

Presentaciones en póster

P2-8. Comparación entre genomas de múltiples subtipos de *Blastocystis* aislados en Colombia

Adriana Higuera¹, Dayana E. Salas-Leiva^{2,3}, Bruce Curtis³, Luz H. Patiño¹, Dandan Zhao³, Jon Jerlström-Hultqvist⁴, Marlena Dutlek³, Marina Muñoz¹, Andrew J. Roger³ and Juan D. Ramírez^{1,5}

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

² Department of Biochemistry, University of Cambridge, Cambridge, United Kingdom

³ Institute for Comparative Genomics (ICG), Department of Biochemistry and Molecular Biology, Dalhousie University, Halifax, NS, Canada

⁴ Department of Cell and Molecular Biology, BMC, Uppsala Universitet, Uppsala, Sweden

⁵ Molecular Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell-based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA

Introducción: *Blastocystis* es uno de los microorganismos eucariotas que se encuentran colonizando con mayor frecuencia el intestino tanto de humanos como animales, sin una asociación clara de rol en este ambiente. Además, su gran variabilidad genética y la dificultad para establecer y mantener cultivos axénicos, han complicado investigaciones genómicas a gran escala enfocadas en entender sus características biológicas.

Objetivo: Conocer las características genómicas de subtipos (ST) circulantes en Colombia.

Métodos: Establecimos 9 cultivos xénicos de diferentes subtipos de *Blastocystis* ST1 (n=3), ST2 (n=1), ST3 (n=1), ST6 (n=1), ST7 (n=1) y ST8 (n=2) aislados de muestras de heces fecales humanas. Todas las muestras obtenidas de ADN fueron secuenciadas por Illumina HiSeq 2000. Además, el ADN de una muestra del ST1 fue secuenciada por medio de la técnica de Oxford nanopore.

Resultados: La secuenciación de genomas nucleares indicó importante diversidad en términos de tamaño y contenido de GC entre los subtipos comparados. La secuenciación por Illumina generó genomas que contenían entre 852 y 1.037 *scaffolds*, con un tamaño entre 12 y 24 Mb y un N50 de 10.000 a 28.000 bp; mientras que, el único genoma del ST1 secuenciado con Oxford nanopore, tuvo un tamaño de 20 Mb con 116 *scaffolds* y un N50 de 168.718 bp.

Conclusión: Estos resultados constituyen el primer paso en el entendimiento de la estructura genómica de este controversial microorganismo.

Palabras clave: *Blastocystis*, secuenciación por Oxford Nanopore, genómica comparativa

P2-2. Diseño *in silico* de péptidos inhibidores de transportadores de membrana de *Trypanosoma cruzi*

Andrés Felipe Henao Paz, Germán Alberto Téllez, Juan Felipe Osorio

Corporación Universitaria Empresarial Alexander von Humboldt, Grupo de gestión del conocimiento en salud

Antecedentes: En la enfermedad de Chagas, a pesar de existir un tratamiento específico, este presenta efectos adversos, efectividad variable y se ha descrito resistencia por parte del parásito. Por lo tanto, se requiere desarrollar nuevas estrategias terapéuticas.

Objetivo: Diseñar *in silico* péptidos con potencial de inhibición de transportadores de membrana de *Trypanosoma cruzi*.

Materiales y métodos: Se determinaron genes potencialmente esenciales en los transcriptomas del *Trypanosoma cruzi* (tritypdb), se seleccionaron las estructuras terciarias en AlphaFold y se identificaron sitios clave de interacción. Se realizaron interacciones moleculares con 400 dipéptidos, usando Autodock-Vina. Con los resultados obtenidos, se analizaron las interacciones y se seleccionaron de acuerdo con el delta de G obtenido; se crecieron los dipéptidos usando el programa Pespec; posteriormente, se analizó el acoplamiento del péptido crecido en la proteína usando Cabsdock y, finalmente, se evaluó la predicción de comportamiento de los péptidos como toxinas (toxinpred).

Resultados: Se identificó el transportador de tipo acuaporina (Unitpro Q4DFL6), se obtuvo su modelo pdb de la plataforma y se identificaron los dominios transmembrana. Mediante las coordenadas en el eje de las X 14.039, eje de las Y 0.092 y eje de las Z -7.613, se interaccionan los 400 dipéptidos y se eligen los modelos con menor puntuación (péptido WH y PY). Su posterior crecimiento en sentido amino- y carboxiterminal, generó una librería de posibles péptidos con interacción frente a la acuaporina.

Conclusión: Se identificó el transportador acuaporina, como posible diana terapéutica; se logró diseñar péptidos por una estrategia *de novo*, con potencial inhibitorio *in silico*.

Palabras clave: diseño, inhibición, *in silico*, péptidos, *Trypanosoma cruzi*

P1-7. Vigilancia de algunos agentes infecciosos transmitidos por roedores del municipio de Villavicencio y su impacto en salud pública

Andrés Rojas-Guloso¹, Liliana Sánchez-Lerma¹, Verónica Contreras², Norma Pabas-Escobar¹, Diana Barajas-Pardo¹, Salim Mattar²

¹ Universidad Cooperativa de Colombia

² Universidad de Córdoba

Antecedentes: Las infecciones zoonóticas siempre han figurado entre la amplia gama de enfermedades humanas, algunas de las cuales provienen de animales domésticos, artrópodos, aves de corral y ganado. Los roedores desempeñan un papel importante en la ecología y en la transmisión de nuevas enfermedades.

Objetivo: Se buscaron agentes infecciosos zoonóticos transmitidos por roedores (Rodentia), como parte de un programa de vigilancia en áreas periurbanas y rurales del municipio de Villavicencio, durante los años 2018 a 2020.

Materiales y métodos: Se trata de un estudio observacional descriptivo y de corte transversal, para detectar algunos agentes infecciosos zoonóticos (*Leptospira* spp., *Yersinia pestis*, *Trypanosoma cruzi*, Orthohantavirus y Mammarenavirus) transmitidos por roedores, mediante el uso de técnicas moleculares que permitirán conocer su importancia en la ecología de las enfermedades en “Una salud”.

Resultados: Se capturaron 50 roedores en áreas domiciliarias, peridomiciliarias y de campo. En el 12 % de los roedores, se amplificaron los marcadores pflp32 de *Leptospira interrogans* y el 10 % Yp de *Yersinia pestis*; *Rattus rattus* fue la especie más frecuente en ambos casos. No se logró amplificar los marcadores para *Trypanosoma cruzi*, Orthohantavirus ni Mammarenavirus.

Conclusiones: Se confirmó la presencia de *L. interrogans* y de la posible presencia de *Y. pestis*, en tejido renal y bazo de roedores sinantrópicos y silvestres de Villavicencio, lo que podría llevar a un ciclo de infecciones en la región. La vigilancia de poblaciones de roedores permite conocer la interacción entre los patógenos, los huéspedes y otras especies, ante enfermedades zoonóticas emergentes; a su vez, esto permite implementar programas de prevención y control ante emergencias humanas.

Palabras clave: leptospirosis, *Zygodontomys brevicauda*, *Yersinia pestis*, Orthohantavirus, Mammarenavirus, *Trypanosoma cruzi*

P1-12. Evaluación de la técnica ELISA indirecta empleando el antígeno recombinante rLicNTPDase-2 para el diagnóstico de *Leishmania* spp. en perros de Colombia

Angie Tatiana Murillo Casas¹, Fernando Borda Rojas¹, Luz Ángela Vega¹, Anna Cláudia Alves de Sousa², Juliana Lopes Rangel Fietto², Gabriel Andres Tafur-Gómez¹

¹ Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales

² Universidad Federal de Viçosa

Antecedentes: La leishmaniosis canina representa un problema de salud pública de grandes magnitudes, con falta de métodos para el diagnóstico en el territorio nacional.

Objetivo: Verificar un nuevo método diagnóstico fundamentado en la proteína recombinante rLicNTPDase-2 el método indirecto ELISA, para diagnosticar perros infectados con *Leishmania* spp.

Materiales y métodos: Se confirmaron los sueros controles positivos (muestras de animales previamente diagnosticados por pruebas parasitológicas) y negativos (muestras de suero canino de animales jóvenes provenientes de zonas no endémicas). Se confirmaron 24 muestras verdaderas positivas y 9 muestras verdaderas negativas. Se verificó la prueba, empleando muestras de animales sintomáticos y asintomáticos, y se encontró: especificidad de 96 %, sensibilidad de 81%, eficiencia de 90,6 %, valor predictivo positivo de 92,8 % y valor predictivo negativo de 89,6 %.

Resultados: La verosimilitud positiva (RV+) arrojó un valor de 20, mientras que la verosimilitud negativa (RV-) fue de 0,19, lo que indica una utilidad clínica muy relevante y buena, respectivamente. El área bajo la curva sugirió una adecuada capacidad discriminativa, lo que se confirma con la diferencia significativa ($p < 0,0001$) entre las verdaderas positivas y las verdaderas negativas. Mediante la confirmación diagnóstica en campo de 163 animales, se encontró seropositividad de 47 % y seronegatividad de 46 %. Los valores medios de la densidad óptica mostraron diferencia significativa entre las muestras positivas y las negativas, lo cual indica que ELISA es capaz de identificar muestras positivas y negativas, arrojando valores distintos de densidad óptica.

Conclusiones: Lo anterior demuestra que la prueba ELISA fundamentada en el antígeno recombinante rLicNTPDase-2, es una alternativa eficiente para el serodiagnóstico de leishmaniosis en perros del territorio nacional.

Palabras clave: leishmaniosis, rLicNTPDase-2, serodiagnóstico, antígenos recombinantes, antígenos de subunidades

P3-2. Spatial distribution of *Plasmodium* spp. and its *Anopheles* spp. vector in the Colombian Army: *Plasmodium falciparum* malaria outbreak near Olaya Herrera, Nariño

Camilo A. Correa-Cárdenas¹, Carolina Oliveros¹, David Martínez², Lorena I. Orjuela³, Elizabeth K. Márquez¹, Yohana Rivera¹, María Clara Duque¹, Carlos D. Daza¹, María T. Alvarado¹, Frank De Los Santos Ortiz¹, Yanira Romero¹, Jessenia Yulieth Tirado-Solano⁴, Andrés Felipe Velandia-Nogales⁵, Juan David Ramírez^{2,6}, Omar Cantillo-Barraza⁷, Claudia Méndez¹, Julie Pérez¹

¹ Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales del Ejército (GINETEJ), Laboratorio de Referencia e Investigación, Dirección de Sanidad Ejército, Bogotá, D.C., Colombia

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

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

⁴ Establecimiento Sanidad Militar, Batallón de Selva N° 53 "CR Francisco José González" (BASGO 53), El Gualtal, Nariño

⁵ Establecimiento Sanidad Militar, Batallón de Selva N° 53 "CR Francisco José González" (BASGO 53), El Gualtal, Nariño

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

⁷ Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas (BCEI), Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Background: Malaria is the third most crucial vector-borne disease within the army, demanding high operational costs in military health.

Materials and methods: We used nested PCR, qPCR, and *18S* sequencing to diagnose and determine the circulating species of *Plasmodium* spp. in the military population. The serological diagnosis also included an initial rapid diagnostic test (RDT) at the occurrence place. An epidemiological follow-up inside Nariño's BATOT16 in those patients who previously patrolled the Olaya Herrera municipality and consulted with symptoms between April 1 and 29, 2022, allowed us to estimate the attack rate (AR). We also analyzed the *Plasmodium* spp. infection of those *Anopheles* spp. collected with CDC-type traps during an entomological surveillance strategy.

Results: Twenty-six volunteer patients from departments with the highest malaria prevalence were reported as positive by parasitological diagnosis. The relative abundance of Pf infections was 80.77%, while Pv = 19.23%. The molecular genotyping was 100% concordant with the parasitological and RDT. Of 183 exposed soldiers in the BATOT16 outbreak, 11 presented symptoms defining an AR of 6.01%, all with *P. falciparum* infection. One death is still under investigation. Finally, the presence of malaria-transmitting vectors were confirmed with *COI* sequencing. We collected 44 *Anopheles* spp. specimens with the highest relative abundance in Nariño (45.45%), followed by Chocó (22.73%), Antioquia (15.91%) and Montería (15.91%). Of the insect collection, 47.73% occurred in the extradomicile environment.

Conclusions: Preventive measures against malaria transmission should be improved in the military setting. New diagnosis protocols as part of patient care guidelines for malaria are also needed.

Palabra clave: *18S*, *COI*, *Plasmodium falciparum*, *Plasmodium vivax*, *Anopheles* spp.

P3-3. Asymptomatic *Plasmodium* spp. infection prevalence in Colombian military population

Carolina Oliveros¹, Camilo A. Correa-Cárdenas¹, María Clara Duque¹, Frank De Los Santos Ortiz¹, Yohana Rivera¹, Omar Cantillo-Barraza², María T. Alvarado¹, Yanira Romero¹, Claudia Méndez¹, Julie Pérez¹, David Martínez³, Juan David Ramírez^{3,4}, Lorena I. Orjuela⁵, Zulma Cucunubá⁶

¹ Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales del Ejército (GINETEJ), Laboratorio de Referencia e Investigación, Dirección de Sanidad Ejército, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas (BCEI), Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³ Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología de la 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, USA

⁵ Grupo Genómica de Microorganismos Emergentes, Dirección de Investigación en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

⁶ Departamento de Epidemiología Clínica y Bioestadística, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia

Background: One of the main difficulties in consolidating malaria control programs lies in the incidence of asymptomatic infections in which people become reservoirs of the parasite without receiving treatment. In addition, military personnel represent a highly mobile population, promoting transmission hotspots of *Plasmodium* spp. from endemic to non-endemic areas.

Methods: A cross-sectional study with stratified sampling (n = 806) was estimated in four departments (Antioquia, Chocó, Córdoba, and Nariño) with the highest malaria prevalence. Peripheral blood and thick smears, serological rapid diagnostic tests (RDT), a nested PCR, and a qPCR were used to identify asymptomatic malaria parasite carriers (AMPC). Additionally, patients were interviewed to determine their associated risk history.

Results: Three out of 775 samples collected were positive by microscopy: two *P. falciparum* (El Bagre and Chocó) and one *P. vivax* (Carepa). Only one positive *P. falciparum* RDT was obtained in Chocó. Molecular diagnosis confirmed the presence of *P. falciparum* in the last sample according to the 18S marker (205 bp) and later verified by *ssrRNA* Sanger sequencing (1,200 bp). Consequently, the prevalence of asymptomatic malaria was estimated at 0.56% in Carepa, 1.92% in El Bagre, and 0.57% in Chocó.

Conclusions: The prevalence of asymptomatic infections by *Plasmodium* spp. in the departments of Antioquia and Chocó did not exceed 2%. Previous malaria episodes, patrolling, or place of birth associated exposure were identified as risk antecedents in all positive cases. The implications of these results are discussed.

Palabras clave: Asymptomatic malaria parasite carriers, *Plasmodium* spp., military personnel, molecular diagnosis, 18S

P2-3. Expresión diferencial de genes relacionados con la meiosis y la recombinación homóloga durante el ciclo de vida de *Trypanosoma cruzi*

Lissa Cruz-Saavedra¹, Tatiana Cáceres¹, Nathalia Ballesteros¹, Sofía Velandía¹, 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, New York, NY 10029, USA

Antecedentes: La replicación de *Trypanosoma cruzi* se ha descrito principalmente como de predominio clonal, aunque en varios estudios se ha demostrado recombinación genética y genómica. Sin embargo, la función de los genes involucrados en el proceso permanece desconocida.

Objetivo: Evaluar la expresión de 10 genes relacionados con la meiosis y RH durante el ciclo de vida de *T. cruzi*, y en diferentes ambientes de estrés.

Materiales y métodos: Se estandarizó la RT-qPCR para nueve genes relacionados con la meiosis y la RH (SPO11, HAP2, RAD50, MRN complex, BRCA2, DMC1, MND1, RPA), con el fin de determinar la expresión diferencial (Δ Ct and $\Delta\Delta$ Ct). Además, se incluyeron los genes *RAD51* y *GAPDH* previamente reportados. Se extrajo el ARN para todos los estadios durante el ciclo de vida de *T. cruzi*, y para epimastigotes, cuando se había inducido estrés oxidativo, de pH y tratamiento con beznidazol.

Resultados: Se observó una expresión basal de todos los genes durante el ciclo de vida de *T. cruzi*. De manera relevante, encontramos un conjunto de genes sobre-expresados en tripomastigotes metacíclicos (TM) (*HAP2*, *RPA*, *RAD50*, *BRCA2*, *MND1*, *DMC1*), durante el estrés oxidativo (*RPA*, complejo MN, *BRCA2*, *MND1*, *RAD51*). No encontramos sobre-expresión de estos genes en respuesta al tratamiento.

Conclusiones: En otros tripanosomátidos, se ha relacionado la sobre-expresión de *HAP2* y *RPA* con la recombinación e hibridación, si *T. cruzi* emplea la misma maquinaria, los resultados acá reportados podrían indicar la presencia de estos procesos en tripomastigotes metacíclicos.

Palabras clave: *Trypanosoma cruzi*, recombinación homóloga, meiosis, genes, expresión génica, ciclo de vida, estrés oxidativo, tratamiento

P3-1. Asociación entre características sociodemográficas y pobreza multidimensional en infecciones por *Plasmodium* spp. presentadas en Chocó, Nariño y Córdoba durante el 2020

Daniel Felipe Machado
Universidad Internacional de Valencia

Antecedentes: Colombia se considera uno de los países endémicos más importantes de la región frente a la malaria. En Colombia, se han reportado tres tipos de malaria según el agente patógeno, por *P. falciparum*, por *P. vivax* o malaria mixta (por ambos tipos de *Plasmodium* simultáneamente). Los departamentos más afectados por esta enfermedad son Chocó, Nariño y Córdoba.

