 12, 25 y 85. Se determinaron el tamaño (mm²), la carga parasitaria (qPCR), y el perfil histopatológico (en biopsias coloreadas con hematoxilina y eosina), ultraestructural (por microscopía electrónica de transmisión) y de citocinas IL-4, TNF α , INF- γ , IL-10 y VEGF (por inmunoensayo multiplex) de las lesiones.

Resultados: Se observó: disminución del tamaño de la lesión con valores de 54,3 \pm 6,1 mm², 3,9 \pm 4,5 mm², 9,0 \pm 4,3 mm² y 4,4 \pm 4,9 mm² (clon1) y 21,1 \pm 2,2 mm², 20,7 \pm 2,4 mm², 0,0 \pm 0,0 mm², 0,0 \pm 0,0 mm² (clon2); disminución de parásitos por lesión de 322.177 \pm 98.220 a 12.209 \pm 7.891 (clon1), y 291.010 \pm 90.752 a 0,00 \pm 0,0 (clon2); evolución de lesiones nodulares-ulceradas con intenso infiltrado inflamatorio y amastigotes, a pequeñas o a cicatriz con ligero infiltrado inflamatorio con parásitos o sin ella; cura estética al día 25 (clon 2); presencia de mastocitos al día 25 y 85; alteraciones ultraestructurales en parásitos y células (vacuolas); y valores de IL-4 de 34,3-46,9, 15,5-11,4, 0,9-5,5, y 0,4-6,7 pg/mg proteína.

Conclusiones: El efecto antileishmania de la MTF se relacionó con disminución de IL-4 y carga parasitaria, sin afectación de las células del huésped. La cura estética no siempre coincidió con un perfil histopatológico normal estéril. Es necesario determinar la efectividad del tratamiento tópico con MTF en humanos.

Palabras clave: miltefosina, tratamientos tópicos, leishmaniasis cutánea, perfil histopatológico, microscopía electrónica, citocinas

T168 - *Borrelia* spp. ¿patógenos olvidados o emergentes?: una aproximación desde su asociación con mamíferos silvestres en Caldas, Colombia

Lorys Y. Mancilla-Agrono¹, Lizeth F. Banguero-Micolta¹, Paula A. Ossa-López¹, Héctor E. Ramírez-Chaves^{1,2}, Fredy A. Rivera-Páez¹.

¹ Grupo de Investigación en Genética, Biodiversidad y Manejo de Ecosistemas (GEBIOME), Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

² Centro de Museos, Museo de Historia Natural, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

Antecedentes: El género *Borrelia* reúne tres grupos filogenéticos en los que se resaltan el grupo de la borreliosis de Lyme y el grupo de las fiebres recurrentes. El grupo de la borreliosis de Lyme, causada por *Borrelia burgdorferi* s.l., se distribuye en el hemisferio norte, y el grupo de las fiebres recurrentes, enfermedades desatendidas y emergentes, afecta a países templados y tropicales. En algunos departamentos de Colombia, existen registros de la presencia de *Borrelia* spp. en humanos, así como en murciélagos en la cueva Macaregua (departamento de Santander). Sin embargo, poco se sabe sobre el impacto y la circulación de *Borrelia* spp. en el país, principalmente en la fauna silvestre.

Objetivos: Determinar las especies de *Borrelia* presentes en mamíferos silvestres, así como las asociaciones con sus huéspedes en el departamento de Caldas, Colombia.

Materiales y métodos: Para la detección morfológica, se realizaron frotis sanguíneo e improntas de órganos, y se complementó con análisis moleculares utilizando una PCR anidada del gen de la flagelina B (*flaB*).

Resultados: Se analizaron 107 individuos (Chiroptera, Rodentia, Didelphimorphia), de los cuales 23 dieron positivo para *Borrelia* spp. con porcentajes de identidad entre 94,52 y 100 % con borrelias del grupo de las fiebres recurrentes y el grupo de la borreliosis de Lyme. Mediante microscopía, se detectaron espiroquetas en la imprenta del hígado de un murciélago.

Conclusiones: Los resultados constituyen la primera evidencia molecular de la presencia de *Borrelia* spp. en el departamento de Caldas, así como el primer reporte de *Borrelia* spp. en órganos de mamíferos silvestres en Colombia y el tercer reporte de la infección en la fauna silvestre del país.

Palabras clave: Borreliaceae, enfermedades infecciosas, huésped, mamíferos silvestres, salud pública

T171 - First report of *Rickettsia africae* rickettsiosis, African tick-bite fever, in a Colombian traveler

Carlos Ramiro Silva-Ramos¹, Edgar Augusto Bernal-García², María Camila Gómez-Contreras³, Juliana Gil¹, Marylin Hidalgo¹, Álvaro A. Faccini-Martínez⁴

¹ Grupo de Enfermedades Infecciosas, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia

² Servicio de Infectología, Clínica FOSCAL, Bucaramanga, Colombia; Programa de posgrado, especialización en Medicina Interna, Universidad Autónoma de Bucaramanga (UNAB), Bucaramanga, Colombia

³ Programa de posgrado, especialización en Medicina Interna, Universidad Autónoma de Bucaramanga (UNAB), Bucaramanga, Colombia

⁴ Research Institute, Fundación Universitaria de Ciencias de la Salud - FUCS, Bogotá D.C., Colombia; Servicios y Asesorías en Infectología - SAI, Bogotá, D.C., Colombia

Background: African tick-bite fever, caused by *Rickettsia africae*, is the main tick-borne rickettsiosis and the second most frequent cause of fever after malaria in travelers returning from sub-Saharan Africa. In Latin America, imported cases of African tick-bite fever have only been confirmed in Brazilian and Argentinian travelers.

Objective: To report a case of African tick-bite fever in a Colombian traveler.

Materials and methods: On June 2, 2022, a 63-year-old Colombian man was admitted to the emergency department of the Clínica FOSCAL, Bucaramanga, Colombia, presenting a twelve-days history of fever, myalgia, generalized maculopapular rash and some crusted lesions. He had returned 14 days earlier from a 1-week trip to South Africa, where he participated in a safari tour in the Kruger National Park.

The physical examination revealed a man without fever, maculopapular rash on the trunk and extremities with involvement of palms and soles, and three eschars surrounded by an erythematous halo on his right gluteal region, right calf region, and dorsum of the right foot, as well as painful cervical and right inguinal lymphadenopathies.

Blood analysis showed mild lymphopenia and elevated transaminases, C-reactive protein and erythrocyte sedimentation rate. A presumptive diagnosis of rickettsiosis was made and doxycycline was administered for seven days. DNA was extracted from the scab of the gluteal eschar and a swab specimen of the unroofed eschar, and tested for the presence of *Rickettsia* spp. using PCR assays for 17-kDa, *gltA* and *ompB* genes.

Results: After 72 hours of doxycycline treatment, the patient had complete resolution of symptoms. Fragments of the three rickettsial genes were amplified from the scab and swab samples. Partial rickettsial genes sequences were 100% identical to the corresponding sequences of *R. africae* deposited in the GenBank database.

Conclusions: We report the first imported case of *R. africae* rickettsiosis in a Colombian traveler, confirmed by molecular testing.

Keywords: *Rickettsia africae*, African tick-bite fever, travel medicine, rickettsiosis, Colombia

T172 - Reporte de caso de espondilodiscitis por *Mycobacterium abscessus* complex

Beatriz Elena Porras-Pedroza¹, Gustavo Adolfo Brasileiro Passos¹, Amanda Fonseca Cruz¹, Fernanda Rodriguez De Oliveira Freitas¹, Thais de Medeiros Batista¹, Barbara Hasselmann Fernandes de Oliveira¹, Crivia Franca do Rosario¹, Rina Etzael Carrillo Pérez¹, Dominique Thielmann², Giovanna Ferraiouli Barbosa²

¹ Programa de residencia y especialización en Infectología, Hospital Universitário Pedro Ernesto, Universidade do Estado do Rio de Janeiro

² Departamento de Enfermedades Infecciosas y Parasitarias, Hospital Universitário Pedro Ernesto, Universidade do Estado do Rio de Janeiro

Antecedentes: Las infecciones por *Mycobacterium abscessus* complex son principalmente de las vías respiratorias inferiores. Las espondilodiscitis por micobacterias no tuberculosas son poco frecuentes. El tratamiento de infecciones producidas por *M. abscessus* complex es prolongado y no siempre exitoso.

Materiales y métodos: Reporte de caso basado en la revisión de la historia clínica de la paciente y acompañamiento médico.

Resultados: Se trata de una paciente de sexo femenino, de 74 años, con antecedentes de diabetes mellitus de tipo 2 y EPOC. Refería un dolor lumbosacro de tres años de evolución, sin mejoría con analgesia. Desde tres meses atrás, presentaba una lesión con secreción purulenta ocasional en el glúteo izquierdo. La paciente se automedicaba crónicamente con analgésicos aplicados en la región glútea. Consultó a un médico que realizó cultivo de la secreción, el cual fue negativo, y recibió tratamiento antibiótico sin mejoría. Una resonancia magnética mostró una lesión que comprometía los discos intervertebrales L2 y L3 indicativa de espondilodiscitis. Fue hospitalizada por persistencia de la sintomatología.