Materiales y métodos: Es un estudio de investigación con enfoque cuantitativo, el cual se basó en información secundaria consultada en el Instituto Nacional de Salud, en el apartado de (SIVIGILA) "Microdatos de malaria vivax, falciparum y mixta en 2020". Así como información consultada en el DANE para los departamentos de Chocó, Nariño y Córdoba, sobre los indicadores de pobreza multidimensional. Para la elaboración de este estudio, se hicieron modelos probabilísticos de Logit utilizando el *software* Stata.

Resultados: Las variables que aumentan la probabilidad de contraer malaria por *P. falciparum* en el Chocó, son: población discapacitada (25,1% CI), estratos socioeconómicos 1 y 2 (12,3 % y 16,30 %, respectivamente). En Nariño, las variables que más aumentan la probabilidad de contraer *P. falciparum* son pertenecer a población mulata, negra o ser afrocolombiano (8,84 %) y tener bajo logro educativo (8 %). En Córdoba, las variables que más aumentan la probabilidad de contraer *P. vivax* son población discapacitada (32,6 %), víctimas de violencia (27,3 %) y población desplazada (11 %).

Conclusiones: Entre las 5 dimensiones de la pobreza multinacional que más repercuten en la presencia de malaria, están: condiciones de la niñez y juventud, salud y acceso a servicios públicos domiciliarios y condiciones de la vivienda.

Palabras clave: malaria, pobreza multidimensional, factores sociodemográficos, *Plasmodium vivax*, *Plasmodium falciparum*, malaria mixta, Chocó, Nariño, Córdoba

P2-4. Identificación y expresión de un transportador SWEET (TcSWEET) en *Trypanosoma cruzi*

Juan Felipe Osorio-Méndez¹, Germán Alberto Téllez¹, Daniela Zapata-López¹, Sebastián Echeverry¹, Jhon Carlos Castaño²

¹ Laboratorio de Microbiología y Biología Molecular, Programa de Medicina, Corporación Universitaria Empresarial Alexander von Humboldt, Armenia, Colombia

² Grupo de Inmunología Molecular (Gymol), Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío, Colombia

Antecedentes: *Trypanosoma cruzi* utiliza la glucosa como uno de los principales recursos para su supervivencia y proliferación. En las células eucariotas, la captación de glucosa está mediada por una variedad de transportadores, incluyendo miembros de una familia recientemente identificada denominada SWEET.

Objetivo: Identificar genes de esta familia en parásitos tripanosomátidos y su expresión en *T. cruzi*.

Materiales y métodos: Para estudiar la expresión de TcSWEET, se generó un suero policlonal inmunizando ratones Balb/c con péptidos sintéticos derivados de la secuencia de aminoácidos. Con este suero, se realizaron pruebas de Western blot con lisados de epimastigotes de *T. cruzi* separados en gel de SDS-PAGE, y por microscopía de fluorescencia con epimastigotes no permeabilizados y permeabilizados con tritón X-100.

Resultados: Se identificaron genes que codifican para transportadores SWEET en varias especies de tripanosomátidos, incluyendo *T. cruzi* y *Leishmania* spp. Los genes identificados contienen los atributos típicos de los transportadores SWEET conocidos, lo cual sugiere la expresión de transportadores funcionales. Un suero policlonal α -TcSWEET detectó bandas dentro del peso molecular teórico para TcSWEET (23,8 kDa) en lisados totales de epimastigotes, lo que confirma su expresión. Además, tiñó parásitos intactos y permeabilizados con tritón X-100 en pruebas de inmunofluorescencia, lo que sugiere la presencia de TcSWEET como proteína integral en la superficie del parásito y en regiones de membrana resistentes a la extracción con detergente.

Conclusiones: Se identificaron transportadores de carbohidratos SWEET en *T. cruzi* y *Leishmania*. Se confirmó la expresión del transportador de esta familia en los epimastigotes de *T. cruzi*.

Palabras clave: inmunohistoquímica, captación de glucosa, transportadores, tripanosomátidos

P4-10. Acute Chagas disease outbreak by oral transmission in Colombian military personnel around Special Energetic Battalion 2 (BAEEV2) of La Jagua de Ibirico, Cesar

Elizabeth K. Márquez¹, Camilo A. Correa-Cárdenas¹, Yanira Romero¹, Diana C. Daza², Hugo D. Soto³, Omar Cantillo-Barraza⁴, Carlos A. Rincón¹, Carolina Oliveros¹, María T. Alvarado¹, Frank De Los Santos Ortiz¹, María Clara Duque¹, Julie Pérez¹

¹ Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales del Ejército (GINETEJ), Laboratorio de Referencia e Investigación, Dirección de Sanidad Ejército, Bogotá, D.C., Colombia

² Laboratorio Clínico, Hospital Militar Central de Bogotá, D.C., Colombia

³ Laboratorio de Salud Pública, Secretaría de Salud Departamental del Cesar, Colombia

⁴ Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas (BCEI), Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Background: Recent studies have exposed acute Chagas disease outbreaks of probable oral transmission in Colombia and Latin America, given that more than one case of the disease with febrile symptoms is detected, with no obvious route of inoculation.

Materials and methods: To establish the possible infection with *Trypanosoma cruzi* in an acute Chagas disease outbreak within a military squad, a parasitological diagnosis, followed by ELISA and IIF tests, was made. Next, an epidemiological follow-up was carried out in the military unit of La Jagua de Ibirico, Cesar, where the attack rate and the case fatality rate (CFR) were estimated. Finally, entomological surveillance was conducted in the El Hatillo military base. Collected triatomines with Angulo traps were analyzed to determine their infection status with *T. cruzi* to help mitigate the risk of transmission.

Results: None of the patients were positive by parasitological diagnosis. Two out of seven patients analyzed by the serological test were positive. The others, presumably under a seroconversion process, were assumed positive due to the epidemiological link. Of 11 soldiers exposed at El Hatillo, only nine presented symptoms, resulting in an attack rate of 82% and a CFR = 22%. The entomological report showed a palm infestation of 60%, with four nymphs and one adult of *Rhodnius pallescens*; 40% of these were infected with *T. cruzi*.

Conclusions: Preventive measures and an integrated scheme for timely diagnosis and treatment of acute Chagas disease by oral transmission in Colombian military personnel should be strengthened. Finally, the implications of these results are discussed.

Palabras clave: Oral transmission of Chagas disease, Cesar department, Colombian Army, *Trypanosoma cruzi*, *Rhodnius pallescens*, immunodiagnosis

P3-13. Experiencia en una serie de casos de infantes con síndrome congénito de infección por Zika: ¿qué tan frecuente podría ser el síndrome de Dandy-Walker?

Fabio Adami-Teppa^{1,2}, Mariliana Márquez Colmenarez^{1,3}, María Escalona Rodríguez^{1,3}, Sergio Castañeda⁴, Juan David Ramírez^{4,5}, Alberto Paniz-Mondolfi⁵

¹ Instituto de Investigaciones Biomédicas IDB, Clínica IDB Cabudare, Cabudare, Venezuela

² Departamento de Medicina Preventiva, Facultad de Medicina, Universidad Centrooccidental Lisandro Alvarado, Barquisimeto, Venezuela

³ Facultad de Medicina, Universidad Centrooccidental Lisandro Alvarado, Barquisimeto, Venezuela

⁴ Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología-UR (CIMBIUR), Facultad de Ciencias Naturales, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

⁵ Molecular Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell- Based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA

Antecedentes: La infección intrauterina por el virus del Zika (ZIKV) tiende a cursar con un espectro de alteraciones del tubo neural, y la microcefalia constituye uno de los hallazgos más relevantes clínicamente. Sin embargo, el síndrome de Dandy-Walker tiende a ser una malformación frecuente entre los casos descritos.

Objetivo: Describir la frecuencia del síndrome de Dandy-Walker en neonatos microcefálicos como parte del espectro del síndrome congénito de infección por ZIKV.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo (n=21) para evaluar los hallazgos por resonancia magnética (RM) en pacientes con microcefalia (perímetro cefálico ± 2 DE para edad y sexo), utilizando un equipo Siemens MAGNETOM Symphony, 1.5T. Las madres habían presentado síntomas clínicos de infección durante el embarazo.

Resultados: Ocho (38 %) de 21 niños presentaron síndrome de Dandy-Walker en hallazgos imagenológicos. En las variables cuantitativas, la semana gestacional al momento del diagnóstico de microcefalia por ultrasonido fetal muestra una distribución normal. Respecto a las variables cualitativas, en el grupo de individuos con diagnóstico de síndrome de Dandy-Walker (n = 8), se observa prevalencia del sexo masculino (62,5 %). La mayoría reportaron alteración en el ultrasonido fetal (75 %) y síntomas clínicos maternos de infección (75 %). A pesar de ser llamativos algunos valores de OR, no se encontraron diferencias estadísticamente significativas en las distribuciones de frecuencia de las variables cualitativas, entre los individuos con síndrome de Dandy-Walker y sin él.

Conclusiones: Pese a que no se observan diferencias estadísticamente significativas entre las variables cualitativas evaluadas, se observa que al comparar con otros estudios similares, el síndrome de Dandy-Walker es más frecuente de lo esperado.

Palabras clave: ZIKV, Zika, resonancia magnética, síndrome de Dandy-Walker, microcefalia

P3-14. Resultados contrastantes en gemelos dicigóticos con exposición conocida al virus del Zika durante las primeras etapas de la gestación

Fabio J. Adami-Teppa^{1,2}, María Escalona Rodríguez³, Mariliana Márquez Colmenarez³, Gabriela M. Blohm⁴, Alberto E Paniz Mondolfi⁵

¹ Instituto de Investigaciones Biomédicas IDB, Clínica IDB Cabudare, Cabudare, Venezuela

² Departamento de Medicina Preventiva, Facultad de Medicina, Universidad Centrooccidental Lisandro Alvarado, Barquisimeto, Venezuela

³ Facultad de Medicina, Universidad Centrooccidental Lisandro Alvarado, Barquisimeto, Venezuela

⁴ Emerging Pathogens Institute, University of Florida, Gainesville, FL, USA

⁵ Molecular Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell- Based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA

Antecedentes: El virus del Zika (ZIKV) es un arbovirus responsable de síntomas de afectación neurológica leve a grave, como microcefalia congénita. Se reporta la identificación de infección concurrente por ZIKV en gemelos dicigóticos, aunque solo uno fue afectado con microcefalia y síndrome de Dandy-Walker.

Objetivo: Comparar la afectación anatómica encefálica por resonancia magnética cerebral en dos gemelos dicigóticos con exposición intrauterina al ZIKV.

Materiales y métodos: La madre (35 años) de gemelos dicigóticos de 36 semanas de edad gestacional, de sexo masculino y femenino, presentó síntomas sugestivos de infección por ZIKV durante el embarazo, confirmado por laboratorio por medio de inmunofluorescencia con IIFT Arboviral FeverMosaic-2 Euroimmun AG IgGTM, IgM (Alemania) y prueba de neutralización por reducción de placas (PRNT).

Resultados: Al nacer, el gemelo femenino presentó una circunferencia cefálica de 26 cm, microcefalia grave. El gemelo masculino presentó una circunferencia cefálica dentro de los límites normales y sin anomalías cefálicas. Al momento del estudio radiológico, la gemela exhibió ensanchamiento de la fosa posterior del espacio subaracnoideo, que se comunicaba ampliamente con el cuarto ventrículo, e hipoplasia del vermis cerebeloso inferior, lo cual sugería un síndrome de Dandy-Walker; también, dilatación masiva del sistema ventricular encefálico al acueducto cerebral y ensanchamiento del tercer ventrículo, anomalías de mielinización del cuerpo calloso y otras alteraciones.

Conclusiones: Nuestro estudio es único en observar el síndrome de Dandy-Walker en un gemelo producto de embarazo gemelar monocoriónico. Proponemos que, a pesar de la protección placentaria, la discordancia que hemos informado demuestra que existen otros factores involucrados en los mecanismos responsables en el desarrollo patológico.

Palabras clave: ZIKV, Zika, resonancia magnética, embarazo gemelar dicigótico, microcefalia

P3-15. Caracterización de hallazgos imagenológicos en infantes con microcefalia por exposición intrauterina al virus del Zika: serie de casos

Fabio Adami-Teppa^{1,2}, Marilianna Márquez Colmenarez^{1,3}, María Escalona Rodríguez^{1,3}, Alberto Paniz-Mondolfi⁴.

¹ Instituto de Investigaciones Biomédicas IDB, Clínica IDB Cabudare, Cabudare, Venezuela

² Departamento de Medicina Preventiva, Facultad de Medicina, Universidad Centrooccidental Lisandro Alvarado, Barquisimeto, Venezuela

³ Facultad de Medicina, Universidad Centrooccidental Lisandro Alvarado, Barquisimeto, Venezuela
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 epidemia de virus del Zika (ZIKV) sigue latente en regiones donde se produjo una enfermedad congénita potencialmente devastadora. Algunos países registraron un aumento exponencial de casos de microcefalia a partir de la circulación del virus. En neonatos, la microcefalia es una de las principales alteraciones, entre un espectro de malformaciones congénitas.

Objetivo: Describir los hallazgos por resonancia magnética cerebral en infantes con antecedentes de exposición intrauterina al ZIKV.

Materiales y métodos: Una cohorte de 21 infantes con microcefalia se evaluó utilizando resonancia magnética cerebral entre enero y noviembre de 2018, con infección confirmada por laboratorio. En 13 (61,9 %) de los casos, la microcefalia se diagnosticó por ultrasonido fetal; el resto, al nacimiento. El 71,4 % de las madres fueron sintomáticas, 93,3 % en el primer trimestre.

Resultados: El 90,47 % de los lactantes presentaron alteraciones encefálicas, comprendiendo: ensanchamiento de la cisterna magna, disminución de volumen de hemisferios cerebelosos e hipoplasia del vermis inferior, aumento de volumen de fosa posterior comunicante con el cuarto ventrículo, aumento del espacio subaracnoideo, hipoplasia del cuerpo calloso; alteraciones del sistema ventricular, abarcando aumento de volumen y asimetría de ventrículos laterales; cambios en señal de la unión córtico-medular, focos hiperintensos, focos de aspecto quístico y cambios en la señal córtico-subcortical frontal.

Conclusiones: Las malformaciones congénitas encefálicas se relacionan con alteraciones durante la embriogénesis del tubo neural, especialmente en aquellos infantes con infección durante el primer trimestre gestacional. Estos cambios abarcan un espectro de manifestaciones clínicas e imagenológicas que van, desde alteraciones leves hasta compromiso de la arquitectura y disposición encefálica en forma grave.

Palabras clave: microcefalia, ZIKV, Zika, resonancia magnética, síndrome congénito por ZIKV

P2-9. Comparación de tres métodos de diagnóstico para parasitosis gastrointestinales en parroquias rurales del Ilaaló, Ecuador

Fernando Andrés Pazmiño Galarza¹, Gissela Geomara García Barriga², Karla Elizabeth Novoa Medina³, Stefan Michael Geiger⁴

¹ Universidad Central del Ecuador

² Universidad de las Américas, Ecuador

³ Instituto Superior Tecnológico Superarse

⁴ Universidade Federal de Minas Gerais

Antecedentes: Las parasitosis son las infecciones más comunes en todo el mundo y están vinculados a la falta de saneamiento, la pobreza y los escasos recursos. Una de los puntales para el control y la prevención es su diagnóstico, para lo que se han desarrollado diferentes métodos que se retan a mejorar su sensibilidad.

Objetivos: Comparar la sensibilidad de dos técnicas cuantitativas de uso cotidiano, McMaster y Mini-FLOTAC, y una técnica cualitativa de uso rutinario, el frotis fresco directo.

Métodos: Se analizaron 420 personas durante 3 días para infecciones por parasitosis con tres métodos diagnósticos: McMaster (MM) (SF1, SF2, SF3, SF5 y SF7), Mini-FLOTAC (MF) (SF1, SF2, SF3, SF5 y SF7) y frotis fresco directo (FFD).

Resultados: El 21,66 % de las personas dieron positivo para alguna parasitosis intestinal, el 71,4 % de individuos tenía infecciones simples, el 23,07 %, infecciones duales, y el 5,49 %, tres infecciones o más. El MF fue el método más sensible para infecciones por helmintos (89,01 % MF Vs. 81,31 % MM y 12,08 % FFD) y el más sensible para aquellas por protozoos intestinales (83,3 % MF Vs. 72,2 % MM y 27,78 % FFD). MF SF5 fue más sensible para helmintos que SF1, SF2, SF3 y SF7 (89,01 % Vs. 83,51 %, 85,71 %, 86,81 % y 81,32 %), MF SF2 fue más sensible para protozoarios parásitos que SF1, SF3, SF5 y SF7 (92,85 % Vs. 85,71 %, 78,57 % y 57,14 %).

Conclusión: El Mini-FLOTAC presentó una mejor sensibilidad que el y el frotis fresco directo, en la detección de helmintos y protozoos. El Mini-FLOTAC con SF5 y SF2 fueron más sensibles para diagnosticar helmintos y protozoarios.

Palabras clave: Mini-Flotac, McMaster, parasitosis, helmintos, protozoos

P1-8. Presencia de vectores y reservorios infectados con *Leishmania* spp. en un foco endémico de leishmaniasis en el municipio de Ovejas, departamento de Sucre, Colombia

Fernando Javier Flórez Arrieta, Aura Anaya Monterroza, Luis Enrique Paternina Tuirán, Eduar Elías Bejarano Martínez, Suljei De Carmen Cochero Bustamante
Grupo Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Antecedentes: El departamento de Sucre es un área endémica para leishmaniasis, debido a la presencia de casos de leishmaniasis cutánea y visceral en zonas rurales y urbanas, principalmente en el municipio de Ovejas.

Métodos: El estudio se llevó a cabo en la vereda El Palmar, zona rural de Ovejas en el departamento de Sucre. Los flebotomíneos fueron capturados utilizando trampas de luz de tipo CDC, las cuales fueron ubicadas en las viviendas donde se presentaron los casos de leishmaniasis. Se determinó la presencia de flebotomíneos naturalmente infectados con parásitos tripanosomatídeos y se hizo diagnóstico de leishmaniasis visceral canina mediante pruebas rápidas y moleculares.

Resultados: Se identificaron 2.944 flebotomíneos (1.964 hembras y 980 machos) pertenecientes a 10 especies del género *Lutzomyia*: *Lutzomyia evansi*, *Lu. panamensis*, *Lu. c. cayennensis*, *Lu. atroclavata*, *Lu. carpenteri*, *Lu. dubitans*, *Lu. gomezi*, *Lu. micropyga*, *Lu. rangelliana* y *Lutz Lu. omyia trinidadensis*. Se detectaron tripanosomatídeos mediante amplificación de un fragmento del gen *ITS1* en *Lu. evansi*, *Lu. panamensis*, *Lu. c. cayennensis*, *Lu. dubitans*, *Lu. gomezi* y *Lu. rangelliana* capturados en el intradomicilio, el peridomicilio y el extradomicilio. De igual forma, se encontraron 9 (16,36 %) perros positivos para leishmaniasis visceral canina, entre 55 muestras analizadas.

Conclusiones: La presencia de *Lu. evansi*, *Lu. gomezi* y *Lu. panamensis*, y de reservorios domésticos infectados, implica un riesgo para la transmisión de leishmaniasis visceral y cutánea en el área, explicando el gran número de casos que se reportan en esta localidad cada año.

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

P2-14. Evaluación de la técnica ELISA indirecta para el diagnóstico de animales infectados con *Neospora caninum* empleando el péptido rNcGRA1

Jennifer Xiomara Fonseca Fajardo¹, Claudia Marcela Sanclemente Berrío¹, Joaquín H. Patarroyo Salcedo², Marlene I. Vargas², Pablo Prates-Patarroyo², Gabriel A. Tafur Gómez¹

¹ Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales - U.D.C.A., Bogotá, D.C., Colombia

² Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Veterinária, Viçosa MG, Brasil

Antecedentes: La neosporosis es una de las principales causas de aborto en ganado bovino. Las estrategias de control se fundamentan en el serodiagnóstico al no existir tratamiento ni vacuna. En comparación con los extractos crudos de cultivo celular, los antígenos de subunidades pueden mejorar la precisión diagnóstica, y reducir el riesgo de reacciones cruzadas y de falsos negativos.

Objetivo: Estandarizar la prueba ELISA indirecta para el diagnóstico serológico de *N. caninum*, empleando el péptido recombinante rNcGRA1.

Métodos: Se incubaron sueros negativos con el péptido y, posteriormente, se confirmaron los sueros controles, los cuales sirvieron para evaluar sueros previamente diagnosticados según la prueba IDEXX Neospora X2 Ab.

Resultados: Se identificó una tasa de falsos positivos (TFP) de 39 % y una tasa de verdaderos negativos (TVN) de 84 %. Con los sueros positivos y negativos por IDEXX, se identificó una TFP de 48,64 % y una TFN de 72,97 %. Con las muestras verdaderas negativas (VN) y verdaderas positivas (VP) del barrido anterior, se practicó una ELISA confirmatoria, identificándose un área bajo la curva de 0,8667. Asimismo, se determinó una sensibilidad de 83,33 %, especificidad de 80 %, TFP de 20 %, TFN de 16,6 NPV de 78,95 %, VPN de 84,21 %, Rver+ de 4,17 %, Rver- de 0,21 % y eficiencia de 81,58 %. La diferencia entre los VP y VN mediante la prueba exacta de Fisher correspondió a $p < 0,0002$ con un alto nivel de significancia.

Conclusiones: La ELISA fundamentada en el péptido recombinante rNcGRA1 puede ser una alternativa prometedora para el serodiagnóstico de neosporosis en los planteles bovinos.

Palabras clave: neosporosis, rNcGRA1, serodiagnóstico, antígenos de subunidades

P4-11. Identificación de zonas de riesgo para transmisión de enfermedad de Chagas en un área urbana no endémica

Jhon Mario González Cáceres, Javier Alonso Herrera Cuadros
Secretaría Local de Salud de Floridablanca

Antecedentes: Floridablanca es un municipio del área metropolitana de Bucaramanga (Santander), no endémico para enfermedad de Chagas hasta el año 2012, cuando ocurrió el primer brote de enfermedad aguda, haciendo necesaria la caracterización del riesgo de transmisión de *Trypanosoma cruzi* en el territorio.

Objetivos: Identificar las áreas de riesgo para transmisión vectorial y oral de la enfermedad de Chagas en Floridablanca.

Métodos: A partir de 14 años de datos de vigilancia pasiva y activa, se construyó el mapa de distribución de triatominos de Floridablanca, identificando las zonas de riesgo para transmisión oral y vectorial de acuerdo con la especie, frecuencia y cantidad de capturas, condiciones ambientales, sociales y de vivienda, y la presencia de reservorios.

Resultados: Entre 2008 y 2022, se han reportado 100 capturas de triatominos con 212 ejemplares, 75 % *Panstrongylus geniculatus* y 25 % *Rhodnius pallescens*. se encontraron tripanosomátidos en 92,8 % de los ejemplares analizados. se detectaron tres colonias de *R. pallescens*. Se diferencian seis zonas de riesgo; Escarpa Palomitas-Bosque, Ruitoque-Riofrio, zona urbana, corredor jardín botánico, asentamientos transversal oriental y santa Barbara.

Conclusiones: Dada la amplia distribución de triatominos silvestres, Floridablanca presenta gran riesgo de transmisión de *T. cruzi* por vía oral y vectorial. La especie predominante es *P. geniculatus*. Se distinguen varias zonas de riesgo que permiten estratificar y priorizar los planes de control de la enfermedad de Chagas en el municipio. Las intrusiones ocurrieron independientemente del tipo de vivienda y del estrato socioeconómico, pero la ubicación de las casas y las condiciones del extradomicilio sí parecen influir en la frecuencia de capturas.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, epidemiología, prevención y control, factores de riesgo

P1-3. Caracterización molecular de flebótomos en dos municipios endémicos de leishmaniasis en el departamento de Cundinamarca, Colombia

Marco Rojas Mogollón¹, Néstor Armando Pinto Pinto¹, Nathaly Sierra Peñuela¹, Johanna Buitrago Estrada¹, Adriana Castillo², Juan David Ramírez², Patricia Fuya Oviedo³

¹ Laboratorio de Salud Pública, Secretaría de Salud Departamental de Cundinamarca, Colombia

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

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

Antecedentes: La leishmaniasis es una enfermedad desatendida de amplia distribución en Colombia. Es transmitida a los humanos por la picadura de hembras del género *Lutzomyia* spp. Son especies encontradas particularmente en el departamento de Cundinamarca.

Objetivos: Caracterizar la infección por *Leishmania* spp. e identificar la fuente alimenticia de flebótomos recolectados en áreas endémicas de leishmaniasis, en los municipios de Guaduas y Nariño en el departamento de Cundinamarca, Colombia.

Métodos: El estudio se desarrolló en el área rural de Guaduas y Nariño, empleando trampas de luz CDC, instaladas en el domicilio y el peridomicilio. Los insectos se preservaron en alcohol al 70 % a 4 °C. El 80 % de los ejemplares, fueron aclarados con KOH al 10 % para diagnóstico taxonómico. Las hembras se procesaron para la extracción de ADN, y posterior PCR, para cada marcador: genes *HSp70*, *12S* y *COI*.

Resultados: Se recolectaron 118 flebótomos, de *Lutzomyia longipalpis* y *Lu. gomezi*. Es la primera vez que se reporta la presencia de *Lu. longipalpis* en Guaduas. De Guaduas, se procesaron 10 hembras de *Lu. longipalpis* y 3 *Lu. Gomezi*; de Nariño, 2 hembras de *Lu. longipalpis* y 6 de *Lu. gomezi*. Solo una *Lu. longipalpis* de Nariño fue positiva para *Hsp70* y 14 de *Lu. gomezi* (5 de Guaduas y 9 de Nariño), amplificaron para este gen. Los flebótomos alimentados contenían predominantemente ADN de humanos.

Conclusiones: Los hallazgos de este trabajo revisten importancia para la vigilancia y el control de la leishmaniasis en Cundinamarca, por la gran abundancia y la amplia distribución de *Lu. longipalpis* y *Lu. gomezi*, vectores de leishmaniasis visceral y cutánea, respectivamente.

Palabras clave: vigilancia entomológica, diagnóstico molecular de flebótomos, leishmaniasis

P2-11. Presencia, correlación clínica y hematológica de *Hepatozoon spp.* en perros de dos albergues de Valledupar, Cesar

Víctor Gerardo Petro Hernández¹, Jorge Enrique Salcedo Parada², Jenny Portillo Paba¹, Óscar David Vergara Garay³

¹ Universidad de Santander, Facultad de Ciencias Exactas, Naturales y Agropecuarias, Programa de Medicina Veterinaria y Zootecnia Campus Valledupar, Grupo de Investigación CIENCIAUDES, Valledupar, Colombia

² Universidad de Santander, Facultad de Ciencias Exactas, Naturales y Agropecuarias, Programa de Medicina Veterinaria y Zootecnia Campus Valledupar, Semillero de Investigación SIMIVET, Valledupar, Colombia

³ Universidad de Córdoba, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Grupo de Investigación en Producción Animal Tropical, Córdoba, Colombia

Antecedentes: La hepatozoonosis es una enfermedad causada por el *Hepatozoon spp.*, que se transmite al perro al ingerir la garrapata *Rhipicephalus sanguineus* infectada con ooquistes maduros y aparece en sangre periférica tres meses después de la ingestión, ocasionando alteraciones clínicas y la muerte.

Objetivo: Realizar el diagnóstico de *Hepatozoon spp.* y su correlación clínico-patológica en Valledupar, Cesar.

Materiales y métodos: Se estudiaron 60 perros en dos albergues donde se correlacionaron las alteraciones clínicas y hematológicas en los pacientes positivos y negativos, por medio de frotis sanguíneo, y se determinaron los factores que influyen en la presentación de la enfermedad.

Resultados: Del total de la población, el 15 % fueron positivos; la linfocitosis y la trombocitopenia fueron las alteraciones hematológicas más relevantes, y el sexo fue un factor independiente de la enfermedad. El 100 % de los resultados positivos se presentó en perros adultos, por lo que la edad se tornó un factor dependiente de la hepatozoonosis; de estos nueve positivos, cuatro presentaron coinfección correspondientes a *Anaplasma spp.* y *Ehrlichia spp.* En cuanto a las variables hematológicas, no existieron diferencias estadísticas entre los individuos positivos y los negativos. El 88 % de los pacientes positivos fueron asintomáticos y el 92 % presentaron ectoparásitos; sin embargo, este fue un factor independiente de la enfermedad.

Conclusiones: La hepatozoonosis canina es una enfermedad presente en Valledupar, por lo que se recomienda incluirla entre los diagnósticos diferenciales en la práctica clínica diaria y se debe hacer un control periódico contra ectoparásitos en los albergues, ya que son un foco de diseminación de la enfermedad.

Palabras clave: *Hepatozoon spp.*, frotis sanguíneo, hemoprotozoario, *Rhipicephalus sanguineus*

P3-8. Caracterización clínico-hematológica de pacientes con paludismo hospitalizados en una institución prestadora de salud en Montería

José María Ortiz Girón, Nohra Díaz Cornejo, Daniel Ortiz Díaz
Departamento de Ciencias Básicas de Salud, Universidad del Sinú, Colombia

Antecedentes: En el departamento de Córdoba, la transmisión de la malaria está focalizada en cuatro municipios, con gran tasa de morbilidad y comportamiento hiperendémico, el 50 % de la población afectada refiere dos episodios de malaria como mínimo. Aproximadamente, el 70 % de las viviendas ubicadas en localidades de mayor transmisión tienen menos del 50 % de protección adecuada. En la semana epidemiológica 12 de 2022, se notificaron 1.523 casos de malaria, con acumulado de 13.694 casos, 13.281 de malaria no complicada y 413 de malaria complicada. La infección por *Plasmodium vivax* afectó al 61,2 %, por *P. falciparum* al 37,9 % y la infección mixta al 0,8 %.

Materiales y métodos: La población fue representada por 34 pacientes con criterios de inclusión, estudio retrospectivo descriptivo-correlacional de corte transversal con enfoque cuantitativo. Se usó el método probabilístico por conveniencia.

Resultados: El 23,5 % tenía 21 a 30 años, 62 % de sexo masculino y 56 % proceden de zona urbana. El 100 % presentó fiebre, cefalea, escalofrío y malestar general. En el 53 % se confirmó *P. vivax* y el 47 % por *P. falciparum*. En el 73,5 % se presentó linfopenia, en 61,7 %, neutrofilia, en 38,2 %, trombocitopenia moderada, en 29,4 %, hipertransaminemia, y en 23,5 %, hiperbilirrubinemia directa. En el 85,2 %, la hospitalización fue menor de 5 días. El 17,6 % se complicó con bronconeumonía.

Conclusiones: Nuestra población de estudio representa el 13,6 % de los casos sospechosos de malaria con síndrome febril, los cuales fueron confirmados por laboratorio y mostraron predominio de *P. vivax*. Este estudio brindará conocimientos sobre las manifestaciones clínicas y hematológicas de la población objeto de estudio, para sensibilizar al personal de salud e implantar estrategias de detección temprana y, asimismo, de tratamiento oportuno.

Palabras clave: malaria, síndrome febril, zona endémica, linfopenia, neutrofilia, trombocitopenia

P2-15. Detección molecular de *Haemoproteus* spp. en aves asociadas al bosque seco tropical de la Universidad del Magdalena

Joseph David Peña, Ángel Oviedo, Lyda R. Castro

Grupo de investigación Evolución, Sistemática y Ecología Molecular (GIESEMOL), Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

Antecedentes: *Haemoproteus* es un género de hemoparásitos que infectan aves, causándoles enfermedades que afectan su aptitud biológica. En Colombia, existen algunos reportes de la presencia de este hemoparásito en la avifauna colombiana; sin embargo, se carece de estudios sobre la incidencia y presencia de *Haemoproteus* en la población de aves asociadas con los ecosistemas de bosque seco tropical.

Objetivos: Determinar la presencia y prevalencia de *Haemoproteus* en poblaciones de aves asociadas al bosque seco tropical de la Universidad del Magdalena.

Materiales y métodos: Para la búsqueda de *Haemoproteus*, se analizaron 118 muestras de sangre recolectadas de las poblaciones de aves que habitan una parcela de bosque seco tropical. Se efectuó la detección de *Haemoproteus* por medio de PCR convencional, amplificando una región del gen citocromo b. Las secuencias obtenidas a partir de las muestras positivas se sometieron a un análisis de similitud en *blast* para la identificación molecular.

Resultados: A partir de las muestras analizadas, se encontró que 4 individuos fueron positivos para *Haemoproteus* spp. Este hemoparásito fue detectado en tres especies de aves, *Cyclarhis gujanensis* (2), *Icterus nigrogularis* (1) e *Hypnelus ruficollis* (1).

Conclusiones: Estos resultados evidencian la circulación de *Haemoproteus* spp. en las poblaciones de aves asociadas al bosque seco tropical de la Universidad del Magdalena, la cual representa un riesgo para la salud animal. Además, estos son los primeros registros de *Haemoproteus* spp. en Colombia para especies como *C. gujanensis*, *I. nigrogularis* e *H. ruficollis*.

Palabras clave: aves, parasitología, hemoparásitos, *Haemoproteus*, molecular

P3-16. Avances en la elaboración y titulación de un antisuero para la detección del virus del Zika en tejido nervioso de un modelo de ratón

Ladys Sarmiento, Gerardo Santamaría, Sheryll Corchuelo, Jorge Rivera, Aura Catherine Rengifo, Orlando Torres-Fernández

Grupo de Morfología Celular, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes: El virus del Zika (ZIKV) puede afectar diferentes órganos, especialmente el tejido nervioso. Con frecuencia, los tejidos disponibles para el diagnóstico son fijados en formaldehído, un procedimiento rutinario para el análisis histopatológico. No obstante, los anticuerpos comerciales anti-Zika y las pruebas moleculares están diseñados para el diagnóstico en fluidos corporales.

Objetivos: Determinar la utilidad de un antisuero para su uso en tejido nervioso infectado con virus del Zika.

Materiales y métodos: Previamente se había obtenido un antisuero inoculando conejos con ZIKV inactivado. Se fijaron en paraformaldehído al 4 % los cerebros de ratones neonatos BALB/c inoculados por vía intracerebral o intraperitoneal con el virus, y se procesaron para obtener bloques de parafina. A partir de estos bloques con los tejidos, se obtuvieron cortes de 5 μm y se ensayaron diferentes diluciones en el rango de 1:100 a 1:2.500 para el análisis inmunohistoquímico.