Mediante abordaje por neurocirugía, se recolectaron muestras de secreción y hueso. Se solicitaron cultivos para microorganismos comunes, hongos y micobacterias, y los dos primeros fueron negativos. Recibió múltiples antibióticos sin mejoría. En el cultivo de cuerpo vertebral, se reportó *M. abscessus*. Se inició tratamiento con amikacina, linezolid y meropenem, y descolonada con antibiograma para tratamiento ambulatorio con amikacina y claritromicina. La paciente fue controlada por consulta externa, con mejoría clínica.

Conclusiones: Se describe un caso de espondilodiscitis por *M. abscessus*, de relevancia clínica por lo poco frecuente y por tratarse de una micobacteria que requiere tratamiento prolongado y manejo multidisciplinario. Se destacan un buen laboratorio de microbiología y de micobacterias, así como el abordaje quirúrgico oportuno.

Palabras clave: espondilodiscitis, *Mycobacterium abscessus* complex, diagnóstico, tratamiento

T173 - Neuropatía periférica tras mordedura por *Scolopendra* spp.: reporte de caso

Carlos Pacheco¹, José Antonio Suárez², Marilianna Márquez³, Julyvick Pino Gil¹

¹ Unidad de Medicina Interna e Infectología, Policlínica Barquisimeto, Venezuela

² Investigador SNI Senacyt Panamá, Clinical Research Department, Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud, Panama City, Panama

³ Decanato de Ciencias de la Salud, Universidad Centroccidental Lisandro Alvarado, Venezuela

Antecedentes: *Scolopendra gigantea* ha sido responsable de la mayor parte de los escolopendrismos en Venezuela. La toxina causa un espectro de lesiones locales, transitorias y rara vez sistémicas.

Objetivo: Reportar un caso de afectación neurológica posterior a la mordedura en la región occipito-parietal por *Scolopendra* spp.

Materiales y métodos: Se trata de una paciente de sexo femenino de 32 años de edad, valorada por presentar mordedura de escolopendra en la región occipito-parietal izquierda. El espécimen fue recolectado en la localidad de procedencia.

Resultados: Tras la mordedura, se presentaron dolor intenso local y malestar general, atenuados con corticoides intravenosos y orales. Después de 24 horas, apareció debilidad progresiva en los miembros inferiores, sin alteración de la fuerza muscular proximal o distal. No hubo signos meníngeos, el test de Romberg fue negativo, no habíadisimetría clara y estaba limitada por temblor en miembros superiores. No hubo disdiadococinesias. En la exploración física, presentaba fiebre (38,4 °C), dolor a la presión digital en la región parietooccipital izquierda, sin evidencia de lesión visible. Se encontró neutrofilia (82 %). Las pupilas eran isocóricas normorreactivas a la luz; además, se encontró paraparesia bilateral 4/5 en los miembros inferiores, signo de Babinsky indiferente y temblor fino distal en el miembro superior derecho, sin alteración de la fuerza muscular. Valoración cardiológica y neurológica (electromiograma, resonancia magnética y electroencefalograma) no mostró alteraciones. Se hizo diagnóstico de neuropatía periférica por escolopendrismo.

Conclusiones: Se han descrito casos asociados con complicaciones neurológicas serias y prolongadas, como la encefalomielitis aguda. Sin embargo, la neuropatía periférica no se ha reportado en la literatura. Resulta imperativo investigar otro espectro de alteraciones orgánicas causadas por la toxicidad del veneno del agente, haciendo énfasis en la aparición de secuelas más graves.

Palabras clave: escolopendrismo, neuropatía, neurotoxina, centípedos

T174 - Reporte de caso de mucormicosis pulmonar por *Rhizopus* spp.

Beatriz Elena Porras-Pedroza¹, João Alberto de Sá Soares Bittencourt², Dirce Bom Fin de Lima²

¹ Posgrado Infectología, Hospital Universitário Pedro Ernesto, Universidade do Estado do Rio de Janeiro

² Departamento de Enfermedades Infecciosas y Parasitarias, Hospital Universitário Pedro Ernesto, Universidade do Estado do Rio de Janeiro

Antecedentes: La mucormicosis es una enfermedad infecciosa oportunista rara, producida por hongos del orden mucorales y tiene una incidencia de 1,7 casos por millón de individuos. Se describe el caso por lo poco frecuente y por ser un desafío para el médico tratante. Las presentaciones clínicas varían y las más comunes son la rinoorbitaria, la pulmonar, la cutánea y la gastrointestinal.

Materiales y métodos: Se revisaron la historia clínica del paciente, los exámenes de laboratorio y las imágenes diagnósticas.

Resultados: Se trata de un paciente de 40 años con diagnóstico de VIH+, en tratamiento con HAART. Siete meses antes se le diagnosticó un linfoma plasmablastico. En el nadir de la quimioterapia, presentó cetoacidosis diabética, fiebre, disnea. Se documentó neutropenia febril. En la radiografía de tórax, se observó consolidación basal izquierda, por lo cual se consideró que presentaba una neumonía bacteriana, y se trató con cefepime y claritromicina; al no haber mejoría clínica, se inició meropenem. Persistía la fiebre; los hemocultivos y el estudio para BAAR en esputo fueron negativos. La TC de cráneo y de senos paranasales fueron normales. Evolucionó con empeoramiento radiológico y se hizo un lavado broncoalveolar, cuyo cultivo reportó *Rhizopus* spp. Se inició anfotericina B, complejo lipídico. Después de 36 días de tratamiento, al haber desmejoría radiológica, con compromiso de los bronquios superior e inferior izquierdos, por lo cual se decidió un abordaje quirúrgico. Se practicó una lobectomía izquierda y presentó mejoría clínica. Se obtuvo curación después de completar los ciclos de quimioterapia. La supervivencia actual es de 4,5 años, y se encuentra en controles con hematología, endocrinología e infectología.

Conclusiones: Este caso recuerda que el diagnóstico de la mucormicosis no es fácil y que el tratamiento antifúngico en conjunto con el tratamiento quirúrgico es necesario para la supervivencia de estos pacientes, en concordancia con lo descrito en la literatura.

Palabras clave: mucormicosis pulmonar, *Rhizopus* spp., cetoacidosis diabética, neutropenia febril

T175 - *Candida auris*, un colonizante emergente: una experiencia práctica en el control de infecciones

Maireth Paola Gómez Negrete, Mayra Raciny Alemán, Keila Avilez Mendoza
Universidad de Córdoba, Colombia

Antecedentes: *Candida auris* es una levadura emergente y multirresistente, relacionada con infecciones asociadas con la atención en salud y una gran mortalidad. Puede transmitirse en los entornos de atención médica y causar brotes; coloniza a los pacientes por muchos meses y resiste los desinfectantes comúnmente usados en las instituciones hospitalarias. La colonización se ha detectado en múltiples sitios del cuerpo, como fosas nasales, ingles, axilas y recto. La detección temprana, el aislamiento de los pacientes, la higiene de manos, la limpieza y la desinfección de superficies, entre otras acciones de control de infecciones, pueden limitar la propagación y prevenir brotes epidemiológicos.

Materiales y métodos: Durante la estancia de un paciente infectado por *C. auris* en una unidad de cuidados intensivos de adultos de una institución de salud en la ciudad de Montería, para realizar el rastreo de asintomáticos, se recolectaron 40 muestras de hisopado de las axilas y de la región inguinal de 20 pacientes hospitalizados en esa unidad. Los aislamientos fueron identificados en el sistema VITEK 2 Compact.

Resultados: Se encontró que el 60 % (IC_{95%} 38,5-81,4) de los pacientes estaba colonizado con *Candida* spp., y que se colonizaron con *C. auris* el 26,1 % (IC_{95%} 6,8-45,3). La levadura fue aislada en el 80 % (IC_{95%} 67,6-92,3) de los hisopados de las axilas. Ninguno de los pacientes desarrolló una infección por *C. auris*.

Conclusiones: Un paciente infectado con *C. auris* contribuye a la colonización de otros pacientes hospitalizados. La búsqueda activa de pacientes colonizados y el control de infecciones, previenen la presentación de brotes.