Resultados: Se confirmó la especificidad del antisuero al observar inmunorreactividad intensa, principalmente en el citoplasma de las neuronas corticales (la mejor dilución fue 1:200), con escasa inmunotinción inespecífica. Esta marcación fue similar a la obtenida con un anticuerpo producido por los CDC. No se observaron diferencias entre cerebros infectados por las diferentes vías de inoculación del virus.

Conclusiones: Utilizando ratones como modelo, se logró confirmar la utilidad de un antisuero para la detección del virus del Zika en tejido nervioso de ratón, fijado en paraformaldehído y embebido en parafina. El siguiente paso será comprobar su utilidad en la detección del virus del Zika en tejido nervioso humano, resaltando su importancia para el diagnóstico diferencial.

Palabras clave: virus del Zika, ratones, tejido nervioso, inmunohistoquímica.

P2-12. Efecto citotóxico y anti-*Trypanosoma cruzi* de nanoencapsulados de extractos polifenólicos de *Theobroma cacao*

Laura Camila Vargas Munévar¹, Erika Marcela Moreno Moreno¹, Olimpo José García Beltrán², Lilliana Torcoroma García Sánchez¹

¹ Universidad de Santander

² Universidad de Ibagué

Antecedentes: La cardiomiopatía chagásica es la manifestación clínica más relevante en la enfermedad crónica de Chagas. Actualmente, se considera que no existe una terapia que prevenga el compromiso cardíaco y desarrollo de la miocardiopatía. Al respecto, algunas terapias antioxidantes con vitaminas y fitoquímicos, han mostrado resultados promisorios.

Objetivos: En este trabajo se buscó explorar el potencial citotóxico y tripanocida de polifenoles nanoencapsulados derivados de *Theobroma cacao* sobre células infectadas y no infectadas con *Trypanosoma cruzi*.

Materiales y métodos: Se aislaron 22 polifenoles de la cáscara del fruto de *T. cacao*. La actividad antiparasitaria se determinó sobre macrófagos infectados o no con amastigotes de *T. cruzi*. La concentración citotóxica e inhibitoria 50 (CC_{50}/CI_{50}) se determinó tratando las células con diversas concentraciones de las terapias y por estimación de regresión sigmoidea. Se observaron efectos sobre el ADN, actividad mitocondrial y estrés oxidativo, mediante microscopía óptica y de fluorescencia (DAPI, JC-1 y MitoSOX TM Red).

Resultados: Los polifenoles nanoencapsulados *spray dryer* recubiertos con Ma exhibieron efectos antiparasitarios, destacándose los compuestos SD16160 (CI_{50} $162 \pm 5,26$ $\mu\text{g/ml}$) y SD16140 (CI_{50} $215 \pm 4,53$ $\mu\text{g/ml}$). Asimismo, presentaron poca toxicidad sobre macrófagos sanos, estimándose valores de CC_{50} de $4,708 \pm 2,17$ y $4,562 \pm 14,9$ $\mu\text{g/ml}$, respectivamente. Se observó por microscopía que no se inducen cambios fenotípicos, alteraciones en el potencial de membrana y estrés oxidativo en las células tratadas no infectadas. Cabe destacar que estos datos son preliminares.

Conclusiones: Los polifenoles nanoencapsulados *spray dryer* demostraron un efecto tripanocida y baja citotoxicidad, lo cual sugiere su potencial como alternativa terapéutica para el tratamiento de la enfermedad de Chagas.

Palabras clave: cardiomiopatía chagásica, *Theobroma cacao*, polifenoles, anti-*Trypanosoma cruzi*.

P1-4. Síndrome febril agudo no palúdico en el departamento del Meta, Colombia

Liliana Sánchez Lerma¹, Islay Rodríguez Gonzáles², Salim Mattar Velilla³.

¹ Universidad Cooperativa de Colombia

² Instituto de Medicina Tropical Pedro Kourí

³ Universidad de Córdoba

Antecedentes: Colombia es una región que reúne condiciones favorables para la entrada, el desarrollo y la persistencia de ciertas enfermedades emergentes. Actualmente, en Colombia existen más de 60 enfermedades infectocontagiosas consideradas de interés en salud pública; estas se caracterizan por un comportamiento endemoepidémico y se encuentran dentro del marco del síndrome febril agudo. En el departamento del Meta, se desconoce la presencia de causas de síndrome febril agudo, diferentes al dengue no palúdico

Objetivos: Establecer la etiología y los factores asociados al síndrome febril agudo no palúdico en pacientes del departamento del Meta.

Materiales y métodos: Las muestras fueron recolectadas entre mayo de 2013 y junio de 2014. Para cumplir con el objetivo, se determinó la frecuencia de dengue y hantavirus mediante ELISA, de leptospirosis mediante MAT y de rickettsiosis mediante IFI, en pacientes con síndrome febril agudo no palúdico del departamento del Meta. Además, se asociaron las variables clínicas y epidemiológicas con las causas etiológicas encontradas.

Resultados: Se identificaron 44 muestras positivas para dengue. En cuanto a hantavirus, 3 muestras mostraron seroconversión en el ELISA-IgG. También, se presentaron incremento del hematocrito, niveles elevados de creatinina y leucocitosis. Se encontraron 17 muestras positivas para leptospira, infecciones ocasionadas principalmente por los serovares Canicola y Ballum que se asociaron a la tenencia de perros y al contacto con roedores. Se encontró un caso positivo de rickettsiosis que evolucionó favorablemente después del tratamiento con doxiciclina.

Conclusiones: Este es el primer estudio que se realiza en el Meta y los resultados obtenidos permiten generar una alerta epidemiológica, ya que se demostró la circulación de Rickettsia y Hantavirus.

Palabras clave: síndrome febril agudo, dengue, leptospirosis, hantavirus, rickettsiosis

P4-3. Evidencia del comportamiento ovovivíparo en ácaros del polvo doméstico en Colombia

Luis Acuña Cantillo¹, Jainy Meza Navarro², Eduardo Egea Bermejo³, Dary Luz Mendoza Meza⁴

¹ Instituto Nacional de Salud

² Universidad de Sucre

³ Universidad del Norte

⁴ Universidad del Atlántico

Antecedentes: Los ácaros del polvo doméstico son agentes de enfermedades alérgicas. En Colombia, la distribución y prevalencia de especies varían entre ciudades. En la región Caribe, la incidencia de alergias está relacionada con especies intradomiciliarias. Para desarrollar estrategias de control, es importante conocer sus aspectos reproductivos.

Objetivo: Evidenciar el comportamiento ovovivíparo en ácaros del polvo doméstico.

Materiales y métodos: Se recolectaron muestras de polvo doméstico entre los años 2007 y 2012 en las ciudades de Santa Marta y Barranquilla. Se determinó la prevalencia de especies y la densidad de ácaros, expresada como ácaros por gramo de polvo. Se realizó registro fotográfico en Microscopio Nikon®. Se utilizó estadística descriptiva para el análisis de los resultados.

Resultados: Se reportaron 23 especies. Las más prevalentes y abundantes fueron *Dermatophagoides pteronyssinus*, *D. farinae*, *Euroglyphus maynei* y *Blomia tropicalis*. Dos individuos hembras se registraron en estado de gravidez con larvas en su interior, una de la especie *D. pteronyssinus* y otra de la especie *Gohieria fusca*, con dos larvas. Estas presentaron el primer y segundo par de patas, así como las piezas bucales del gnathosoma. La frecuencia de estos individuos en la muestra estudiada fue de 0,02 % (1/4.875) y 0,29% (1/350), respectivamente.

Conclusiones: Se identificaron las especies *D. pteronyssinus* y *G. fusca* con este comportamiento. A la fecha, constituye el primer reporte para Colombia, en especies de ácaros del polvo doméstico. Es necesario desarrollar estudios profundos de ecología reproductiva, los cuales tienen implicaciones importantes en el control biológico. Además, es importante crear colecciones biológicas que sirvan de referencia de este comportamiento en ácaros domésticos.

Palabras clave: comportamiento, reproducción, ovovivíparo, ácaros, Colombia

P3-9. Arbovirosis y *Plasmodium falciparum*, primer reporte de coinfección en un hospital de Suramérica

Luis Andrés Dulcey Sarmiento¹, Raimondo Caltagirone¹, Juan Sebastián Theran León², Rafael Guillermo Paraless Strauch², Jhon Freddy Castillo Blanco³, Álvaro Luis Ruge Serrano⁴

¹ Universidad de los Andes, Mérida, Venezuela

² Universidad Autónoma de Bucaramanga

³ Universidad de Santander

⁴ Universidad Metropolitana de Barranquilla

Antecedentes: La coinfección por dengue y malaria involucra la existencia de diferentes vectores y de huéspedes en contacto con ellos o que viajen a diferentes áreas geográficas. El primer informe de coinfección por dengue y malaria fue en el año 2005 en una paciente francesa, con el antecedente de haber viajado a zonas endémicas para ambas enfermedades, en quien se diagnosticó paludismo por *Plasmodium falciparum* y dengue de serotipo 2.

Enfermedad actual y antecedentes: Se trata de un paciente masculino de 38 años, natural y procedente de la Zona Panamericana, quien a principios de febrero de 2018 consultó por artralgiyas generalizadas, así como alzas térmicas no cuantificadas de tres semanas de evolución. Ocho días antes de su hospitalización, presentó náuseas, múltiples episodios eméticos y dolor abdominal, por lo que acudió a nuestra institución. No había otros antecedentes médicos de importancia.

En el examen físico, se encontró: condiciones generales estables, inestabilidad hemodinámica con taquicardia, y dolor abdominal generalizado; no había alteraciones cardiopulmonares, de sus funciones mentales superiores ni de los pares craneales, y la fuerza muscular era de V/V en las cuatro extremidades. Requirió manejo agresivo con líquidos endovenosos. Mediante el examen de gota gruesa, se confirmó la infección por *P. falciparum* y la serología para el virus del dengue de tipo 2 fue positiva, con confirmación por reacción en cadena de la polimerasa.

Conclusiones: Se ha descrito que la presentación clínica de la coinfección por dengue y malaria tiende a ser más grave que, en las infecciones únicas, y que presenta con mayor frecuencia criterios de malaria grave. Por otra parte, se ha observado que la presentación clínica de la coinfección es similar a la del dengue y predomina sobre la presentación clínica de la malaria.

Palabras clave: malaria, coinfección, dengue, epidemiología, laboratorio

P1-10. Descripción de un brote de difteria en la región de los Andes de Venezuela entre 2017 y 2018

Luis Andrés Dulcey Sarmiento¹, Héctor Alonso Moreno Parra¹, Juan Sebastián Theran León², Jhon Fredy Castillo Blanco², Raimondo Caltagirone¹, Andrés Visintini³, Rafael Guillermo Paraes Strauch⁴

¹ Universidad de los Andes, Mérida, Venezuela

² Universidad de Santander

³ Universidad del Magdalena

⁴ Universidad Autónoma de Bucaramanga

Antecedentes: La difteria es una enfermedad infecciosa bacteriana producida por *Corynebacterium diphtheriae*, que presenta complicaciones agudas y gran mortalidad.

Objetivo: Describir las características clínico-epidemiológicas y el tratamiento médico de los pacientes con diagnóstico de difteria, ingresados al Servicio de Medicina Interna del Instituto Autónomo Hospital Universitario de los Andes, en los años 2017 y 2018.

Materiales y métodos: Estudio de caso, analítico, retrospectivo y revisión de historias clínicas.

Resultados: Ingresaron 27 pacientes, de los cuales se encontraron 22 historias clínicas y se descartaron 2. Predominó el sexo masculino (55 %). La edad promedio fue de 26 años. El 40 % no tenía reporte de datos epidemiológicos en la historia clínica, el 35 % negó viajes recientes, el 15 % estaba vacunado. La mayoría de los pacientes consultaron por fiebre, y odinofagia, el 100 % presentó membrana blanco-grisácea, seguido de edema de cuello 10 (50 %). La localización de las membranas fue más frecuente en amígdalas palatinas 15 (75 %), con 9 (45 %) casos de formas extensas a úvula, paladar blando y paredes orofaríngeas. Las complicaciones al ingreso fueron respiratorias, 9 (45 %), y neurológicas, 1 (5 %). El tratamiento fue penicilina cristalina en 12 (60 %) casos y antitoxina diftérica en el 100 %, en la mayoría 9 (45 %) de los casos, administrada en las primeras 24 horas. Un paciente presentó polineuropatía y otro falleció por insuficiencia respiratoria.

Conclusiones: Es pertinente determinar las características clínico-epidemiológicas y el tratamiento médico de los pacientes hospitalizados con diagnóstico de difteria, en el contexto de nuevos brotes, para así poder enfrentarlos de mejor manera, y es fundamental promover la inmunización como principal medida costo-efectiva para dicho fin.

Palabras clave: difteria, vacuna, virulencia, epidemia, atención

P1-2. Primer reporte en Colombia de un caso de coinfección de tripanosomiasis y COVID-19 en una paciente víctima del conflicto armado

Luis Andrés Dulcey Sarmiento¹, Héctor Alonso Moreno Parra¹, Juan Sebastián Theran León², Jhon Fredy Castillo Blanc², Raimondo Caltagirone¹, Andrés Visintini³, Rafael Guillermo Parales Strauch⁴, Melissa Julieth Aguas Cantillo², Cristian Raúl Aguas Cantillo⁵, Laura Juliana Pinto⁶

¹ Universidad de los Andes, Mérida, Venezuela

² Universidad de Santander

³ Universidad del Magdalena

⁴ Universidad Autónoma de Bucaramanga

⁵ Corporación Universitaria Rafael Núñez

⁶ Universidad de los Andes

Antecedentes: La presencia de coinfección por enfermedad de Chagas y COVID-19 es un fenómeno epidemiológico poco frecuente; los mayores riesgos se presentan en la región de las Américas y el continente africano.

Objetivos: Describir un caso de coinfección por COVID-19 y enfermedad de Chagas.

Materiales y métodos: Se trata de una paciente de sexo femenino de procedencia indígena, con un cuadro clínico de más o menos 14 días de evolución, caracterizado por astenia y adinamia, tos productiva, disnea y edema ascendente de miembros hasta llegar a la anasarca. Los estudios realizados mostraban una leucocitosis marcada, así como fiebre que no mejoraba con el uso de antibioticoterapia de amplio espectro combinada. Los cultivos fueron negativos. La paciente manifestó la existencia de un brote de enfermedad de Chagas en su comunidad, dos semanas atrás. Los hallazgos ecocardiográficos fueron cardiomegalia y una fracción de eyección gravemente deprimida; la serología para enfermedad de Chagas fue positiva. Se brindó manejo antifalla y terapia específica contra la enfermedad aguda de Chagas.

Resultados: La coinfección por enfermedad de Chagas y COVID-19 es un fenómeno epidemiológico con solo tres descripciones hasta el momento de generarse este informe, todas de Suramérica. La evolución tórpida que presentó esta paciente y las barreras del lenguaje, no permitieron un tratamiento precoz.

Conclusiones: Por sus características geográficas y su epidemiología local, nuestro país se convierte en un nicho para fenómenos poco frecuentes, como el descrito. La paciente recibió tratamiento tripanocida con nifurtimox, en dosis ajustada al peso por 60 días, y su evolución fue adecuada. Se demuestra que los grupos poblacionales más vulnerables son los que presentan mayor riesgo para este tipo de cuadros atípicos.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, coinfección, coronavirus, epidemiología, salud de poblaciones indígenas

P1-5. Coinfección de tuberculosis pulmonar y COVID-19: descripción y revisión de la literatura de un escaso fenómeno epidemiológico en Colombia

Luis Andrés Dulcey Sarmiento¹, Héctor Alonso Moreno Parra¹, Juan Sebastián Theran León², Jhon Fredy Castillo Blanco², Raimondo Caltagirone¹, Andrés Visintini³, Rafael Guillermo Parales Strauch⁴, Melissa Julieth Aguas Cantillo², Cristian Raúl Aguas Cantillo⁵, Aldahir Quintero⁶

¹ Universidad de los Andes, Mérida, Venezuela

² Universidad de Santander

³ Universidad del Magdalena

⁴ Universidad Autónoma de Bucaramanga

⁵ Corporación Universitaria Rafael Núñez

⁶ Universidad Metropolitana de Barranquilla

Antecedentes: La tuberculosis, como infección no erradicada en las Américas, genera unos costos elevadísimos de atención en salud. Muchos son los factores implicados en su falta de erradicación, y la emergencia sanitaria a raíz de la COVID-19 complicó aún más este panorama.

Objetivos: Reportar el caso de un paciente con coinfección por COVID-19 y tuberculosis.

Materiales y métodos: Se trata de un paciente de sexo masculino habitante de calle, con un cuadro clínico de más o menos tres meses de evolución caracterizado por astenia y adinamia, tos productiva, disnea y pérdida de peso no especificada, con empeoramiento de los síntomas en los últimos tres días previos a su ingreso hospitalario. Las radiografías de tórax mostraban signos sugestivos de neumonía viral con presencia de dos cavernas, una en el ápice derecho y otra en el izquierdo. se confirmó el diagnóstico de tuberculosis mediante tres baciloscopias. Sin embargo, los hallazgos radiológicos adicionales y dado el contexto de la pandemia COVID-19, obligaron a la práctica de una PCR, la cual fue positiva.

Resultados: La coinfección por tuberculosis pulmonar y COVID-19 es un fenómeno epidemiológico con solo tres descripciones en Colombia. El paciente requirió de manejo intrahospitalario; la prueba de HIV fue negativa. Se hicieron pruebas de sensibilidad a fármacos, las cuales mostraron sensibilidad al tetraconjugado tradicional.

Conclusiones: Este fenómeno epidemiológico es poco comprendido y, hasta el momento, no es posible hacer afirmaciones sobre si empeora el pronóstico o acarrea mayor mortalidad. Se requiere de estudios de grupos poblacionales más amplios, para responder a dichas interrogantes.

Palabras clave: tuberculosis, coronavirus, epidemiología, coinfección, neumonía

P4-14. Anormalidades electrocardiográficas y ecocardiográficas en niños con infección por *Trypanosoma cruzi*: ¿es útil el *speckle tracking* en detectar enfermedad subclínica?

Luis Sáenz Pérez, Claudia Maritza Stapper Ortega, Eliana Váquiro-Herrera, Alberto Enrique García Torres, Linibeth Cruz Baquero, Juan Carlos Villar
Fundación Cardioinfantil - Instituto de Cardiología

Antecedentes: La identificación de la progresión a cardiomiopatía chagásica en niños es infrecuente y poco se conoce sobre las alteraciones subclínicas tempranas, electrocardiográficas y funcionales.

Objetivo: Detectar alteraciones de la mecánica miocárdica según la deformidad (*strain*), mediante la ecocardiografía de rastreo de marcas (*speckle tracking*), y anomalías electrocardiográficas en niños con infección por *Trypanosoma cruzi* en Casanare, Colombia.

Materiales y métodos: Se identificó un grupo de menores de 18 años años seropositivos. Se hizo la valoración clínica, electrocardiográfica y ecocardiográfica, con posterior evaluación de la deformación (*strain*) longitudinal global (SLG) y segmentaria (SLS).

Resultados: Se evaluaron 17 niños asintomáticos de 34 identificados, con mediana de edad de 9 años (RIQ=6-11), 8 con tratamiento tripanocida previo y una mediana de tiempo del diagnóstico de 6 meses [RIQ=4-50]. Se encontraron 11 con anomalías electrocardiográficas, y el hallazgo más frecuente fue el bloqueo incompleto de la rama derecha (n=7), seguido por signos de sobrecarga ventricular (n=5). En el ecocardiograma realizado *in situ*, no se encontraron alteraciones, la media de la fracción de eyección del ventrículo izquierdo (FEVI) según el método de Simpson, fue de 60,7 % (DE=2,9). En contraste, la evaluación de la deformación (*strain*) mostró una FEVI menor del 55 % en cinco niños (FEVI media de 55,5 %; DE=3,9). Se evidenció alteración de la deformación longitudinal global en seis casos (media de -19,5 %, DE=-2.9, todos con anomalías electrocardiográficas) y de la longitudinal global en 13 (9 con anomalías electrocardiográficas). Los segmentos más frecuentemente comprometidos fueron el inferoseptal (n=9) y el inferolateral (n=4).

Conclusiones: Las alteraciones electrocardiográficas y funcionales fueron frecuentes en el grupo de estudio. La ecocardiografía de rastreo de marcas (*speckle tracking*) permite el reconocimiento de hallazgos subclínicos y podría constituirse en una herramienta para la detección temprana de cardiomiopatía en niños seropositivos, útil para orientar la estratificación y el abordaje de esta población.

Palabras clave: infección por *Trypanosoma cruzi*, cardiomiopatía chagásica, pediatría, ecocardiografía de rastreo de marcas (*speckle tracking*), deformación ventricular (*strain*)

P3-4. Prevalence of asymptomatic infection by *Plasmodium* spp. in Colombian military population

C. Oliveros¹, C. A. Correa-Cárdenas¹, M. C. Duque¹, F. D. L. S Ortiz¹, Y. Rivera¹, O. Cantillo-Barraza², M. T. Alvarado¹, Y. Romero¹, C. Méndez¹, J. Pérez¹, J. D. Ramírez³, L. I. Orjuela⁴, Z. Cucunubá⁵

¹ Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales del Ejército (GINETEJ), Laboratorio de Referencia e Investigación, Dirección de Sanidad Ejército, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas (BCEI), Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

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

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

⁵ Department of Clinical Epidemiology and Biostatistics, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia

Background: One of the main difficulties in consolidating malaria control programs lies in the incidence of asymptomatic infections in which people become reservoirs of the parasite without receiving any treatment. Military personnel represents a highly mobile population promoting transmission hotspots of *Plasmodium* spp. from endemic to non-endemic areas.

Methods: Cross-sectional study in which the stratified sampling (n=806) was estimated in the four departments (Antioquia, Chocó, Córdoba, and Nariño) with the highest prevalence of malaria. In order to define asymptomatic malaria parasite carriers (AMPC), microscopic diagnosis was made by means of peripheral blood smear and thick smear, serological diagnosis through rapid diagnostic tests (RDT) and molecular diagnosis by nested cPCR and qPCR. Additionally, to determine the associated risk history all the patients were interviewed with their respective informed consent.

Results: From 775 samples collected, three were positive by microscopy: two for *Plasmodium falciparum* (El Bagre and Chocó) and one for *P. vivax* (Carepa), while only one positive RDT for *P. falciparum* in Chocó. Molecular diagnosis confirmed the presence of *P. falciparum* into the last sample according to 18S marker (205bp) then verified by ssrRNA Sanger sequencing (1.200 bp). Consequently, the prevalence of *Plasmodium* spp. in AMPC was estimated in Carepa (0.56%), El Bagre (1.92%), and Chocó (0.57%).

Conclusions: The prevalence of asymptomatic infection by *Plasmodium* spp. from the departments of Antioquia and Chocó did not exceed 2 %. In all positive cases, previous episodes of malaria, patrolling and/or birth in endemic areas were identified as risk antecedents. The implications of these results are discussed.

Keywords: Asymptomatic malaria parasite carriers, *Plasmodium* spp., military personnel, molecular diagnosis, 18S

P3-10. Autoinmunidad y trombocitopenia durante la malaria por *Plasmodium vivax*

María Camila Velasco-Pareja¹, Marian Marcela Muskus^{1,2}, Miriam Cantero¹, María Fernanda Yasnot¹

¹ Grupo Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba, GIMBIC, Universidad de Córdoba, Programa de Bacteriología

² Programa de Maestría en Microbiología Tropical, Universidad de Córdoba

Antecedentes: La complicación hematológica es la más frecuente durante la malaria vivax, se caracteriza por disminución del recuento plaquetario y la hemoglobina. Una de las posibles causas es la presencia de autoanticuerpos dirigidos contra componentes de células sanguíneas, como la fosfatidilserina (FS), la cual se ha asociado de forma inversa con la hemoglobina en pacientes con malaria y anemia; se ha demostrado que, durante algunas infecciones, las plaquetas se activan y exponen fosfatidilserina, por lo que hipotetizamos que la autoinmunidad por anticuerpos anti-FS es uno de los mecanismos de generación de la trombocitopenia en la malaria vivax. El propósito de este estudio fue evaluar la autoinmunidad mediada por fosfatidilserina en pacientes con trombocitopenia y malaria por *P. vivax*.

Métodos: Es un estudio analítico y transversal, llevado a cabo entre 2017 y 2019 en Tierralta, Córdoba (Colombia). Se incluyeron 142 pacientes mono infectados por *P. vivax* con y sin trombocitopenia, y 60 individuos sanos. Para la detección de autoanticuerpos contra FS, se practicó un ELISA indirecto usando fosfatidilserina como antígeno y una citometría de flujo para evidenciar la exposición de fosfatidilserina en la membrana de las plaquetas, empleando Anexina V-FITC.

Resultados: Se evidenció aumento de los anticuerpos anti-FS en pacientes con malaria y trombocitopenia Vs. los individuos sanos y los pacientes con malaria sin trombocitopenia ($p < 0,05$). Se observó una correlación inversa entre los autoanticuerpos y el recuento plaquetario. Mediante citometría, se evidenció mayor exposición de fosfatidilserina en pacientes trombocitopénicos.

Conclusiones: La autoinmunidad contra FS expresada en las plaquetas, es una posible causa de trombocitopenia durante la malaria vivax.

Palabras clave: malaria, trombocitopenia, *Plasmodium vivax*

P2-10. Frecuencia de parasitosis intestinal en niños en edad escolar en tres municipios de Antioquia entre los años 2018 y 2022

Mary Luz Vélez Restrepo, Claudia Cuervo Araque, Ángela Gaviria

Grupo de investigación Biociencias, Facultad de Ciencias de la Salud, Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia, Medellín

Introducción: La parasitosis intestinal constituye un importante problema de salud pública en el mundo. En Colombia, es uno de los problemas que afecta especialmente a los niños en edad escolar, debido a las condiciones sanitarias e higiénicas.

Objetivo: Determinar la prevalencia de parasitosis intestinal en niños en edad escolar en varias instituciones educativas de Medellín.

Metodología: Es un estudio descriptivo en el cual se incluyeron 256 niños de ambos sexos en edad escolar, procesados en el laboratorio de la I.U. COLMAYOR del 2018 al 2022. Previo consentimiento informado, se evaluaron las muestras de heces fecales mediante examen coprológico e identificación morfológica en los aislamientos.

Resultados: Se analizaron 133 (52 %) mujeres y 123 (48 %) hombres; la edad promedio fue de $9 \pm 2,8$ años, con un rango entre 3 y 18 años. La frecuencia global de parásitos fue de 74,6 %, y el parásito más frecuente fue *Blastocystis* spp. (44,9 %), seguido de *Entamoeba histolytica* (27,3 %), *E. nana* (17,2 %), complejo *Entamoeba histolytica/dispar/moshkovskii/bangladeshí* (9 %), *Giardia* spp. (6,3 %), *Cryptosporidium* spp. (4,3 %), *E. hartmanii* (3,1 %), *E. coli* (2,3 %), *I. butschlii* () y Uncinarias sp. (0,4 %). De los lugares muestreados, se encontró que Jardín presentó el mayor porcentaje (39,1 %) de parasitosis intestinal, seguido de Blanquital (30,1 %) y Palmitas (21,5 %), y Andes presentó el menor porcentaje (9,4 %).

Conclusión: La frecuencia de parásitos encontrados en niños en edad escolar sigue siendo considerable, y se suma a la gran diversidad de parásitos. Se recomienda hacer énfasis en los hábitos de higiene y la calidad del agua; así como priorizar la implementación de un modelo de prevención de parasitosis en los municipios afectados.

Palabras clave: frecuencia, parásitos, intestinales, niños, edad escolar

P4-1. Resultados del comportamiento de la vigilancia por el laboratorio para la enfermedad de Chagas en Colombia, 2020-2021

Maryi Lorena Segura Alba, Liliana Jazmín Cortés Cortés, Angela Patricia Guerra Vega, Astrid Carolina Flórez Sánchez, Martha Stella Ayala Sotelo, Jessica Paola Bautista Silva

Epidemiología, Vigilancia y Control de Enfermedades Tropicales, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes: La enfermedad de Chagas es una parasitosis causada por *Trypanosoma cruzi*, endémica en 21 países. Se estima que afecta alrededor de 6 millones de personas, ocasiona problemas cardiacos, gastrointestinales e incluso muertes, origina un gran impacto social y económico, y la Organización Mundial de la Salud la clasifica como una enfermedad desatendida. Desde el Grupo de Parasitología de la Dirección de Redes en Salud Pública, se hace la vigilancia por laboratorio a nivel nacional, brindando apoyo a las direcciones territoriales de salud en la atención de los casos agudos y crónicos.

Objetivo: Determinar el comportamiento de la vigilancia del evento.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo de las actividades de la vigilancia por el laboratorio, enmarcadas en los exámenes parasitológicos directos, el diagnóstico molecular y el serológico.

Resultados: Se obtuvo un total de 1.310 muestras entre noviembre de 2020 y diciembre de 2021, de las cuales 184 correspondían a la fase aguda (7,06 % positivas) y 1.290 a la fase crónica (31,93 % positivas). Se recibieron 77 muestras para estudios moleculares: 22,07 % fueron positivas y, de ellas, 10,38 % correspondieron a humanos y 11,68 % a animales.

Conclusiones: El fortalecimiento de las actividades desarrolladas por el Laboratorio Nacional de Referencia, aumentó la capacidad para identificar casos agudos y crónicos a nivel nacional; en especial, en zonas endémicas del país, se evidenció un incremento notable en las muestras procesadas, impactando de manera favorable el diagnóstico oportuno y generando, por lo tanto, una atención rápida que mejoró la calidad de vida de los pacientes.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, vigilancia por laboratorio, fase aguda, fase crónica

P1-14. Ecoepidemiología de la leishmaniasis en el corregimiento de Flor del Monte, Ovejas, Sucre

Matilde E. Rivero Rodríguez, Suljey Cochero, July Beltrán, Luis Enrique Paternina, Eduar Elías Bejarano

Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre

Antecedentes: El municipio de Ovejas es un foco mixto de leishmaniasis; sin embargo, en el corregimiento de Flor del Monte no se habían reportado casos de leishmaniasis. Este escenario cambió y, durante este año, se han registrado casos de leishmaniasis cutánea, situación que generó el interés por el estudio ecoepidemiológico de la leishmaniasis en este corregimiento.

Métodos: Se realizó un estudio transversal y descriptivo en Flor del Monte, municipio de Ovejas; se instalaron trampas de tipo CDC para la recolección de vectores, durante tres noches consecutivas. Se recolectaron muestras de sangre de perros para hacer las pruebas rápidas. Se realizó detección molecular de *Leishmania* en insectos y perros.

Resultados (parciales): Hasta la fecha, se han procesado 517 insectos del género *Lutzomyia*, de los cuales 507 corresponden a *Lu. evansi* (98,07 %; IC_{95%} 0,9643-0,9900); 5 individuos de *Lu. cayennensis* (0,97 %; IC_{95%} 0,0035-0,0231); 4 individuos de *Lu. panamensis* (0,77 %; IC_{95%} 0,0023-0,0205) y 1 individuo de *Lu. gomezi* (0,19 %; IC_{95%} <0,0001-0,0120). De los 564 individuos analizados, 204 se encontraban alimentados con sangre (39,46 %; IC_{95%} 0,3534-0,4374). En cuanto a los perros, se usaron 50 pruebas rápidas, 4 de las cuales fueron positivas (8 %; IC_{95%} 0,0264-0,1935).

Conclusión: En el corregimiento de Flor del Monte, se encontraron elementos importantes para el establecimiento del ciclo de transmisión de *Leishmania*: *Lu. evansi*, principal vector de *L. infantum*, *Lu. panamensis* potencial vector de *L. panamensis* en la costa Caribe colombiana, un gran porcentaje de ellos alimentados con sangre; y perros positivos para *L. infantum*.

Palabras clave: leishmaniasis, ecoepidemiología, *Lutzomyia*, reservorio

P4-4. Infección por geohelminetos y *Plasmodium vivax* en escolares de una comunidad del sur del departamento de Córdoba

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, New York, NY, USA

Antecedentes: Las infecciones por geohelminetos y *Plasmodium vivax* representan una carga significativa para la salud de los niños en comunidades donde ocurren comúnmente, debido a la superposición geográfica de ambas. Ellas plantean importantes problemas de salud pública, relacionados con prevención y control principalmente.

Materiales y métodos: Se estudiaron 99 escolares de una comunidad del sur del departamento de Córdoba. Se recogieron muestras de heces para detectar infecciones por geohelminetos y su intensidad, utilizando la técnica Kato-Katz. La presencia y parasitemia por *P. vivax* se determinaron mediante gota gruesa y pruebas moleculares.

Resultados: Las prevalencias para *Ascaris lumbricoides*, *Trichuris trichiura*, *Uncinarias* y *P. vivax*, fueron de 15 % (IC_{95%} 7,9-22,0), 62 % (IC_{95%} 52,4-71,5), 14 % (IC_{95%} 7,1-20,8) y 61 % (IC_{95%} 51,3-70,6), respectivamente. El 27 % (IC_{95%} 18,2-35,7) de los escolares estaba coinfectado. Las intensidades de las infecciones por geohelminetos fueron: leve, 53 % (IC_{95%} 40,9-65,0), moderada, 61 % (IC_{95%} 49,2-72,7), y grave, 22,7 % (IC_{95%} 12,5-32,8). La mayoría de los escolares coinfectados tuvieron intensidad moderada, 89 % (IC_{95%} 77,1-100), seguida de la grave, 11,4 % (IC_{95%} 5,8-23,3), y la leve, 4 % (IC_{95%} 3,3-11,3). La parasitemia de *P. vivax* osciló entre 2.346 y 3.901 parásitos/μl.

Conclusiones: La coinfección por geohelminetos y *P. vivax* fue moderada en los escolares estudiados. La prevalencia de infecciones únicas por *T. trichiura* y *P. vivax* fue grande. Se evidencia la necesidad de reforzar las medidas de prevención y control de estas parasitosis.

Palabras clave: geohelminetos, *Plasmodium vivax*, coinfección, escolares

P3-5. Identificación de los hábitos dietéticos de *Anopheles darlingi* mediante secuenciación de nueva generación

Milena Camargo^{1,2}, Laura Vega², Claudia Marina Muñoz², Juan David Ramírez^{2,3}, Manuel Alfonso Patarroyo^{1,3,4}

¹Departamento de Biología Molecular e Inmunología, Fundación Instituto de Inmunología de Colombia (FIDIC)

²Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología-UR (CIMBIUR), Universidad del Rosario

³Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

⁴Health Sciences Division, Main Campus, Universidad Santo Tomás, Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes: *Anopheles darlingi* es el principal vector de la malaria; en muchas regiones como el Amazonas colombiano, esta enfermedad es causada por miembros del género *Plasmodium* spp. Estos vectores se han adaptado a diversidad de hábitos dietarios, lo que puede impactar en la distribución y las dinámicas de transmisión parasitaria.