Palabras claves: *Candida auris*, colonizante, emergente, control de infecciones

T176 - Caracterización del espectro clínico-inmunológico de la infección humana por *Leishmania (Leishmania) infantum chagasi* en Honduras

Wilfredo Sosa-Ochoa^{1,2}, Concepción Zúniga³, Gabriela Venicia Araújo Flores¹, Carmen María Sandoval¹, Thaise Tomokane¹, Carlos Eduardo Pereira Corbett¹, Fernando Tobias Silveira^{4,5}, Marcia Dalastra Laurenti¹

¹ Laboratorio de Patología de Enfermedades Infecciosas, Facultad de Medicina, Universidad de São Paulo, São Paulo, SP, Brasil

² Instituto de Investigaciones en Microbiología, Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Tegucigalpa, Honduras

³ Departamento de Vigilancia de la Salud, Hospital Escuela, Tegucigalpa, Honduras

⁴ Fernando Tobias Silveira, Departamento de Parasitología, Instituto Evandro Chagas, Belém, PA, Brasil

⁵ Instituto de Medicina Tropical, Universidad Federal de Pará, Belém, PA, Brasil

Antecedentes: La falta de reportes sobre la patogenia y el aumento de casos de leishmaniasis cutánea no ulcerada en la región, nos motivó a evaluar la dinámica de la evolución clínico-inmunológica de la infección humana por *Leishmania (L.) infantum chagasi* en Honduras.

Métodos: Una cohorte de 576 individuos se acompañó durante un período de dos años, mediante evaluaciones clínicas, parasitológicas e inmunológicas.

Resultados: En la prevalencia, se observó un 82 % de infección asintomática y un 18% de sintomática caracterizada por leishmaniasis cutánea no ulcerada; no se observaron casos de leishmaniasis visceral. En todos los casos de leishmaniasis cutánea no ulcerada, se hizo el diagnóstico parasitológico y se identificó *L. (L.) infantum chagasi*.

Se caracterizaron cuatro perfiles clínicos inmunológicos en el polo de los sintomáticos (infección sintomática: precoz, indeterminada, resistente o final) y, tres perfiles, entre los asintomáticos (infección asintomática: indeterminada, resistente o final). Ningún caso de infección asintomática final desarrolló lesiones cutáneas sugestivas de leishmaniasis cutánea no ulcerada.

En cuanto a forma sintomática (leishmaniasis cutánea no ulcerada), la infección sintomática final fue el perfil más frecuentemente (30,8 %) observado en la prevalencia. Del perfil infección sintomática precoz, caracterizado por lesión cutánea con diagnóstico parasitológico positivo, pero con pruebas inmunológicas negativas, el 95 % se convirtieron al perfil de infección sintomática final, infección sintomática resistente y infección sintomática indeterminada, respectivamente. No se detectó ningún caso de leishmaniasis visceral durante los dos años de acompañamiento.

Conclusión: Estos hallazgos, además de contribuir al conocimiento de la patogenia de la infección por *L. (L.) infantum chagasi* en Centroamérica, pueden contribuir a la implementación de políticas públicas en la región.

Palabras clave: leishmaniasis cutánea no ulcerada, *Leishmania (L.) infantum chagasi*, respuesta inmune celular

T177 - *Plasmodium vivax* and SARS-CoV-2 co-infection in Venezuela: A case series from the malaria hotspot in Latin America

David A. Forero-Peña¹, Fhabían S. Carrión-Nessi¹, Óscar D. Omaña-Ávila¹, Daniela L. Mendoza-Millán¹, Iván A. Escalante-Pérez¹, Sinibaldo R. Romero Arocha¹, Melynar Chavero¹, Luisamy Figuera¹, Andrea L. Maricuto¹, Natasha A. Camejo-Ávila¹, Diana C. Freitas-De Nobrega¹, Rosa Contreras², Jaime Torres², Óscar O. Noya-González²

¹ Instituto de Investigación Biomédica y Vacunas Terapéuticas, Ciudad Bolívar, Venezuela

² Instituto de Medicina Tropical "Dr. Félix Pifano", Universidad Central de Venezuela, Caracas, Venezuela

Background: Malaria-endemic areas are not spared from the impact of coronavirus disease 2019 (COVID-19), leading to co-infection scenarios where overlapping symptoms pose serious diagnostic challenges. Current knowledge on *Plasmodium* spp. and severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) co-infection remains limited, especially in Latin America.

Objective: Clinically and epidemiologically characterize patients with *P. vivax* and SARS-CoV-2 co-infection in Venezuela.

Materials and methods: We present here a case series of 12 patients with *P. vivax* and SARS-CoV-2 co-infection seen at two main malaria referral centres of the Capital District and Bolívar state, Venezuela between March 13, 2020 and December 31, 2021.

Results: Nine out of 12 patients had moderate to severe COVID-19 disease, and three patients had mild COVID-19 disease. Fever (12/12), chills (11/12), dry cough (9/12), headache (7/12), and diaphoresis (6/12) were the most frequent symptoms reported. Elevated AST/ALT levels, thrombocytopenia, severe anaemia, and thrombocytosis were the most relevant laboratory abnormalities documented. Mean time span between symptom onset and a positive test for SARS-CoV-2 infection based on RT-PCR or a positive microscopy for *Plasmodium* spp. was 6.3 (SD 3.4; range: 3-15) days and 3.3 (SD 3.4; range: 1-13) days, respectively. Nine patients had previous *P. vivax* malaria episodes (range: 1-11), three of whom within the past six months (possible relapse cases).

Conclusions: In malaria-endemic regions, suspected COVID-19 patients should also be monitored for malaria diagnosis without delays due to overlapping symptoms. *P. vivax* and SARS-CoV-2 co-infection could increase the severity of the disease rapidly.

Keywords: Malaria, *Plasmodium vivax*, COVID-19, SARS-CoV-2, Venezuela

T181 - Caracterización semiológica de perros con leishmaniosis y ehrlichiosis provenientes del municipio de Girardot, Cundinamarca

Fernando Borda-Rojas, Andrea del Pilar Abreo-Medina, Valeria Díaz Gutiérrez, Angie Tatiana Murillo-Casas, Luisa Matiz, Mayra Alejandra Guete, Luz Ángela Vega, Gabriel Tafur-Gómez
Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales - U.D.C.A., Bogotá, D. C., Colombia

Antecedentes: Los perros localizados en zonas tropicales y subtropicales coexisten con vectores de agentes que afectan la salud animal y pública. Entre estos, están los involucrados en la ehrlichiosis monocítica canina y la leishmaniosis canina, con gran riesgo de transmisión zoonótica. Los signos clínicos de estas enfermedades son inespecíficos, lo cual dificulta la intervención médico-veterinaria.

Objetivos: Caracterizar los signos clínicos de perros con ehrlichiosis monocítica canina, leishmaniosis canina o ambas.

Métodos: Se obtuvieron muestras de suero que se procesaron por ELISA indirecta fundamentada en antígenos de subunidades.

Resultados: Se identificó una seropositividad de 71 % (54/76) para ehrlichiosis monocítica canina, de 51,3 % (39/76) para leishmaniosis canina, y de 37 % (28/76) para la infección mixta y simultánea de las dos. De los animales con ehrlichiosis monocítica canina, el 3 % (2/54) eran asintomáticos y el 96 % (52/54) eran sintomáticos. Así, el 37 % (19/52) fueron oligosintomáticos, mientras que, el 63 % (33/52), polisintomáticos. De los animales con leishmaniosis canina, el 3 % (1/39) fueron asintomáticos y el 97 % (38/39) fueron sintomáticos. Entre los coinfectados, el 43 % (12/28) eran oligosintomáticos y el 57 % (16/28) polisintomáticos. Los signos más frecuentes fueron: mala condición corporal (81,5 %), ganglios linfáticos reactivos (75 %), onicogriosis (64,4 %), mucosas pálidas (51,3 %), costras (43,4 %), úlceras (52,6 %), descamación (36,8 %), eritema (27,6 %) y organomegalia (19,7 %); además, el 31,5 % presentaba garrapatas. Se observó una estrecha relación entre la presentación clínica y el diagnóstico.

Conclusiones: Los animales de estudio presentaron ehrlichiosis monocítica canina y leishmaniosis canina con manifestaciones clínicas graves y podrían desempeñar un papel activo en la transmisión de los agentes patógenos, lo que los convertiría en reservorios importantes desde el punto de vista de la salud pública.

Palabras clave: zoonosis, leishmaniosis, Ehrlichiosis, *Leishmania*, caninos, reservorios

T182 - Clinical and epidemiological aspects of piroplasmosis and trypanosomiasis in horses from the northeastern area of Colombia

Jeiczon Jaimes-Dueñez, Ángela Jiménez-Leaño, Samuel Enrique-Niño, Lina Romero-Vera, Norberto Arias-Landazábal, Miguel Bedoya-Ríos, David Rangel-Pachón

Universidad Cooperativa de Colombia, Grupo de Investigación en Ciencias Animales (GRICA), seccional Bucaramanga

Background: Piroplasmosis and tripanosomiasis are debilitating diseases of great economic impact on the equine industry of Latin America.

Aim: Considering the lack of studies of the northeastern part of Colombia, this study aims to determine the clinical and epidemiological features associated with infection of the *Babesia*, *Theileria*, and *Trypanosoma* genera in horses from this geographical area.

Methods: A total of 280 horses from Arauca, Meta, and Santander departments were molecularly analyzed to detect infection by *Babesia caballi*, *Theileria equi*, *Trypanosoma evansi*, and *T. vivax*. Furthermore, clinical and epidemiological analyses were carried out on the data sets.

Results: Molecular analysis showed a prevalence of 25.7% and 3.9% for *T. equi* and *T. evansi*, respectively, without positive animals for *B. caballi* and *T. vivax*. Higher prevalences of *T. equi* were detected in Santander and Meta, whereas *T. evansi* was detected exclusively in Santander. Clinical analyses showed significant alterations in PCV, red blood cells, mean corpuscular volume, and body condition in positive animals, while epidemiological analyses showed a significant association of tick infestation and lack of insect control with the infection by *T. equi* and *T. evansi*, respectively.

Conclusions: Our analysis shows a considerable infection rate by *T. equi* in horses from northeastern Colombia, which affects the clinical and body condition of these animals. Control of ticks and treatment of sintomatic animals should be considered to reduce the economic impact of this industry.

Keywords: Hemotropics, ticks, vectors, infection, mammals

T183 - Evaluación de métodos de diagnóstico serológico y molecular en perros naturalmente expuestos a *Ehrlichia canis* en el centro de Colombia

José de los Ángeles Vallejo Forero, Víctor Manuel Tibatá Rodríguez, Fernando Borda, Luz Ángela Vega Morales, Marcos Piñeros, Gabriel Andrés Tafur Gómez

Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales, U.D.C.A, Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes: *Ehrlichia canis* es el agente causal de la ehrlichiosis monocítica canina, transmitida por las garrapatas *Rhipicephalus sanguineus* s.l. El diagnóstico depende de la variación genética y antigénica de la bacteria, y de la fase de la enfermedad.

Objetivo: Evaluar distintos métodos de diagnóstico serológico y molecular para identificar perros infectados con *E. canis*.

Materiales y métodos: Se seleccionaron 248 perros de 10 zonas del centro del país. Se tomaron muestras de sangre de la vena cefálica. Como antígenos para ELISA indirecta, se emplearon péptidos sintéticos derivados de la proteína TRP-36. El ADN se extrajo de sangre y plasma para realizar las PCR en tiempo real, empleando *primers*, 16S rRNA, DSB y TRP-36.

Resultados: Ciento cincuenta y dos perros fueron positivos por ELISA indirecta; 114 por PCR en tiempo real, 16S rRNA; 49 por DSB por 28 TRP-36; 103 eran sintomáticos y 145 asintomáticos; 28 fueron polisintomáticos y 220 oligosintomáticos. Los signos más representativos fueron: mucosas pálidas (21,37 %), ganglios aumentados de tamaño (16,93 %), queratoconjuntivitis (14,51 %), depresión (12,5 %), secreción ocular (9,27 %), pérdida de peso (8,06 %), debilidad (6,85 %), petequias (6,45 %), arritmia cardíaca (4,43 %), anorexia (4,03 %), fiebre (4,03 %), equimosis (1,20 %), hematuria (1,20 %) y presencia de garrapatas (50,4 %) (n=125). Hubo una buena concordancia, calculada por medio del índice kappa, entre las diferentes pruebas PCR en tiempo real; con ELISA indirecta, no hubo concordancia. En el análisis de los factores de riesgo en ELISA indirecta, no hubo correlación con sintomáticos y asintomáticos; no diferencia animales sanos de enfermos.

Conclusiones: Empleando ELISA indirecta en fase inicial, tamizaje y confirmación mediante las PCR (DSB y TRP-36) son efectivas en el diagnóstico de *E. canis*.

Palabras clave: *Ehrlichia canis*, ELISA, PCR, TRP-36, DSB

T184 - El potencial de un modelo aviar para el estudio de parásitos sanguíneos Haemosporidas

Nubia E. Matta¹, Axl S. Cepeda²

¹ Facultad de Ciencias, Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia

² Temple University, Institute for Genomics and Evolutionary Medicine, Philadelphia

Antecedentes: La paloma común (*Columba livia*) es un excelente modelo para el estudio de parásitos Apicomplexa. Esta especie de ave es invasora en Colombia, en algunos lugares se considerada como peste y está comúnmente infectada con *Haemoproteus columbae*. Recientemente, caracterizamos el ciclo de dicho parásito Apicomplexa, filogenéticamente relacionado con *Plasmodium* spp. causantes de malaria, no sólo en humanos, sino también en chimpancés, gorilas, aves y reptiles.

Materiales y métodos: Para establecer el modelo experimental, se estandarizó el crecimiento del vector del parásito, la mosca *Hipoboscida* en condiciones de cautiverio. Se utilizaron dos poblaciones de palomas: una de ellas naturalmente infectada, capturada en Bogotá (utilizadas para el aislamiento y mantenimiento de la colonia de insectos vectores), y otras palomas libres de parásitos compradas a criadores especializados (para realizar el seguimiento posterior a la infección natural).

Resultados: Se consiguió estandarizar las condiciones de crecimiento desde el aislamiento de pupas de hipoboscidas hasta obtener adultos. Las moscas vírgenes recién emergidas fueron infectadas naturalmente al alimentarse sobre palomas infectadas con *H. columbae*. Una vez infectadas, se siguió el ciclo en el insecto vector y, también, se usaron para infectar palomas libres del parásito. Se hizo el seguimiento de la infección analizando la parasitemia y, posteriormente, el impacto sobre los tejidos mediante análisis histopatológico.

Conclusiones: Establecer modelos alternativos a los de mamíferos, fácilmente mantenidos en condiciones de cautiverio, que facilitan los estudios controlados de infección por hemoparásitos apicomplexa y pueden abrir una puerta a pruebas de candidatos a vacunas, seguimiento de anticuerpos, detección de reacción cruzada entre parásitos filogenéticamente cercanos y blancos terapéuticos, entre otras investigaciones.

Palabras clave: *Plasmodium*, *Haemosporida*, Apicomplexa, infección

T185 - Estandarización de un método de PCR cuantitativa para la identificación de hemoparásitos

John Erick Álvarez¹, Edison Lea-Ch², María Teresa Mojica-Ortiz¹

¹ Grupo de Investigación en Medicina Tropical – CIMET, Universidad del Magdalena

² Centro de Genética y Biología Molecular, Universidad del Magdalena

Antecedentes: Los hemoparásitos representan un problema principalmente en animales domésticos, debido a las múltiples afecciones que generan en las células sanguíneas, los órganos, el sistema nervioso y otras manifestaciones clínicas que hacen difícil el correcto diagnóstico de estas enfermedades. Son causadas por diferentes agentes etiológicos transmitidos por garrapatas, destacándose *Anaplasma* sp., *Ehrlichia* sp., *Hepatozoon* sp. y *Babesia* sp.

Objetivo: Desarrollar un método rápido y específico para su detección, en este caso, la estandarización de una qPCR es una alternativa como método diagnóstico por su gran sensibilidad y especificidad.

Materiales y métodos: Se usaron muestras provenientes de dos clínicas veterinarias de Santa Marta, se utilizaron cebadores para cada hemoparásito donde su T_m estuviese en el mismo rango, y se confirmaron mediante PCR para su uso en la estandarización. En la amplificación de la qPCR, se hicieron variaciones en cuanto a volúmenes de Taq polimerasa, cebadores y sondas, temperaturas y número de ciclos.

Resultados: La estandarización se dividió en dos: *Anaplasma* sp. y *Ehrlichia* sp. con sondas por separado, y *Babesia* sp. y *Hepatozoon* sp. con sonda en el primer F. Los volúmenes finales para el primero fueron 10 µl de Taq polimerasa, 2 µl de *primer* F y R, 1 µl de sonda y 5 µl de ADN, y para el segundo, 10 µl de Taq polimerasa, 2 µl de *primer* R, 1,5 µl de *primer* F-sonda, 1,5 µl de agua doblemente destilada y 5 µl de ADN.

Conclusiones: La qPCR permite discernir entre los múltiples hemoparásitos, identificar el parásito que afecta al animal y darle el tratamiento oportuno, evitando la propagación de las infecciones en la población de animales domésticos.