Objetivo: Identificar las fuentes de alimentación de *A. darlingi* proveniente de dos comunidades indígenas del Amazonas colombiano.

Materiales y métodos: Se practicó la secuenciación de siguiente generación dirigida al gen mitocondrial *12S*. Los análisis bioinformáticos con BLASTn permitieron conocer la especie de mamífero o ave de la que se alimenta el vector.

Resultados: Un total de 252 muestras se organizaron en grupos de dos muestras cada uno, con el fin de obtener una mayor concentración de ADN, requerida para el proceso de secuenciación metagenómica.

Conclusiones: Las estrategias propuestas en este trabajo han sido clave para dilucidar las dinámicas de transmisión de otras enfermedades transmitidas por vectores. De esta forma, el uso de secuenciación de nueva generación para el análisis de las especies de vertebrados que pueden ser fuente de alimento para los vectores, el subsecuente análisis de la diversidad del parásitos que pueden ser transportado por éstos, junto con la definición de las posibles interacciones entre estas variables, revelaron que estas enfermedades pueden involucrar ciclos de infección alternos entre especies de vectores antes poco estudiadas y huéspedes vertebrados; de esta manera, además del hombre, cobran importancia animales domésticos y silvestres.

Palabras clave: malaria, hábitos dietarios, *Anopheles darlingi*, *Plasmodium* spp., secuenciación de nueva generación

P3-11. Importancia del fibrinógeno y la proteína C reactiva en malaria complicada por *Plasmodium vivax*

Miriam E. Cantero Guevara¹, María C. Velasco Pareja², Lewis D. Mass Fuentes³, Melva R. Pinto⁴, María F. Yasnot Acosta⁵

¹ Facultad de Ciencias Básicas, Departamento de Química y Departamento de Bacteriología; investigador, Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba

² Facultad de Ciencias de la Salud, Departamento de Bacteriología; Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba

³ Facultad de Ciencias de la Salud, Departamento de Bacteriología

⁴ Facultad de Ciencias de la Salud, Departamento de Bacteriología

⁵ Facultad de Ciencias de la Salud. Departamento de Bacteriología; director, Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba

Antecedentes: La malaria o paludismo representa una tasa considerable de mortalidad y morbilidad. Su complicación representa una gran amenaza para la salud pública. La reacción fisiopatológica de los individuos a la malaria es muy variable. *Plasmodium vivax* es el agente etiológico causal de la malaria con mayor distribución en el mundo. En el estudio se investigaron las alteraciones de los valores de fibrinógeno, proteína C reactiva (PCR) e interleucina 6, en pacientes infectados por *P. vivax*.

Materiales y métodos: Esta investigación fue descriptiva y analítica, de tipo transversal; en ella participaron cuarenta pacientes infectados con *Plasmodium vivax* y veinte individuos aparentemente sanos del municipio de Tierralta, Córdoba (Colombia). La concentración de fibrinógeno y la de interleucina 6 se determinaron por ELISA y la proteína C reactiva se determinó por aglutinación de látex en placas de microtitulación. Se practicaron gotas gruesas teñidas con Giemsa para identificar *P. vivax* y calcular la densidad de parásitos.

Resultados: La concentración de fibrinógeno aumentó significativamente ($p < 0,05$) en la malaria complicada ($4,74 \pm 7,10$ mg/dl) con respecto al grupo control ($2,4 \pm 3,4$ mg/dl). La densidad de parásitos mostró una correlación positiva débil entre el fibrinógeno y la PCR ($p < 0,05$; $r = 0,595$). La PCR aumentó significativamente ($p < 0,05$) en la malaria complicada ($39,99 \pm 276$ mg/ml) con relación al grupo control ($4,65 \pm 12,04$ mg/ml), y la interleucina 6 también aumentó significativamente ($p < 0,05$) en la malaria complicada.

Conclusión: La infección por *P. vivax* mostró un impacto significativo sobre el fibrinógeno, la PCR y la interleucina 6.

Palabras clave: fibrinógeno, proteína C reactiva, *Plasmodium vivax*, malaria

P1-13. Inmunodetección de macrófagos CD68+/CD163+ y antígenos virales de SARS-CoV-2 en el tejido pulmonar de un paciente con COVID-19

Sheryll Corchuelo¹, Jorge Rivera¹, Julián Naizaque¹, Claudia Gómez¹, Edgar Parra², Eugenio Meek², Marcela Mercado³, Orlando Torres-Fernández⁴

¹Grupo de Morfología Celular, Dirección de Investigación en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

²Grupo de Patología, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

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

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

Antecedentes: La COVID-19 afecta principalmente al sistema respiratorio. Se ha sugerido que estos pacientes desarrollan un síndrome inflamatorio mediado, posiblemente, por monocitos y macrófagos. Sin embargo, las manifestaciones histopatológicas causadas por el SARS-CoV-2 aún son objeto de investigación. En este contexto, se examinó la localización de macrófagos (CD68 y CD163) y antígenos de SARS-CoV-2 en el pulmón de un paciente infectado con este virus pandémico.

Materiales y métodos: Se evaluó la presencia de SARS-CoV-2 a partir cortes histológicos; para esto, se practicó extracción de ARN total y detección mediante PCR en tiempo real. Se obtuvieron cortes histológicos de 4 µm para colorearlos con hematoxilina y eosina, y para localizar simultáneamente macrófagos (CD68 y CD163) y antígenos virales de SARS-CoV-2 por inmunofluorescencia.

Resultados: Se confirmó la presencia de ARN de SARS-CoV-2 en el tejido pulmonar. Los antígenos virales de SARS-CoV-2 se observaron principalmente en el citoplasma de células ubicadas en el espacio intraalveolar, posiblemente asociado a la neumonitis aguda exudativa observada. Además, los macrófagos CD68/CD163+ fueron más abundantes en los tabiques interalveolares. Se confirmó la presencia de macrófagos infectados, al observar localización simultánea entre CD68 y antígenos de SARS-CoV-2.

Conclusiones: Se observaron macrófagos SARS-CoV-2 + en el tejido pulmonar de un paciente fallecido por COVID-19. Además, se observaron abundantes antígenos virales SARS-CoV-2 en células del espacio alveolar. Estos hallazgos resaltan la importancia de los macrófagos para la defensa, inflamación y reparación de los tejidos afectados por SARS-CoV-2, así como la importancia de la inmunodetección para confirmar la infección en casos fatales.

Palabras clave: SARS-CoV-2, macrófagos, tejido pulmonar, inmunofluorescencia

P1-6. Differential survival of *Leishmania (V.) panamensis* in pro-inflammatory and anti-inflammatory monocyte derived human macrophages

Paola Gómez¹, Laura Rodríguez¹, Andrea Sánchez^{1,2}, Olga Lucía Fernández^{1,2}, María Colmenares³, Nancy Gore Saravia^{1,2}

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

² Universidad Icesi, Cali, Colombia

³ Centro de Investigaciones Biológicas, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Madrid, España

Introduction: Macrophages activated by the classical pathway in response to pro-inflammatory stimuli have been referred to as M1, whereas those activated by the alternative pathway with anti-inflammatory functions as M2. Previous studies have shown that M2 macrophages can generate a survival niche that contributes to chronic infections induced by *Leishmania donovani* and *L. major*.

Objective: To evaluate the intracellular survival of *L. (V.) panamensis*, in three polarization states of macrophages: M1, M2 and an intermediate state cultured in the presence of 20% FBS without differentiation factors.

Materials and methods: Monocytes from healthy donors were differentiated in culture with RPMI 20% FBS or stimulated with GM-CSF or M-CSF in RPMI 10% FBS for 7 days, to M1 or M2 phenotypes, respectively. Macrophages were infected with promastigotes and incubated for 24 hours. LPS (10 ng/ml) was used as a positive control of macrophage activation. Intracellular parasite survival was determined by luminometry, and the cytokine secretion was measured by ELISA. **Results:** Parasite survival of luc transfected *L. (V.) panamensis* revealed significantly higher survival in M2 macrophages compared to M1 macrophages ($P \leq 0.0001$), and intermediate survival in the 20% FBS differentiated macrophages. Cytokine secretion confirmed the M1 or M2 profile for differentiation promoted by GM-CSF or M-CSF, respectively, and a mixed cytokine profile of M1 and M2 was secreted by macrophages differentiated in 20% FBS.

Conclusion: These results suggest that M2 macrophages can provide a survival niche for *L. (V.) panamensis*. We are currently evaluating the differential survival of *L. (V.) panamensis* in pro-inflammatory and anti-inflammatory monocyte derived human macrophages.

Key words: *Leishmania (V.) panamensis*, pro-inflammatory, anti-inflammatory, macrophages, polarization

P2-7. Evaluación *in vitro* de la actividad antihelmíntica de extractos metanólicos de *Guazuma ulmifolia* frente a nematodos *Cyathostominae*

Paula Andrea Castro Martínez¹, Jorge Alexander León González¹, Danny Wilson Sanjuanelo Corredor²

¹ Laboratorio de Parasitología Veterinaria, Facultad Ciencias Agropecuarias, Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales, U.D.C.A.

² Facultad Ciencias Básicas, Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales, U.D.C.A.

Introducción: Dado al impacto ambiental que ocasiona el uso indiscriminado de antihelmínticos convencionales, en la actualidad se exploran alternativas botánicas. Una de estas alternativas es desarrollar biocidas que actúen sobre el primer estadio que contamina el ambiente.

Objetivo: Evaluar el efecto antieclusión de los extractos metanólicos de corteza y hoja de *Guazuma ulmifolia*.

Materiales y métodos: Se desarrolló la prueba *in vitro* de inhibición de la eclosión de huevos de nematodos, recomendada por la Asociación Mundial para el Avance de la Parasitología Veterinaria. En esta prueba se evaluaron concentraciones de 1.000, 500 y 250 µg/ml de los dos extractos, un control negativo (dimetil sulfóxido) y dos controles positivos (fenbendazol y lugol), contra nematodos de la subfamilia *Cyathostominae* como modelo biológico. Para el análisis estadístico, se utilizaron las pruebas de Shapiro-Wilk y Levene, anova y la Duncan.

Resultados: Se encontró que todas las concentraciones de los diferentes extractos, así como las de los dos controles positivos, presentaron diferencia significativa frente al control negativo. La inhibición media de la eclosión de huevos usando corteza y hoja, respectivamente, fue de 49,73 y 45,22 % en la concentración de 1.000 µg/ml, de 61,93 % y 59,20 % en la concentración de 500 µg/ml, y de 75,60 % y 75,82 % en las concentraciones de 250 µg/ml. Igualmente, se identificó que todas las concentraciones arrojaron inhibiciones medias con valores estadísticamente semejantes, evidenciando similar actividad frente a la inhibición de la eclosión de huevos.

Conclusión: Los extractos metanólicos de la corteza y la hoja de *G. ulmifolia*, mostraron efecto antieclusión contra nematodos *Cyathostominae*, en las concentraciones evaluadas.

Palabras clave: antinematodos, Strongyloidea, extractos vegetales

P4-6. Evaluación de la sensibilidad a organofosforados en poblaciones de *Aedes aegypti* (Díptera: Culicidae) del departamento de La Guajira (Colombia)

Ronald Maestre-Serrano¹, Zulibeth Flórez-Rivadeneira^{1,2}, Juan Miguel Castro-Camacho¹, Linda Ochoa-Bohórquez¹, Doris Gómez-Camargo³, Paula Pareja-Loaiza⁴, Gustavo Ponce-García⁵, Adriana E. Flores⁵

¹ Universidad Libre, seccional Barranquilla, Facultad de Ciencias de la Salud, Barranquilla, Atlántico, Colombia

² Gobernación de La Guajira, Secretaría de Salud Departamental, Riohacha, La Guajira, Colombia

³ Universidad de Cartagena, Facultad de Medicina, sede Zaragocilla, Cartagena de Indias (Bolívar), Colombia

⁴ Universidad Simón Bolívar, Facultad de Ciencias de la Salud, Barranquilla (Atlántico), Colombia

⁵ Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Biológicas, San Nicolas de los Garza, NL, México

Antecedentes: El dengue es un problema de salud pública para el departamento de La Guajira. Para su control, se han usado insecticidas piretroides y organofosforados. En el presente estudio se evaluó el estado de la sensibilidad a organofosforados en quince poblaciones de *Aedes aegypti* en el departamento de La Guajira (Colombia).

Materiales y métodos: Se realizaron bioensayos para temefos, malatión y metil-pirimifos en larvas de tercer estadio y mosquitos de *Ae. aegypti*, en los municipios de Albania, Barrancas, Dibulla, Distracción, El Molino, Fonseca, Hatonuevo, La Jagua del Pilar, Maicao, Manaure, Riohacha, San Juan del Cesar, Uribia, Urumita y Villanueva, siguiendo la metodología de la Organización Mundial de la Salud (OMS) y de los Centros para el Control y la Prevención de enfermedades (CDC), respectivamente. Se determinó la sensibilidad por medio de; razón de la resistencia a CL₅₀ para temefos; dosis y tiempo diagnóstico para temefos, malatión y metil-pirimifos en las poblaciones de campo evaluadas, usando como control la cepa Rockefeller.

Resultados: Las poblaciones evaluadas se encontraron sensibles a temefos (RRCL50-5,0; 98-100 % de mortalidad); metil-pirimifos (99-100 % de mortalidad) y malatión (100 % de mortalidad).

Conclusiones: Se recomienda el uso de temefos, malatión y metil-pirimifos para el control del dengue en las poblaciones evaluadas de *Ae. aegypti*.

Palabras clave: organofosforados, resistencia a insecticidas, *Aedes aegypti*, Colombia

P1-1. Especies del género *Lutzomyia* (Diptera: Psychodidae) en áreas de transmisión de leishmaniasis cutánea del departamento del Cesar, Colombia

Suljey Cochero Bustamante^{1,2}, Matilde Rivero Rodríguez¹, Luis Paternina Tuirán¹, Elis Contreras¹, Hugo Soto Lacouture³, Eduar Bejarano Martínez¹

¹ Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre

² Universidad de Cartagena

³ Secretaría de Salud del Cesar

Antecedentes: Los insectos del género *Lutzomyia* tienen gran importancia en salud pública como vectores de parásitos, bacterias y virus, que infectan a diversos vertebrados. En el presente trabajo se actualiza el inventario de especies del género *Lutzomyia* en distintas localidades del departamento del Cesar.

Métodos: Los ejemplares se recolectaron mediante trampas de luz de tipo CDC, instaladas en el interior de las viviendas y sus alrededores, y la búsqueda fue en sitios de reposo y capturas mientras intentaban picar a los recolectores. Se realizaron montajes permanentes utilizando bálsamo de Canadá.

Resultados: A la fecha, se han identificado 1.240 flebotómíneos (800 hembras y 440 machos) pertenecientes a los géneros *Lutzomyia* y *Brumptomyia*, distribuidos en tres localidades. En la vereda Murillo, Valledupar, se registró la presencia de *Lutzomyia evansi*, *Lu. gomezi*, *Lu. trinidadensis*, *Lu. punctigeniculata*, *Lu. shannoni*, *Lu. rangeliana*, *Lu. dubitans*, *Lu. c. cayennensis* y *Lu. venezuelensis*; en Hoyo Caliente, Codazzi, se identificó *Lu. nuneztovari*, *Lu. trinidadensis*, *Lu. sp.* (series townsendi), *Helcocyrtomyia sp.* y *Brumptomyia sp.*; y en el corregimiento de Chemesquemena, Valledupar, se detectó *Lu. sp.* (series townsendi).

Conclusiones: Se amplía la distribución geográfica de especies del género *Lutzomyia* en el departamento del Cesar. Entre los flebotómíneos capturados, se resalta la importancia del grupo *verrucarum*, vectores confirmados de especies de *Leishmania* spp. causantes de leishmaniasis cutánea, mucocutánea y visceral.

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

P4-7. Análisis de la metaciclologénesis de *Trypanosoma cruzi* en diferentes unidades discretas de tipificación

Tatiana Marcela Cáceres Bernal¹, Lissa Cruz Saavedra¹, Juan David Ramírez^{1,2}

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

² Icahn School of Medicine at Mount Sinai

Introducción: *Trypanosoma cruzi* presenta una amplia variabilidad genética; es por ello que esta especie se ha dividido en subgrupos, identificados por marcadores moleculares, genéticos e inmunológicos. Durante el proceso de metaciclologénesis, los epimastigotes no infecciosos se convierten en tripomastigotes metacíclicos infecciosos. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue determinar si se presentan diferencias en el tiempo necesario para alcanzar el punto máximo de metaciclologénesis en cultivos de diferentes unidades discretas de tipificación (DTU).

Métodos: Se cultivaron las cepas TcI(DA/MG), TcII(Y), TcIII(845), TcIV(85) y TcVI(Tulahuen), y tres réplicas biológicas en medio LIT con suplemento de suero fetal bovino, propiciando condiciones de estrés nutricional que den lugar a la metaciclologénesis.

Resultados: El punto de inicio de la metaciclologénesis para DA se encontró en el día 3, MG (4), TcII (6), TcII, TcIV(3) y TcVI (4). Entre las cepas de la DTU TcI, se encontraron diferencias estadísticamente significativas desde el día 5. Sin embargo, el número de MT fue superior en MG con respecto a DA (52'000.000 MT/9'000.000 MT). Por otra parte, la cepa que presentó una menor cantidad de MT fue TcIV. Los datos siguen una distribución normal y, en el análisis ANOVA de dos vías, se encontraron diferencias estadísticamente significativas con un valor $p < 0,0001$ para la cantidad de tripomastigotes metacíclicos en función de la cepa/día.