Palabras clave: hemoparásitos, qPCR, zoonosis, animales domésticos

T186 - Detección molecular de bacterias de la familia Anaplasmataceae en garrapatas de tres regiones de Colombia

Leidy Y. Acevedo-Gutiérrez^{1,2}, Diana Fernández², Natalia Robayo-Sánchez³, Wilber Gómez⁴, Sebastián Muñoz-Leal⁵, Francisco Borges Costa⁶, Álvaro A. Faccini-Martínez², Jesús A. Cortés-Vecino³, Esteban Arroyave², Patricia V. Aguilar^{2,7,8}, Alejandro Ramírez-Hernández⁹

¹ Grupo de investigación Centauro, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Department of Pathology, University of Texas Medical Branch, Galveston, TX, USA

³ Grupo Parasitología Veterinaria, Departamento de Salud Animal, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Universidad CES, Medellín, Colombia

⁵ Departamento de Ciencia Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillan, Chile

⁶ Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Estadual do Maranhão, São Luis, MA, Brazil

⁷ Institute for Human Infection and Immunity, University of Texas Medical Branch, Galveston, TX, USA

⁸ Center for Tropical Diseases, University of Texas Medical Branch, Galveston, TX, USA

⁹ Universidad Cooperativa de Colombia, Bucaramanga, Colombia

Antecedentes: Los géneros *Anaplasma* y *Ehrlichia* están clasificados en la familia Anaplasmataceae y se caracterizan por contener especies transmitidas por garrapatas que pueden causar enfermedades. Estudios recientes sugieren que la diversidad de sus especies es más amplia de lo reportado previamente.

Objetivo: Explorar la diversidad de la familia Anaplasmataceae en garrapatas de las regiones Pacífica, Andina y Llanos Orientales de Colombia.

Materiales y métodos: Se recolectaron 998 ejemplares de garrapatas en Antioquia, Chocó, Cundinamarca, Santander y Arauca. Se realizó la clasificación taxonómica, extracción de ADN y tamizaje por PCR en tiempo real para el gen *23S ARNr*. Las muestras positivas se caracterizaron por PCR convencional usando los genes *rrs*, *GroEl*, *dsb*, *sod* y *TRP36*. Se realizaron análisis moleculares y filogenéticos usando Blastn y Mega 7.0.

Resultados: Se encontraron secuencias de *Ehrlichia* (n=10), *Anaplasma* (n=2), and *Wolbachia* (n=1) en garrapatas *Rhipicephalus sanguineus* s.l., *Amblyomma mixtum* y *Amblyomma patinoi* de los departamentos de Cundinamarca, Santander y Arauca. Se detectaron 7 secuencias de *Ehrlichia canis* de los genogrupos de USA, Brasil y Costa Rica, y una secuencia de *Anaplasma platys*. Las secuencias restantes son potencialmente nuevas especies de *Ehrlichia* sp. (n=3) y *Anaplasma* sp. (n=1).

Conclusiones: Se proporcionan datos de la detección y caracterización de potenciales nuevas especies de *Ehrlichia* y *Anaplasma*; además, se confirma que las garrapatas se pueden utilizar para conocer la diversidad de bacterias de la familia Anaplasmataceae. Se requieren estudios adicionales para revelar el papel que estas nuevas especies pueden desempeñar en la salud humana y animal.

Palabras clave: agentes transmitidos por garrapatas, Ixodidae, *Ehrlichia*, *Anaplasma*, infestación

T187 – Frecuencia de *Clostridium perfringens* en animales domésticos y de granja en el altiplano cundiboyacense colombiano

Anny Camargo Mancipe^{1,2}, Juan David Ramírez^{1,3}, Marina Muñoz Díaz¹

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

² Health Sciences Faculty, Universidad de Boyacá, Tunja, Colombia

³ Molecular and Cell-Based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA

Antecedentes: *Clostridium perfringens* es una bacteria anaerobia, productora de toxinas, que causa diversas enfermedades gastrointestinales y de tejidos en humanos y animales.

Materiales y métodos: Se realizó la detección molecular de *C. perfringens* por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) dirigida al gen codificante para la toxina alfa (*cpa*) y al gen de la subunidad ribosómica 16S (*ARNr-16S*) en 347 muestras de heces de animales aparentemente sanos (120 gatos, 50 perros, 50 cerdos, 50 ovejas, 50 bovinos y 27 cabras), recolectadas entre enero y abril de 2022 en el altiplano cundiboyacense.

Resultados: La frecuencia de infección de *C. perfringens* fue del 20,1 % (n=70/347). Se detectó *C. perfringens* en el 35 % (n=42/120) de los gatos, el 26 % (n=13/50) de los perros, el 14 % (n=7/50) de los cerdos, el 6 % (n=3/50) de bovinos, mientras que, en las heces de ovejas y cabras no superó el 5 % de infección.

Conclusiones: Los animales domésticos presentaron mayor frecuencia de infección que los animales de granja como los rumiantes. Estas diferencias podrían estar asociadas con los patrones de dieta ya que, en el caso de animales domésticos, son ricas en carbohidratos y proteínas, mientras que, en rumiantes, se caracterizan por ser bajas en carbohidratos; además, estos animales presentan una gran producción de tripsina debido a las diferencias en la estructura del tubo digestivo. Estos hallazgos indican un potencial riesgo de transmisión de *C. perfringens* a humanos por contacto con heces de animales domésticos infectados y resaltan la importancia de realizar mayores esfuerzos de muestreo en diferentes especies animales.

Palabras claves: *Clostridium perfringens*, enteritis necrosante, toxinas, intoxicación alimentaria

T188 - Descripción de especies de garrapatas del género *Amblyomma* en fauna silvestre de Ibagué, Tolima

Gisella Holguín Céspedes¹, Delio Orjuela Acosta², Larry Romero Montealegre³, Edgar Díaz Rivera⁴

¹ Grupo de Investigación en Veterinaria (GINVER), Semillero de Investigación en Diagnóstico Veterinario, Facultad de Medicina Veterinaria, Corporación Universitaria Remington

² Grupo de Investigación en Veterinaria (GINVER), Facultad de Medicina Veterinaria, Corporación Universitaria Remington

³ Estudiante, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad del Tolima

⁴ Laboratorio de Parasitología Veterinaria, Grupo de Investigación en Enfermedades Neurodegenerativas, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad del Tolima

Antecedentes: A nivel mundial, se han reportado más de cien especies de garrapatas del género *Amblyomma*, mientras que en Colombia se han podido identificar, por lo menos, once especies de este género en animales domésticos y silvestres. Estos ectoparásitos hematófagos se consideran de importancia para la sanidad animal, ya que son uno de los principales transmisores de diferentes agentes patógenos, principalmente hemoparásitos.

Objetivos: Identificar las garrapatas del género *Amblyomma* recolectadas en fauna silvestre del área periurbana de Ibagué, Tolima.

Métodos: Las garrapatas presentes en las especies de *Iguana iguana*, *Coendou prehensilis*, *Boa constrictor* y *Tamandua mexicana*, fueron extraídas manualmente con pinzas sin garra y conservadas en etanol al 70 % para su posterior observación en el estereomicroscopio (Leica EZ4 HD 2013). Para la identificación, se emplearon las características de las especies de *Amblyomma* del hemisferio occidental y venezolanas.

Resultados: Se identificaron las especies: *Amblyomma longirostre*, la cual parasitaba a la especie *C. prehensilis*; *Amblyomma dissimile*, que se encontró en las especies *B. constrictor*, *I. iguana* y *C. prehensilis*, y la especie *Amblyomma nodosum*, que fue extraída de las especies *I. iguana* y *T. mexicana*.

Conclusiones: Estos resultados muestran la gran plasticidad del género *Amblyomma* para parasitar fauna silvestre, permitiendo conocer tanto su distribución como las especies animales que las parasitan con mayor frecuencia. Estos hallazgos concuerdan con lo reportado en otras regiones del país, y generan información relevante que permitirá comprender sus posibles implicaciones en la conservación.

Palabras clave: teleogina, ectoparásito, hematófago, metastríata

T191 - Efecto de las precipitaciones en la aparición de nuevos casos de toxoplasmosis ocular

Laura Boada-Robayo¹, Danna Lesley Cruz-Reyes², Carlos Cifuentes-González¹, William Rojas-Carabalí¹, Ángela Paola Vargas-Largo¹

¹ Grupo de Investigación en Neurociencias (NEUROS), Centro NeuroVitae, Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de Investigación Clínica, Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes: Se ha reportado relación entre las precipitaciones y la reactivación de la toxoplasmosis ocular y la congénita. El objetivo de este estudio es investigar si existe relación entre las precipitaciones y la aparición de nuevos casos de toxoplasmosis ocular en Colombia.

Métodos: Estudio retrospectivo de cohorte, observacional y analítico, en el que se utilizaron la base de datos del Sistema Integrado de Información de la Protección Social y los registros nacionales de precipitación del Instituto de Hidrología, Meteorología y Estudios Ambientales. Se incluyeron 1.741 nuevos casos de toxoplasmosis ocular registrados mediante el código CIE-10 (B580), entre 2015 y 2019. Se analizaron las exposiciones (precipitación media diaria) en el período en el que se produjeron los eventos (casos nuevos de toxoplasmosis ocular interpolados) mediante una regresión *cuasi poisson*, con un modelo de retraso de distribución no lineal.

Resultados: El número de casos nuevos de toxoplasmosis ocular fue significativamente diferente ($p < 0,01$) en todos los departamentos. La curva de exposición-reacción acumulada fue decreciente para la mayoría de los departamentos. Sin embargo, Chocó, Bogotá, Cesar, Cauca y Guajira tuvieron un patrón contrario al observado en el resto del país, lo cual muestra que las precipitaciones influyen el RR de toxoplasmosis ocular. En el análisis de correlación, se encontró que existe una relación entre el aumento en las precipitaciones y los casos nuevos de toxoplasmosis ocular en todo el país ($\beta = 0,03$; $p < 0,05$).

Conclusiones: Las precipitaciones influyen en el RR de los nuevos casos de toxoplasmosis ocular. Sin embargo, hay tendencias inconstantes entre departamentos, lo que lleva a hipotetizar que otras variables sociodemográficas, comportamentales y ambientales podrían influir en el RR.

Palabras clave: toxoplasmosis, ocular toxoplasmosis, *precipitations*, *rainfall*, *relative risk*

T192 - Evaluación del efecto de nanopartículas de plata como un método alternativo para la inactivación de *Cryptosporidium parvum* en muestras de agua

Jessica Triviño Valencia^{1,3}, Jorge Andrés Cuéllar¹, Óscar Moscoso Londoño², J. César Leandro Londoño Calderón², Johan Sebastián López Salguero^{1,2}, Melissa Rodríguez Rendón^{1,2}, Gloria Deicy Muñoz³, Fabiana María Lora³

¹ Grupo de Biología Molecular y Salud (BIMSA)

² Física y Matemáticas con Énfasis en la Formación de Ingenieros, Universidad Autónoma de Manizales, Manizales, Caldas

³ Grupo de Estudio en Parasitología Molecular (GEPAMOL), Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

Antecedentes: *Cryptosporidium* es un protozoario de gran impacto médico y veterinario. Se le vincula con un gran porcentaje de brotes de origen hídrico y su impacto ambiental se relaciona estrechamente con su supervivencia prolongada debido a la gran resistencia que presenta frente a los procesos de tratamiento de agua. En este estudio, se evalúan los impactos de las nanopartículas de plata frente a este agente causal. Las nanopartículas de plata han demostrado un gran potencial en el campo biomédico, en especial, como agente antimicrobiano. El uso de estos materiales abre la puerta a nuevos métodos de inactivación de microorganismos de importancia en salud pública.

Métodos: Los ooquistes de *Cryptosporidium* fueron expuestos a dos concentraciones de nanopartículas de plata (19,28, 16,08 mg/dl) por varios tiempos de contacto. Posteriormente, se evaluó el efecto de las nanopartículas de plata por microscopía de inmunofluorescencia y microscopía electrónica de barrido, para analizar la cantidad de células, cambios morfológicos y viabilidad del microorganismo.

Resultados: La concentración de nanopartículas de plata a 16,08 mg/dl durante un tiempo de contacto de una hora, redujo en el 88 % la cantidad de ooquistes. Además, se obtuvo una disminución notable de su viabilidad.

Conclusiones: Se evidenció una disminución significativa en el recuento de los ooquistes, y la concentración de nanopartículas de plata a 16,08 mg/dl durante un tiempo de contacto de 30 minutos fue capaz de reducir el número y afectar la estructura celular de *Cryptosporidium parvum*. Se demostró que, para disminuir la viabilidad del protozoo, el tiempo de contacto con las nanopartículas de plata debe ser igual o superior a 30 minutos.

Palabras clave: inactivación, parásitos, nanomateriales, *Cryptosporidium parvum*

T193 - Identificación y prevalencia de parásitos de interés en salud pública, en aguas de riego y hortalizas de la sabana occidental de Cundinamarca

Daniel Ospina¹, Carolina Ortiz², Martha Bustos³

¹Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia

²Laboratorio de Parasitología, Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia

³Departamento de Ingeniería Civil y Agrícola, Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de Colombia

Antecedentes: El déficit hídrico producto del crecimiento demográfico ha resultado en el uso de aguas residuales como alternativa para riego agrícola, caso que acontece en el antiguo distrito La Ramada. Sin el tratamiento adecuado del recurso, esto puede significar la exposición a parásitos patógenos en el ser humano. Se han confirmado helmintos y protozoarios en alimentos y aguas empleadas para riego.

Objetivo: Identificar y determinar la prevalencia de parásitos de interés en salud pública, en aguas de riego y hortalizas de la sabana occidental de Cundinamarca.

Materiales y métodos: Se recolectaron 96 muestras de agua para riego y 120 de hortalizas cultivadas en La Ramada. Para la detección de protozoarios en aguas, se utilizó centrifugación directa (método EPA-1693), extracción de ADN y qPCR. La identificación de parásitos en hortalizas se basó en la técnica de Matosinhos (2016), concentración formol-éter y microscopía de inmunofluorescencia.

Resultados: Se detectó *Giardia* spp. en 10,41 % de las muestras de aguas. La prueba de ji al cuadrado asoció la presencia de *Giardia* spp. con variables fisicoquímicas y microbiológicas ($p \leq 0,05$). En hortalizas, se evidenció que el 33,33 % de las muestras fueron positivas, al menos, con un huevo de helminto, siendo *Ascaris* el género predominante (27,5 % de prevalencia y promedio de 0,433 huevos por 30 g). El 23,33 % de las hortalizas fueron positivas con algún ooquiste de protozoario, siendo *Entamoeba* el género más representativo (15 % de prevalencia y promedio 0,45 quistes por 30 g).

Conclusiones: Se evidenciaron parásitos intestinales en hortalizas y en agua, asociados al vertimiento de aguas residuales en los canales de riego, y al sector pecuario presente en la zona.

Palabras clave: tratamiento de aguas residuales, protozoos y helmintos intestinales, aguas residuales, hortalizas, riego agrícola

T194 - Recurso hídrico en zonas rurales y el parasitismo intestinal, resultados preliminares

Luis Reinel Vásquez¹, María Alejandra Pastas Villamarí¹, Durley Yohanna Becerra Perenguez¹, Sergio Andrés Castañeda Garzón², Juan David Ramírez González^{2,3}

¹ Universidad del Cauca, Grupo CEMPA

² Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología de la UR (CIMBIUR), Facultad de Ciencias Naturales, Universidad del Rosario, Bogotá, D.E., Colombia

³ Molecular Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell-based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA

Antecedentes: Los parásitos intestinales son un problema de salud pública, frecuente en las regiones rurales y que afectan a la población infantil. Algunos de los factores que favorecen su presencia son: la densidad poblacional, y las deficientes condiciones sanitarias y de disponibilidad de agua potable, entre otras. El enfoque ecosalud permite el empoderamiento de la comunidad.

Objetivo: Determinar la prevalencia de parásitos intestinales en habitantes de zona rural de Popayán, abastecida de agua tratada con un sistema de filtración.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo transversal en la comunidad rural de las Huacas, Popayán, que abarcó 50 hogares compuestos por población infantil no mayor de 15 años, su cuidador y una mascota canina. Se recolectaron heces de los anteriores huéspedes y se utilizaron montaje directo, técnica de concentración y, además, técnicas moleculares. Se solicitó el consentimiento informado para realizar la encuesta. Para determinar la calidad del agua, se hicieron muestreos escalonados en el sector.

Resultados: Se estudiaron 120 muestras de heces de 47 hogares y se encontró *Blastocystis* sp., *Entamoeba coli* y *Endolimax nana* en personas y, en perros, *Giardia lamblia*. El análisis molecular está pendiente. La edad promedio de los cuidadores fue de 41 años, mientras que la de los niños fue de 6 años. Todos los hogares se surten de agua proveniente del acueducto veredal con un promedio a la salida de la filtración de 1.120 UFC/100 ml de coliformes totales y de 60 UFC/100 ml de *Escherichia coli* en su condición más crítica.

Conclusiones: Este estudio revela la importancia de actualizar la epidemiología de parásitos en las comunidades rurales, utilizando estrategias integrales como el enfoque ecosalud.

Palabras clave: parasitismo intestinal, gestión del recurso hídrico, saneamiento básico, calidad del agua

T195 - Peroxidación catalítica en fase húmeda activada por una arcilla pilarizada con Al/Fe sobre la viabilidad de quistes de *Giardia intestinalis*

Ariana Reina Hidalgo^{1,2}, Luis Alejandro Galeano², Arsenio Hidalgo Troya³, Paula Hernández Atehortúa⁴, Jacqueline Chaparro-Olaya⁴, Juan David Ramírez^{1,5}

¹ Centro de Investigaciones Microbiológicas y Biotecnológicas – UR (CIMBIUR), Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad del Rosario

² Grupo de Investigación en Materiales Funcionales y Catálisis (GIMFC), Departamento de Química, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Nariño

³ Departamento de Matemáticas y Estadística, Universidad de Nariño

⁴ Laboratorio de Parasitología Molecular, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque

⁵ Molecular Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell-based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA; director científico, CIMBIUR

Antecedentes: *Giardia intestinalis* es un protozooario con distribución global con dos estadios de vida, los trofozoitos y los quistes, que se encuentran en el agua y en alimentos contaminados.