Conclusión: La cepa que presentó una mayor eficiencia en el proceso de metaciclologénesis, fue la cepa MG, lo cual demuestra que existen diferencias, no solo entre las DTU, sino además, entre cepas de la misma DTU, lo cual podría relacionarse con circulación y transmisión de la misma.

Palabras clave: *Trypanosoma cruzi*, metaciclologénesis, unidades discretas de tipificación

P2-1. Diagnóstico de hemoparásitos en perros en la ciudad de Valledupar, Cesar, Colombia

Stefanny Juliet Quintero Plata¹, Mercy Luz Monroy Quevedo², Patricia Herrera Demares², Augusto Torres Jiménez³, Víctor Gerardo Petro Hernández⁴

¹ Qvet Bienestar Animal Laboratorio de Diagnóstico Veterinario

² Universidad Popular del Cesar

³ Grupo de Investigación CINBIOS, Universidad Popular del Cesar

⁴ Universidad de Santander, Facultad de Ciencias Exactas, Naturales y Agropecuarias, Programa de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Campus Valledupar, Grupo de Investigación CIENCIAUDES

Antecedentes: Los perros pueden sufrir enfermedades como las hemoparásitosis, que son transmitidas por algunos vectores, produciendo en los animales anemia y la muerte.

Objetivo: Con el objetivo de diagnosticar infecciones causadas por hemoparásitos en perros, se evaluaron pacientes de ocho centros veterinarios de la ciudad de Valledupar.

Metodología: Se analizaron 288 muestras de sangre de perros de diferentes edades, sexo y raza.

Resultados: Las muestras se procesaron mediante la técnica de capa blanca, obteniendo así un 32,64 % de animales positivos a hemoparásitos. La frecuencia estuvo marcada con *Ehrlichia* sp. (41,49 seguido de *Anaplasma platys* (23,40 %), *Hepatozoon canis* (17,02 %), *Babesia* sp. (6,38 %), *Plasmodium* sp. (1,06 %) y casos de multiparasitismo (10,64 %), estando *Ehrlichia* sp. vinculada en la mayoría de estos. No se encontraron diferencias entre la prevalencia y el sexo, pero sí con la edad: en animales adultos ,es más alta (77,66 %) en comparación con los cachorros (22,34 %). En cuanto a los animales positivos para hemoparásitos, se observó que solo el 20,21 % presentó anemia, así como también animales negativos para hemoparásitos que presentaron anemia (20,62 %).

Conclusión: Con lo anterior, se deduce que las muestras de perros remitidas por los centros veterinarios para el diagnóstico de hemoparásitos evidencian la presencia de estos agentes, en lo que influyen la edad y la ubicación geográfica en la ciudad. El cuadro clínico de anemia no es un indicio de que el animal esté afectado por hemoparásitos, ya que los animales pueden ser asintomáticos o presentar signos de anemia por otras causas.

Palabras clave: *Ehrlichia* sp., *Hepatozoon canis*, *Anaplasma platys*, *Babesia* sp., capa blanca

P1-11. Perfil de citocinas y quimiocinas en pacientes hospitalizados por leptospirosis en una zona tropical, Córdoba, Colombia

Virginia Rodríguez, Alfonso Calderón, Ana María Castro, Luis Ferney Urango, María Camila Velasco, Mayra Raciny, María Fernanda Yasnot

Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba (GIMBIC), Programa de Bacteriología, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad de Córdoba

Antecedentes: La leptospirosis es la enfermedad bacteriana zoonótica emergente de mayor distribución mundial, con gran incidencia en zonas pobres tropicales. La reacción inflamatoria de citocinas y quimiocinas causada por la infección, puede estar asociada con la gravedad de la enfermedad y la muerte de los pacientes.

Objetivo: El propósito de este estudio fue determinar el efecto de la infección por *Leptospira* sp. sobre la reacción de citocinas/quimiocinas en pacientes hospitalizados.

Metodología: Se estudiaron 24 pacientes hospitalizados con diagnóstico de leptospirosis. Las muestras se tomaron en los días 1 (grupo L1) y 7 (grupo L2). El diagnóstico de leptospirosis fue realizado por la técnica de microaglutinación (MAT) y se confirmó por PCR. La concentración plasmática de citocinas (IL1beta, TNF, INFy, IL2, IL4, IL6, IL12, IL7A, IL10, TGFbeta) y quimiocinas (CXCL8/IL8, CCL2/MCP1, CXCL10/IP10), se determinó por citometría de flujo.

Resultados: Se observó que la citocina proinflamatoria IL6 ($p=0,0037$) presentó diferencia significativa, encontrándose elevada en el grupo L1. La citocina antiinflamatoria que presentó una diferencia significativa fue TGF β ($p=0,0421$) entre los grupos L1 y L2, observándose el incremento en el L2. La CXCL8 ($p=0,0181$) y la CXCL10 ($p=0,0005$), presentaron diferencia significativa, con un incremento en el grupo L1.

Conclusiones: Los hallazgos sugieren que la infección por *Leptospira* sp. induce la reacción de las moléculas IL6, CXCL8 y el CXCL10, las cuales, al parecer, tienen un papel importante en la presentación clínica de la enfermedad y el TGF-beta cumple el papel de molécula reguladora. Estas moléculas pueden ser biomarcadores en la evolución clínica de la leptospirosis.

Palabras clave: leptospirosis, citocinas, quimiocinas, biomarcador

P4-8. Distribución espacial y temporal de la infestación por *Aedes aegypti* y dengue en dos municipios del Urabá antioqueño

Wilber Adolfo Gómez-Vargas¹, Paola Astrid Ríos-Tapias¹, Santiago Alberto Morales Mesa², Katerine Marín-Velásquez¹, Luisa Consuelo Rubiano-Perea¹, Margarita Arboleda-Naranjo¹

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

² Universidad CES, Facultad de Psicología, Medellín, Colombia

Antecedentes: La elevada infestación de las poblaciones de *Aedes aegypti* en Urabá, Antioquia, representa un factor de riesgo para el aumento de la morbimortalidad del dengue en los últimos años. El objetivo es describir la distribución espacial y temporal de *Ae. aegypti* y la ocurrencia de dengue en los municipios de Apartadó y Turbo, Antioquia, 2021-2022.

Métodos: Se hizo una encuesta entomológica en 201 viviendas seleccionadas al azar, cada tres meses, en los barrios Serranía de Apartadó, y 24 de diciembre y 29 de noviembre del corregimiento de Nueva Colonia en Turbo; se inspeccionaron criaderos y se capturaron hembras de *Ae. aegypti* en el interior de las viviendas. Se calcularon los índices de vivienda, depósitos, Breteau y de adultos, y se utilizó el estimador de densidad de Kernel para identificar las áreas con mayor presencia del vector. La información epidemiológica se obtuvo de los registros del Sistema de Vigilancia en Salud Pública (Sivigila) de las secretarías de salud de los dos municipios.

Resultados: Los índices de Breteau para los barrios Serranía, 24 de diciembre y 29 de noviembre, fueron de 22 %, 80 % y 94 %, respectivamente. Se notificaron 38 casos de dengue en el barrio Serranía, siete casos en el barrio 24 de diciembre y tres en el barrio 29 de noviembre.

Conclusión: La descripción de la correlación de áreas con mayores densidades de criaderos y adultos del vector *Ae. aegypti* con la ocurrencia de dengue, puede contribuir a orientar acciones de control, indicando las agrupaciones espaciales de mayor incidencia en áreas endémicas.

Palabras clave: *Aedes aegypti*, dengue, distribución, índices aélicos, Kernel, Urabá

P2-13. Actividad anti-*Trypanosoma cruzi* de extractos vegetales de *Heliotropium indicum* en laboratorio

Yeimy Alejandra Sanabria Martínez, Yuly Elien Bernal Rosas, Orlando Alfredo Torres García
Universidad Antonio Nariño

Antecedentes: Las enfermedades tropicales desatendidas afectan a más de mil millones de personas, y con mayor prevalencia en lugares donde se tiene contacto directo con vectores o animales. Entre las enfermedades más relevantes, se encuentra la de Chagas, infección causada por el parásito *Trypanosoma cruzi*. Para el tratamiento de esta enfermedad, se cuenta con nifurtimox y benznidazol, que son administrados bajo supervisión médica por los efectos secundarios que producen. La planta colombiana *Heliotropium indicum* contiene gran cantidad de fitoquímicos, incluidos alcaloides de pirrolizidina, indicina, equinitina, supinina, heleurina, heliotrina, lasiocarpina, acetil indicina, indicinina, indicina N-óxido, cinoglosina, europina N-óxido, heleurina N-óxido y aminas. Se consideran los principales constituyentes bioactivos, y sus efectos citotóxicos se deben principalmente a la acción del alcaloide de pirrolizidina: N-óxido de indicina, que altera el ensamblaje de tubulina en microtúbulos e induce daño en el ADN.

Objetivo: El objetivo es evaluar extractos de *H. indicum* para la búsqueda de compuestos para controlar *T. cruzi*.

Métodos: Mediante estudios de viabilidad, se medirá el efecto antiparasitario de las fracciones, se evaluará microscópicamente el daño en el parásito y se valorará el porcentaje posinfección.

Resultados: A la fecha, se cuenta con el cultivo ampliado de epimastigotes y tripomastigotes de *T. cruzi*, se realizaron pruebas de citotoxicidad en células Vero y se han realizado estudios preliminares sobre el efecto inhibitorio de los tripanosomas, con resultados prometedores.

Conclusiones: Se espera encontrar actividad tripanocida o tripanostática que permita contribuir en los estudios para el control de la enfermedad de Chagas.

Palabras clave: *Trypanosoma cruzi*, *Heliotropium indicum*, citotóxico, extractos vegetales.

P4-9. Distribución histórica, actual y potencial en condiciones de cambio climático de los mosquitos *Aedes aegypti* y *Aedes albopictus* en Colombia

Yewel Vanessa Sánchez Tinjacá¹, Camila González Rosas¹, María Cristina Carrasquilla Ferro¹, Patricia Fuya Oviedo², Johan Manuel Calderón Rodríguez^{1,3}

¹ Universidad de los Andes

² Instituto Nacional de Salud, Grupo de Entomología

³ Grupo de investigación aplicada en el Jardín Botánico de Bogotá

Antecedentes: Los mosquitos *Aedes aegypti* y *Aedes albopictus* son los vectores de los virus de dengue, del Zika y chikunguña. Los factores climáticos son determinantes en su distribución, por lo tanto, el cambio climático puede afectar potencialmente sus áreas de distribución.

Objetivo: El objetivo de este trabajo consistió en determinar la distribución histórica, potencial, actual y a futuro, de ambos vectores en condiciones de cambio climático en Colombia para los años 2050 y 2070.

Métodos: Se construyeron modelos de nicho para evaluar la distribución potencial actual de *Ae. aegypti* y *Ae. albopictus* en Colombia, y su distribución a futuro en condiciones de cambio climático, utilizando los RCP 2.6, 4.5 y 8.5. Se utilizaron las coberturas climáticas del Chelsa. Además, se determinó la distribución histórica de ambos vectores.

Resultados: Ambos vectores proyectan un aumento en las áreas de distribución potencial en regiones bajas. Para la especie *Ae. aegypti*, parece aumentar el número de regiones altas con idoneidad de hábitat para su establecimiento. *Aedes albopictus* se ha reportado en el 47 % de los departamentos del país, resultado del aumento en su distribución principalmente en los últimos 10 años, en comparación con *Ae. aegypti*, que se encuentra actualmente en todos los departamentos de Colombia.

Conclusiones: Es previsible que *Aedes albopictus* continúe expandiéndose por todo el territorio colombiano, representando un riesgo inminente en salud pública por el paso de arbovirus del ciclo silvestre al urbano. Es necesario implementar medidas de mitigación para reducir el impacto antropogénico en áreas de mayor vulnerabilidad.

Palabras clave: modelos de nicho, distribución, cambio climático, Colombia, *Aedes albopictus*, *Aedes aegypti*

P3-7. Metaanálisis de la validez diagnóstica de la gota gruesa en comparación con PCR, para malaria asociada al embarazo, 2010-2022

Roxana Gómez-Hoyos¹, Jaiberth Antonio Cardona-Arias¹, Luis Felipe Higuera Gutiérrez², Walter Salas-Zapata¹, Jaime Carmona-Fonseca³

¹ Universidad de Antioquia

² Universidad Cooperativa de Colombia

³ Grupo Salud y Comunidad César Uribe Piedrahíta, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia

Antecedentes: En la literatura científica mundial se dispone de pocos estudios sobre la validez diagnóstica de la gota gruesa frente a la PCR, para la malaria asociada al embarazo.

Materiales y métodos: Se realizó un metaanálisis de efectos aleatorios. Se evaluó la calidad con QUADAS y se estimó sensibilidad, especificidad, cocientes de probabilidad, OR diagnóstica y curva ROC. Se determinó la heterogeneidad con Der Simonian-Laird y, la incertidumbre, con el porcentaje de peso de cada estudio sobre el resultado global.

Resultados: Se incluyeron 10 estudios con 5.691 gestantes, 1.415 placentas y 84 neonatos. Al usar nPCR o qPCR como estándar, se obtienen resultados de validez diagnóstica estadísticamente similares, con sensibilidad muy baja (50 % y 54 %, respectivamente), excelente especificidad (99 % en ambos casos), excelente cociente de probabilidad positivo y negativo; la OR diagnóstica fue mayor de 100.

Conclusiones: Mediante un protocolo exhaustivo, se demostró el poco desarrollo de investigaciones sobre la validez diagnóstica de la gota gruesa en malaria asociada con el embarazo, sin un número adecuado de estudios en este campo para la malaria placentaria y congénita.

Se demostró que la microscopía tiene un desempeño deficiente para el diagnóstico de infecciones asintomáticas o con baja parasitemia, lo que afianza la importancia de implementar otro tipo de técnicas en el seguimiento y control de las infecciones por malaria en las mujeres gestantes, con el fin de lograr el control y la posible eliminación de la malaria asociada con el embarazo.

Palabras clave: gota gruesa, PCR, malaria, embarazo, validez diagnóstico

P1-9. Control de vectores, investigación y vigilancia de enfermedades transmitidas por vectores: perspectivas desde la Orinoquía colombiana

Gloria Isabel Jaramillo¹, Maria Claudelle Tacugue², Grace M. Power^{2,4}, Rimsha Qureshi², Frederik Seelig^{2,3}, Juliana Quintero^{2,5}, James G. Logan², Robert T Jones^{2,3}

¹ School of Medicine, Universidad Cooperativa de Colombia, Villavicencio, Colombia

² Department of Disease Control, London School of Hygiene & Tropical Medicine, Keppel Street, London, UK

³ Global Vector Hub, London School of Hygiene & Tropical Medicine, Keppel Street, London, UK

⁴ MRC Integrative Epidemiology Unit, Population Health Sciences, Bristol Medical School, University of Bristol, United Kingdom

⁵ Division of Population Health and Internal Medicine, Fundación Santa Fe de Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes: Colombia tiene condiciones favorables para la circulación de la mayoría de enfermedades transmitidas por vectores (ETV). Se han establecido protocolos para abordar las amenazas de estas enfermedades. Infortunadamente, casi toda la población podría contraer alguna de ellas, las cuales se acentúan con los problemas socioeconómicos, políticos y culturales.

Objetivo: Caracterizar las percepciones y las experiencias particulares de expertos en el control de vectores y las ETV en la Orinoquía colombiana.

Materiales y métodos: Se realizaron dos paneles de discusión y 12 entrevistas semiestructuradas con expertos en el control de vectores; participó personal del Instituto Nacional de Salud, y de las secretarías de salud del Meta, Guaviare y Vichada, investigadores y empresas privadas. Las sesiones se llevaron a cabo en español o inglés en agosto y octubre de 2019. Las sesiones fueron grabadas, transcritas y traducidas digitalmente. Las transcripciones se sometieron a análisis cualitativo temático.

Resultados: Surgieron tres temas principales: participación, limitaciones y recomendaciones, los cuales se dividieron en subtemas. Los participantes están muy comprometidos con la vigilancia de las ETV, y la educación e investigación sobre el control de vectores. Las perspectivas se centraron en los esfuerzos desarticulados entre las secretarías de salud, el ministerio de salud y la comunidad, además de la falta de recursos para el control de vectores en estos departamentos.

Conclusiones: Los hallazgos brindan una valiosa comprensión de las percepciones y experiencias del control de vectores y ETV en la Orinoquía. Hay una necesidad de mayor colaboración, distribución más equilibrada de recursos y mayor compromiso con las comunidades vulnerables.

Palabras clave: análisis cualitativo, control vectorial, enfermedades transmitidas por vectores, salud pública, vigilancia

P4-12. Impacto de los determinantes sociales de la enfermedad de Chagas en una comunidad indígena wiwa en la Sierra Nevada de Santa Marta

Andrés J. Aristizábal, Hugo Luis Sánchez, María Teresa Mojica-Ortiz
Grupo de Investigación en Medicina Tropical – CIMET, Universidad del Magdalena

Antecedentes: Las inequidades en determinantes sociales, como la economía del hogar, condiciones de vivienda, desplazamiento, atención médica y barreras geográficas, influyen en el riesgo de contraer, enfermar o morir a causa de la enfermedad de Chagas. Esta enfermedad silenciosa representa un gran desafío para el sistema de salud, especialmente en lugares en los que difícilmente llegan los programas de salud o logran permanencia.