Objetivo: Realizar un seguimiento al ARNm de quistes, como respuesta a la desinfección de agua superficial por peroxidación catalítica en fase húmeda activada por una arcilla pilarizada con Al/Fe, una tecnología para la eliminación de quistes.

Materiales y métodos: Se realizó cultivo *in vitro* de *G. intestinalis* (cepa WB. Ensamblaje A). Se extrajo ARN de los quistes (1×10^5 quistes/ml) y se estandarizó una RT-qPCR para los genes *18S-ARNr* y *β -giardina*. Se recolectó agua del río Pasto (matriz de experimentos catalíticos), se determinaron parámetros fisicoquímicos y se filtró para detectar *Giardia*. La peroxidación catalítica en fase húmeda activada por un catalizador Al/Fe-PILC se desarrolló en un reactor semicontinuo de 1 litro, se dopó con 1×10^5 quistes/L teniendo en cuenta los factores experimentales de pH y concentración de hierro activo del catalizador sólido.

Resultados: Las curvas estándar de *18S-ARNr* y *β -giardina* permitieron cuantificar y establecer límites de detección de 10^{-2} y 10^3 quistes/ml, respectivamente. En el agua filtrada del río Pasto se detectó *G. intestinalis* (ensamblaje A) con valores entre 1 y 10 quistes/L. Los experimentos catalíticos disminuyeron las cantidades de quistes, aun a bajas dosis de peróxido de hidrógeno.

Conclusiones: Esta aproximación podría permitir a corto plazo el seguimiento de bajo costo a la presencia de quistes de *Giardia* en aguas de consumo, evitando la propagación de enfermedades infecciosas que son de preocupación en salud pública, así como complementar la desinfección convencional de aguas con peroxidación catalítica en fase húmeda.

Palabras clave: *Giardia intestinalis*, peroxidación catalítica en fase húmeda, viabilidad de quistes, RT-qPCR.

T196 - Identificación de ensamblajes de *Giardia* sp. asociados a fuentes de transmisión en una zona rural del departamento del Quindío

Laura Sierra Rengifo, Gloria Deicy Muñoz, Fabiana María Lora Suárez

Universidad del Quindío, Laboratorio de Parasitología, Centro de Investigaciones Biomédicas - Grupo GEPAMOL, Armenia, Colombia

Antecedentes: El parásito protozoario *Giardia* sp. es un parásito entérico con una prevalencia del 11,2 % en nuestra región, siendo responsable de numerosos brotes diarreicos en la población infantil, especialmente en zona rural. Se han realizado estudios identificando la prevalencia de este organismo en hogares preescolares, en fuentes hídricas y en suelo, pero no se ha reportado un estudio con prevalencias en población infantil y en matrices ambientales, en búsqueda de las fuentes y rutas de transmisión de este microorganismo para una zona rural del departamento.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio de tipo descriptivo con un enfoque epidemiológico en tres veredas del municipio de Salento, muestras entre población infantil (n=42), matrices ambientales (n=100), se realizaron métodos de recuperación por cada matriz y se hizo análisis microscópico, PCR anidada que amplifica el gen de la subunidad menor de ARN ribosómico (SSARNr).

Resultados: Se obtuvieron 140 muestras de las tres veredas; a la fecha, se han procesado todas las muestras y el 62,5 % hasta la extracción del ADN. Se halló por microscopía en la población infantil, organismos como *Ascaris lumbricoides*, *Entamoeba coli*, *Endolimax nana*, *Blastocystis* sp. y *Entamoeba histolytica*; por inmunofluorescencia indirecta, se encontró *Giardia* sp. y *Cryptosporidium* sp.

Conclusiones: Se espera obtener conocimiento de la frecuencia de los ensamblajes de *Giardia* sp. en la población infantil y diferentes matrices ambientales, a su vez, identificando los factores de riesgo asociados a la giardiasis, y contribuyendo al primer acercamiento para la futura vigilancia y control de *Giardia* sp. en zona rural del departamento.

Palabras clave: rural, fuentes, transmisión, matrices, prevalencia

T201 - Tendencia de la incidencia, las áreas de riesgos y las variables sociodemográficas de leishmaniasis cutánea en los departamentos del Cesar, La Guajira y Magdalena de 2007 a 2020

Hugo Sánchez González^{1,2}, Xamara Alejandra Plata Acosta¹, Jeanina Carolina Linero Manjarrés¹, Gabriela Sofía Acuña Mendoza¹

¹ Universidad del Magdalena

² Fundación Salud para el Trópico

Antecedentes: La leishmaniasis cutánea es una parasitosis cuya adquisición se facilita en las comunidades rurales e indígenas, dadas las características ecológicas colombianas.

Métodos: Se llevó a cabo un estudio de tipo longitudinal, observacional, analítico y espacial que utilizó la lista de notificación para leishmaniasis cutánea del Instituto Nacional de Salud. Se calculó la tendencia de la incidencia por año, así como las áreas de riesgo de la enfermedad. Se calcularon medidas de tendencia central y distribución espacial. Se realizó contraste de hipótesis con la prueba U de Mann-Whitney. Para la detección de *clusters* de riesgo, se utilizó la prueba localizada no focalizada de Kulldorff.

Resultados: Un total de 70 pacientes notificados proceden de municipios desconocidos, el 73,2 % eran hombres y el 65,5 % proviene de zona rural dispersa y con un $p < 0,05$, con un tamaño de efecto por correlación biserial de rangos de 0,470 se encuentra que los casos se notifican más en temporada de sequía, $U=186$. Existe un riesgo que va de 3,89 a 97,66 para leishmaniasis cutánea con epicentro en el sur del Cesar y el área de Dibulla.

Conclusiones: Existe un mayor porcentaje de reportes en hombres de zona rural dispersa, aunque existe un aumento de casos procedentes de las cabeceras municipales, producto de la actividad antrópica en los nichos. Se confirma la elevación de los reportes en las épocas de sequías y se evidencia una disminución en la mediana de la edad según la pertenencia étnica. El sur del Cesar y Dibulla como epicentro son áreas de riesgo para la enfermedad.

Palabras clave: leishmaniasis cutánea, incidencia, parasitosis, Caribe colombiano

T202 - Inteligencia artificial para la predicción de geohelmintiasis

Mayra Raciny Alemán¹, William Hoyos^{1,2}

¹Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba (GIMBIC), Programa de Bacteriología, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad de Córdoba, Montería, Córdoba, Colombia

²GIDITIC, Universidad EAFIT, Medellín, Colombia

Antecedentes: Las geohelmintiasis son enfermedades prevalentes y desatendidas a nivel mundial. Este tipo de infecciones son facilitadas por deficientes condiciones higiénico-sanitarias, y afectan principalmente el desarrollo físico y cognitivo de la población humana infantil. La predicción temprana de la geohelmintiasis usando variables demográficas y epidemiológicas, es de utilidad para la toma de decisiones tanto para el diagnóstico como para el control comunitario de la enfermedad.

Materiales y métodos: Se usaron datos demográficos y epidemiológicos de 130 individuos –entre los 6 y los 15 años– de una zona rural de Córdoba, Colombia. Los individuos estaban clasificados en 66 pacientes con infección por geohelmintiasis y 64 individuos sanos. Se utilizaron tres técnicas de inteligencia artificial para construir tres modelos de predicción de geohelmintiasis. Además, se calculó la importancia de las variables usadas en la predicción de la enfermedad.

Resultados: De los tres modelos desarrollados, el modelo XGBoost (*Extreme Gradient Boosting*) tuvo el mejor desempeño de predicción con el 94,8 % de exactitud, seguido por los modelos que usaron máquinas de apoyo vectorial y redes neuronales artificiales con el 94,3 y el 93,9 % de exactitud, respectivamente. Las variables más importantes en la predicción fueron: el peso del individuo, la eliminación de excretas humanas y el uso de calzado cerrado.

Conclusiones: Los modelos desarrollados muestran un excelente desempeño, demostrando sus capacidades como herramientas, tanto para la detección temprana de las geohelmintiasis, como para la planificación de acciones de control en las comunidades.

Palabras clave: geohelmintiasis, predicción, inteligencia artificial, control, comunidades

T203 - Discrete typing units of *Trypanosoma cruzi*: Geographical and biological distribution in the Americas

Natalia Velásquez-Ortiz¹, Giovanni Herrera¹, Carolina Hernández^{1,2}, Marina Muñoz¹, Juan David Ramírez^{1,3}

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

² Centro de Tecnología en Salud (CETESA), Innovaseq SAS, Bogotá D.C., Colombia

³ Molecular Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell-based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA

Introduction: Chagas disease caused by *Trypanosoma cruzi* is a public health issue in Latin America. This highly diverse parasite is divided into at least seven discrete typing units TcI-TcVI and Tcbat. Some discrete typing units have been associated with geographical distribution in epidemiological scenarios and clinical manifestations, but these aspects remain poorly understood.

Objectives: To provide an update of discrete typing units distribution in the Americas including its ecoepidemiological information such as the transmission cycle, hosts, vectors, and the methods and genetic markers used for their identification and genotyping, hoping this can provide insights that lead to the standardization for discrete typing unit identification to improve future research regarding molecular epidemiology of Chagas disease.

Material and methods: We performed a systematic review of the literature available on those items described above using the PubMed database. The search was made for the last 20 years.

Results: We found that the discrete typing units are widespread across the continent. Also, in two studies *T. cruzi* was found in food. The most common vector belongs to the genus *Triatoma*. Additionally, there is a whole gamma of genetic markers used for the identification and genotyping of the parasite.

Conclusion: The data obtained in this descriptor provide a new powerful tool to improve molecular epidemiology research and surveillance, in this case for Chagas disease. We hope this database will be helpful in future research in the field, focusing on achieving a consensus in which are the most reliable genetic markers and methods to identify/genotype *T. cruzi* and keep on trying to understand the transmission dynamics of the parasite.

Key words: DTU, *Trypanosoma cruzi*, distribution, America, review

T204 - Coupling genetic and epidemiological dynamics to unravel parasite structure in transmission gradientsDavid Suárez-Salazar¹, Vladimir Corredor-Espinel², Juan Cordovez-Álvarez¹, Mauricio Santos-Vega¹¹ Departamento de Ingeniería Biomédica, Universidad de los Andes, Bogotá, D.C., Colombia² Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes: La malaria o paludismo es una enfermedad causada por los parásitos del género *Plasmodium*. Entre estas especies, *P. falciparum* se considera la más seria debido a su capacidad de evadir el sistema inmunológico humano, generando niveles de parasitemia que provocan diversos síntomas e, incluso, la muerte. Este parásito presenta una fase sexual en su ciclo de vida, por lo tanto, asume eventos de recombinación genética, los cuales impulsan la evolución de los parásitos y promueven la aparición de nuevos genotipos.

Materiales y métodos: Con base en un enfoque teórico, se desarrolló un modelo estocástico basado en agentes para simular la dinámica de transmisión de la malaria junto con la estructura genética de los parásitos *Plasmodium*. Nuestro enfoque está orientado a cuantificar el efecto de las condiciones epidemiológicas que modulan la diversidad genética a lo largo del tiempo.

Resultados: Con las simulaciones del modelo, determinamos cómo cambia la tasa de recombinación efectiva (cuantificada como el número de genotipos nuevos en cada momento) debido a parámetros epidemiológicos a lo largo de un gradiente de transmisión, para caracterizar cómo la intensidad de transmisión modula la probabilidad de aparición de nuevos genotipos.

Conclusiones: Este trabajo puede verse como un modelo nulo para abordar la dinámica del proceso sin migración e intervención, y abre la puerta para comprender los procesos de diversificación genética y encontrar mecanismos que desentrañen la dinámica epidemiológica de la malaria en entornos de baja transmisión.

Palabras clave: recombinación efectiva, estructura genética, malaria, intensidad de transmisión

T205 - Triatominafauna e infección natural por *Trypanosoma (Schizotrypanum) cruzi*: una revisión en el Caribe de Panamá, Colombia y Venezuela

Marlon Mauricio Ardila^{1,2,3}, Adriano Cavadías-Barroso⁴, Leidi Herrera⁵

¹ Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán, Chile

² Facultad de Ciencias Básicas y Biomédicas, Universidad Simón Bolívar, Barranquilla, Colombia

³ Grupo Interdisciplinario en Ciencias Marinas y Ambientales (GICMARA), Universidad del Atlántico, Puerto Colombia, Colombia

⁴ Semillero de Investigación en Microbiología y Parasitología (SIMIPA), Universidad del Atlántico, Puerto Colombia, Colombia

⁵ Instituto de Zoología y Ecología Tropical, Facultad de Ciencias, Universidad Central de Venezuela, Caracas, Venezuela

Antecedentes: La enfermedad de Chagas es una zoonosis endémica en 21 países de Latinoamérica, y de importancia en salud pública debido a sus altas tasas de morbimortalidad. El flujo migratorio de personas del campo a la ciudad y de vectores vulnerables, ha contribuido al aumento en la prevalencia de la enfermedad de Chagas.

Objetivo: Explorar los registros de presencia de triatominos y su infección natural por *Trypanosoma cruzi*, en la región Caribe de Panamá, Colombia y Venezuela.

Materiales y métodos: Se realizó una revisión sistemática (método PRISMA) de la presencia de triatominos y su infección natural por *T. cruzi* en el Caribe panameño, colombiano y venezolano. Se utilizaron descriptores en inglés / y español en Pubmed, Scielo y Science Direct, teniendo en cuenta todos los estudios que reportaron la presencia de los vectores con tasas de infección por *T. cruzi*, entre los años 2000 y 2022.

Resultados: De 3.407 estudios potenciales, 29 (0,9 %) fueron seleccionados para el estudio, en los que refirieron un total de 8.017 triatominos (siete géneros – 13 especies) de los cuales 1.005 (12,54 %) fueron positivos para *T. cruzi*, 51 (0,64 %) para *T. rangeli* y 119 (1,48 %) presentaron infección mixta. Las especies más abundantes fueron *Psammolestes arthuri* (n=3.246), *Rhodnius pallescens* (n=2.495) y *Triatoma maculata* (n=1.252). La especie con mayor número de registros de infección natural por *T. cruzi*, fue *T. maculata* (n=392). El linaje TCI se reportó en los tres países.

Conclusiones: Los resultados obtenidos aquí podrán brindar una mejor visión sobre el conocimiento de los elementos de riesgo para la posible instalación del complejo ecopatogénico de la enfermedad de Chagas.

Palabras clave: triatominos, *Trypanosoma cruzi*, Panamá, Venezuela, Colombia

T206 - Variación espacial y temporal de flebotómíneos en El Carmen de Bolívar, área endémica para leishmaniasis al norte de Colombia

Daniel Posada¹, Leidi Herrera², Rodian Fonseca³, Marlon Mauricio Ardila^{3,4,5}

¹ Semillero de Investigación en Microbiología y Parasitología (SIMIPA), Universidad del Atlántico, Puerto Colombia, Colombia

² Instituto de Zoología y Ecología Tropical, Facultad de Ciencias, Universidad Central de Venezuela, Caracas, Venezuela

³ Grupo Interdisciplinario en Ciencias Marinas y Ambientales (GICMARA), Universidad del Atlántico, Puerto Colombia, Colombia

⁴ Grupo de Investigación Básica y Clínica en Ciencias de la Salud (GIBAC), Fundación Universitaria San Martín, Puerto Colombia, Colombia

⁵ Facultad Ciencias Básicas y Biomédicas, Universidad Simón Bolívar, Barranquilla, Colombia

Antecedentes: Los Montes de María son un notable foco de leishmaniasis por su gran tasa de morbimortalidad. El municipio de El Carmen de Bolívar (Bolívar) presenta una alta prevalencia de leishmaniasis visceral y registra hasta 20 especies del género *Lutzomyia*, algunas de ellas con infección natural por *Leishmania*. En escasos trabajos se estiman la riqueza y abundancia de flebotómíneos y su temporalidad.

Objetivo: Determinar la variación espacio-temporal de la fauna de flebotominos en El Carmen de Bolívar.

Materiales y métodos: Se realizaron cinco muestreos (enero de 2018 a abril de 2019) en la vereda de El Bledo de El Carmen de Bolívar, utilizando trampas CDC durante tres noches/muestreo en los ecótopos doméstico-D, peridoméstico-PD y silvestre-S operadas de 18:00 a 06:00. Los flebotómíneos fueron identificados según Young y Duncan (1994). Se analizaron riqueza y abundancia por sexo, ecótopo, muestreo y su respuesta a la precipitación.

Resultados: Se recolectaron 8.426 (58 % hembras y 42 % machos) individuos del género *Lutzomyia* distribuidos en ocho especies; *L. evansi* (73,76 %), *L. panamensis* (19,80 %) y *L. gomezi* (6,34 %), presentaron una mayor abundancia durante el estudio y, picos de abundancias similares, al finalizar las lluvias. La mayor riqueza/abundancia se observó al final del periodo de lluvias. El ecótopo peridoméstico presentó la mayor riqueza/abundancia. Sólo en el primer periodo de lluvias, no se registró gran variación según el sexo, las hembras fueron más abundantes en el ecótopo peridoméstico y silvestre.

Conclusiones: *Lutzomyia evansi*, *L. panamensis* y *L. gomezi* representan un riesgo potencial para la vereda El Bledo por sus antecedentes vectoriales, y su gran abundancia. El ecótopo peridoméstico representa un posible escenario de transmisión para *Leishmania*, por su gran riqueza y abundancia.

Palabras clave: leishmaniasis, *Lutzomyia*, abundancia, precipitación, El Carmen de Bolívar