Materiales y métodos: Se llevó a cabo un estudio descriptivo de corte transversal en una comunidad indígena wiwa. Se realizó diagnóstico serológico a los participantes, se hizo una encuesta que contenía preguntas personales y otras por hogar, sobre conocimientos, actitudes y prácticas sobre la enfermedad de Chagas. Los datos se analizaron con el *software* estadístico Jamovi.

Resultados: Participaron 168 voluntarios con prevalencia de infección de 27,38 % (46/168). El 100 % (168) de los encuestados se reconoce víctima de desplazamiento. La prevalencia en personas mayores 18 años fue de 19,05 % (32/168), y de 2 a 18 años, 8,33 % (14/168). La relación de habitantes por m² de la vivienda mostró que, a medida que disminuye el área en metros, aumenta el número de positivos por vivienda ($p < 0,05$), explicado en el 27,5 % de los hogares. El 61,7 % (29/47) de las personas que refieren haber sido picadas por el pito (triatomino) son positivas.

Conclusiones: La comunidad wiwa es una población con aspectos de riesgo para la enfermedad de Chagas. Los factores que podrían favorecer la transmisión en esta comunidad son las condiciones que facilitan la presencia del vector, y la falta de acceso a salud que limita la oportunidad diagnóstica y el tratamiento.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, determinantes sociales de la salud, desplazamiento, sistema de salud

P4-5. Identificación de *Cryptosporidium* spp. en heces de palomas en Bogotá y su importancia en salud pública

Martha Lucía Vargas, Jimmy Vargas, Johanna Marcela Moscoso
Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca

Antecedentes: Las zoonosis son enfermedades infecciosas transmitidas de animales vertebrados al ser humano; de manera frecuente, su ocurrencia se asocia con la convivencia entre el hombre y los animales, ya sean estos de compañía, de producción o de vida silvestre.

Desde hace ya bastantes décadas, la especie *Columba livia* ha convivido con el ser humano, esto, debido a su fácil adaptación en grandes, medianas y pequeñas ciudades. Varios estudios demuestran que *C. livia* es portadora de microorganismos capaces de causar enfermedades infecciosas en el ser humano, como por ejemplo, el parásito de afectación intestinal *Cryptosporidium*, causante de enfermedad diarrea grave en personas inmunocomprometidas; por esta razón, este tópico cobra importancia en el área de salud pública.

A partir de lo anterior, surge la idea de identificar especies de *Cryptosporidium* presentes en heces de paloma *C. livia* causantes de enfermedad en el ser humano. Esto también corroborado por la ausencia de estudios en la ciudad de Bogotá frente a la determinación del parásito específicamente en estas aves.

Objetivo: Demostrar la presencia de *Cryptosporidium* spp. en lugares con gran densidad poblacional de palomas y determinar su posible impacto en salud pública en la ciudad de Bogotá, Colombia.

Palabras clave: criptosporidiosis, *Columba livia*, protozoarios, potencialidad enzoótica

P2-5. Determinación del grado de sensibilidad o resistencia al piretroide lambda-cihalotrina en poblaciones de *Aedes aegypti* del municipio de Ibagué, Tolima

Juan David Rojas Gómez^{1,3}, Laura Fernanda Santofimio Villa^{1,3}, Weimar David Bríñez Zabaleta^{1,3}, Natalia Barrera Angarita^{1,3}, Julio César Carranza Martínez^{1,4}, Gustavo Adolfo Vallejo^{1,4}, Omar Triana Chávez^{2,4}, Yurany Eresbey Granada Garzón^{2,4}, Daniel Alfonso Urrea Montes^{1,4}

¹ Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical (LIPT), Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

² Biología y Control de Enfermedades Infecciosas, Universidad de Antioquia

³ Estudiante de pregrado en Biología

⁴ Coinvestigador

Antecedentes: *Aedes aegypti* es el principal vector de diversas arbovirosis como los del dengue, el Zika y Chikunguña, que causan problemas en la salud pública de Colombia. En respuesta, el país ha manejado durante décadas, como principal estrategia de control vectorial, el uso de insecticidas organoclorados, organofosforados, carbamatos o piretroides. Sin embargo, una falla en estos programas de control se debe a la aparición de variabilidad en la sensibilidad o resistencia; este conocimiento es importante para la vigilancia y control de la resistencia a la caída (Kdr).

Materiales y métodos: Se realizó un muestreo estandarizado simple, recolectando larvas de *Ae. aegypti* provenientes de 20 viviendas localizadas en cuatro comunas (C6/7/8/13) de la ciudad de Ibagué, en dos periodos que coinciden con el inicio de la temporada de lluvias (mayo/abril-octubre/noviembre) del año 2021. Las larvas fueron mantenidas hasta completar su ciclo y obtener larvas F1 en estadio tercero tardío (Tr3) y cuarto temprano (Tp4), con las cuales se evaluó la sensibilidad al insecticida (piretroide de tipo II: lambda-cihalotrina), mediante el protocolo de la OMS, analizando grados de resistencia.

Resultados: Las cuatro comunas evaluadas presentaron valores mayores de 10, correspondientes a resistencia/elevada, en orden descendente, el grado de resistencia más alto fue en la C6 (Ecoparaíso) con (29,45/22,78); la C8 (salado) (20,06/18,1) seguida de C7 (Nuevocombeima) (16/20,23) y C13 (Jazmín) (13,87/11,51). Además, se identificó en la C6/C13 a partir de larvas/adultos, la presencia de culicido como *Limatus* spp., cohabitando criaderos con *Ae. aegypti* y *Ae. albopictus*.

Conclusiones: La evaluación de bioensayos evidenció un alto grado de resistencia a lambda-cihalotrina, por lo cual se propondrá una metodología de PCR-alelo/específica para la identificación de mutaciones asociadas al gen del canal de sodio dependiente de voltaje.

Palabras clave: resistencia, piretroide, *Aedes aegypti*, bioensayo, mutaciones, PCR-alelo/específica

P3-12. Detección molecular de arbovirus circulantes en poblaciones de *Aedes aegypti* del municipio de Ibagué, Tolima

Laura Fernanda Santofimio Villa^{1,3}, Natalia Barrera Angarita^{1,3}, Juan David Rojas Gomez^{1,3}, Weimar David Bríñez Zabaleta^{1,3}, Hamilton Julián Barbosa Vinasco^{1,4}, Gustavo Adolfo Vallejo^{1,4}, Julio César Carranza Martínez^{1,4}, Yurany Eresbey Granada Garzón^{2,4}, Daniel Alfonso Urrea Montes^{1,5}

¹ Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical (LIPT), Universidad del Tolima

² Biología y Control de Enfermedades Infecciosas (BCEI), Universidad de Antioquia

³ Estudiante de pregrado en Biología

⁴ Coinvestigador

⁵ Director de investigación

Antecedentes: *Aedes aegypti* se considera el principal vector de algunas arbovirosis como el dengue (DENV), el del Zika (ZIKV) y el chikunguña (CHIKV), que han ocasionado brotes epidémicos en Colombia, encontrándose en cocirculación desde 2015. El departamento del Tolima y el municipio de Ibagué, se han posicionado en los primeros lugares a nivel nacional en el reporte de estas arbovirosis, superando las tasas de incidencia nacional. Por tanto, es importante mantener la vigilancia epidemiológica y, por ende, la implementación de protocolos moleculares que permitan detectar las arbovirosis circulantes en el municipio.

Materiales y métodos: Se seleccionaron barrios en comunas (6,7,8,13) que presentan gran incidencia para dengue, Zika y chikunguña, en los cuales se realizó un muestreo aleatorio simple (mínimo 20 casas positivas) con acompañamiento de la Secretaría de Salud Municipal, durante el periodo de emergencia sanitaria por Covid-19 en el año 2021. Se *extrajo* ARN a partir de *pools* de mosquitos adultos de *Aedes aegypti*, para llevar a cabo la detección molecular por RT-PCR en tiempo real acoplada a temperatura *melting*, con el fin de identificar arbovirosis circulantes en el municipio de Ibagué.

Resultados: La detección por RT-PCR en tiempo real ha permitido la discriminación entre estos virus (DENV, CHIKV y ZIKV); se han procesado 64 *pools*, en los cuales se han detectado seis muestras positivas para ZIKV pertenecientes a la comuna 8 y, seis muestras positivas para DENV: cuatro correspondientes a la comuna 6 y dos a la comuna 7.

Conclusión: Se reporta cocirculación de ZIKV y DENV en Ibagué (Tolima), en *pools* de mosquitos *A. aegypti*.

Palabras clave: arbovirosis, *Aedes aegypti*, incidencia, cocirculación, RT-PCR en tiempo real

P4-2. Caracterización molecular de *Trypanosoma* spp. obtenidos de vectores y huéspedes silvestres procedentes de áreas endémicas del Tolima

Valentina Herrera Sánchez, Brayhan Darío Suárez Rodallega, Carlos Mario Ospina Varón, Daniel Alfonso Urrea Montes, Gustavo Adolfo Vallejo, Julio César Carranza Martínez

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

Antecedentes: La coinfección entre los parásitos flagelados *Trypanosoma rangeli* y *T. cruzi* se ha descrito desde el siglo pasado, recalando el hecho de que, a pesar de que estas especies son morfológica, biológica y bioquímicamente distintas, epidemiológicamente, comparten vectores del género *Rhodnius* y mamíferos reservorios, principalmente marsupiales.

Objetivo: Determinar el estado de infección de estos tripanosomátidos, tanto en huéspedes como en vectores, y su implicación en la enfermedad de Chagas.

Materiales y métodos: Se hizo la caracterización molecular mediante la amplificación de la región hipervariable de los minicírculos, usando el juego de *primers* S35, S36, KP1L, del contenido intestinal y glándulas salivales de 55 ninfas de *Rhodnius colombiensis* y del hemocultivo de seis huéspedes (dos monos *Cebus albifrons*, tres zarigüeyas *Didelphis marsupialis* y un armadillo *Dasypos* sp.).

Resultados: Se encontraron 40 ninfas infectadas con *T. cruzi* (fragmento de amplificación de 330 pb) y 15 infectadas con *T. rangeli* KP1- (fragmentos de amplificación entre 330 y 450 pb); además, las muestras de sangre de los monos *C. albifrons* y de *Dasypos* sp., se encuentran infectadas con *T. rangeli*, y las muestras de sangre de las zarigüeyas *D. marsupialis* se encuentran infectadas con *T. cruzi*.

Conclusiones: De esta manera, se resalta la importancia del diagnóstico y la vigilancia epidemiológica de reservorios y de huéspedes silvestres para detectar posibles focos de enfermedades parasitarias mortales, como la enfermedad de Chagas.

Palabras clave: tripanosomátidos, caracterización molecular, enfermedad de Chagas, huéspedes, vectores

P3-6. Malaria complicada en población atendida en un hospital infantil del suroccidente colombiano

Julie Benavides Melo¹, Andrés Torres Fajardo², Andrés Ibarra Parra³

¹ Facultad de Medicina, Grupo GILSE, Universidad Cooperativa de Colombia, Pasto, Colombia

² Hospital Infantil Los Ángeles, Pasto, Colombia

³ Facultad de Medicina. Universidad Cooperativa de Colombia; Semillero Jacinto Convit, Pasto, Colombia

Antecedentes: La malaria es una enfermedad de importancia en salud pública, cuyas características a nivel regional requieren ser conocidas para tomar las mejores decisiones clínicas; además, los criterios de evaluación de la malaria complicada en población pediátrica son un tema de discusión.

Objetivo: Caracterizar la malaria en pacientes atendidos en el Hospital Infantil Los Ángeles (Pasto, Colombia).

Materiales y métodos: Es un estudio observacional, descriptivo, retrospectivo y de corte transversal, en el cual se incluyeron pacientes con diagnóstico confirmado de malaria, atendidos en el periodo 2015-2019; se revisaron las historias clínicas para analizar variables sociodemográficas, preclínicas y clínicas. Se contó con el aval del comité de ética del hospital.

Resultados: Se incluyeron 183 casos con edades entre 0 y 18 años (con mayor reporte a los 15), con procedencia de Nariño, Putumayo y Antioquia. La mayoría se reportó en el año 2017; los más afectados fueron los hombres; asistieron a consulta de 1 a 15 días después del inicio de los síntomas y la mayoría ocurren por *Plasmodium falciparum*. La mayoría no presentó disnea, ni convulsiones (94,5 % respectivamente), hubo casos con emesis (41,0 %) y comorbilidades, como gastroenteritis y parasitismo por *Ascaris lumbricoides*.

Conclusiones: Se requieren estudios longitudinales que permitan un adecuado seguimiento del menor a partir del diagnóstico de malaria, lo que requiere articulación y estandarización de procesos a nivel interinstitucional. Las alteraciones de tipo gastrointestinal a causa de agentes infecciosos requieren mayor estudio para indagar sobre su posible implicación en la complicación.

Palabras clave: malaria, malaria falciparum, malaria vivax, preescolar, niño, adolescente

P2-6. Análisis filogenómico de *Clostridioides difficile* con especial énfasis en su presencia en Latinoamérica

Valeria Flórez, Andrés Parada, Daniela Costa, Gregorio Iraola
Laboratorio de Genómica Microbiana (LGM), Institut Pasteur de Montevideo

Antecedentes: *Clostridioides difficile* es el agente etiológico más común de diarreas intrahospitalarias asociadas al uso de antibióticos. Si bien cerca del 50 % de los pacientes hospitalizados están colonizados por *C. difficile*, en situaciones de disbiosis intestinal, casi el 15 % desarrolla la infección que va desde diarrea simple hasta colitis pseudomembranosa. A partir del año 2000, hubo un aumento inusual en la incidencia de infecciones por *C. difficile* en Norteamérica y Europa, y más recientemente, se han identificado otros linajes en Asia y Latinoamérica. Por medio de análisis filogenéticos, ahora se entiende cómo distintos linajes han adquirido resistencia a antibióticos, facilitando su expansión transcontinental. Sin embargo, dado que casi todos los estudios genómicos se han enfocado en conocer las dinámicas en Europa y Norteamérica, restaba saber qué linajes de *C. difficile* están presentes en Latinoamérica.

Materiales y métodos: Se analizaron 1.497 genomas completos de *C. difficile*, incluyendo 369 muestras de Latinoamérica, y se realizaron análisis filogenéticos, de pangenoma y de diversidad funcional.

Resultados: Con el análisis filogenómico se identificó un nuevo linaje y se clarificó la posición filogenética de los 6 grandes linajes que componen *C. difficile*. Se discute la diversidad funcional, las diferencias en la presencia de resistencia antimicrobiana y toxinas en distintos grupos de *C. difficile*.

Conclusiones: La inclusión de genomas provenientes de Latinoamérica permitió recuperar una filogenia robusta y ayudó a entender la evolución del grupo. Los análisis sugieren que esta región ha actuado como fuente y como sumidero de dispersión a otros continentes.

Palabras clave: *Clostridioides difficile*, diarrea, análisis filogenéticos, pangenoma, resistencia a antibióticos

P4-13. Evaluación parasitológica de *Urbanorum* spp.: implicaciones para el laboratorio clínico y personal médico

Diego F. Echeverri¹, Manuel A. Sarria², Gloria I. Palma¹

¹ Departamento de Microbiología, Facultad de Salud, Universidad del Valle, Cali, Colombia

² Escuela de Bacteriología y Laboratorio Clínico, Universidad del Valle, Cali, Colombia

Antecedentes: Varios laboratorios de diagnóstico microbiológico de Colombia y Latinoamérica informan la presencia de un presunto protozoario (familia Cycloposthidae) denominado *Urbanorum* spp. Su presencia está asociada con diarrea y otras manifestaciones gastrointestinales. Algunos pacientes han recibido tratamiento, aunque no hay evidencia parasitológica suficiente para sustentar dicha conducta.

Objetivo: Buscar evidencias que definan a *Urbanorum* como un nuevo protozoario y, así, orientar el diagnóstico y el tratamiento.

Materiales y métodos: Se utilizaron exámenes coprológicos y concentración con sulfato de cinc para seleccionar muestras positivas con *Urbanorum*. Con estas, se prepararon extendidos que se tiñeron usando las siguientes coloraciones: tricrómica, ácido-alcohol resistente (Ziehl-Neelsen, Kinyoun) y Sudán IV. Además, las muestras se examinaron usando microscopía de luz polarizada.

Resultados: Las muestras de materia fecal de tres personas presentaron *Urbanorum*; se visualizaron estructuras redondeadas de tamaño variable (80-107 μm), con proyecciones filamentosas o sin ellas, extensas e irregulares. En las tinciones tricrómica, de Ziehl-Neelsen y Kinyoun, no mostraban membrana celular definida, núcleo ni inclusiones citoplasmáticas, tampoco eran ácido-alcohol resistentes. Con el Sudán IV, *Urbanorum* se tiñó de color naranja (positivo para grasa). La microscopía con luz polarizada sugiere que el contenido de esta estructura es grasa anisotrópica (colesterol). Extendidos preparados con etanol evidenciaron la desintegración de *Urbanorum*.

Conclusiones: Considerando nuestros análisis, *Urbanorum* no es un protozoario y no debe ser informado como tal en los resultados del examen de materia fecal. Por lo tanto, no se debe administrar tratamiento (metronidazol, secnidazol o nitaxozanida). La estructura debería informarse como un artefacto de naturaleza grasa y se recomienda correlacionarla con dietas ricas en colesterol.

Palabras clave: Colombia, *Urbanorum*, diarrea, colesterol, Sudán IV