

I-ISSN 2590-7379 (Electrónico)

Biomédica

Revista del Instituto Nacional de Salud

Volumen 39, Suplemento No. 4 - Diciembre de 2019, Bogotá, D.C., Colombia, S.A.



XVII Congreso Colombiano de
Parasitología y Medicina Tropical

Portada: XVII Congreso Colombiano de Parasitología y Medicina Tropical, 4 al 6 de diciembre de 2019
Imagen promocional
Asociación Colombiana de Parasitología y Medicina Tropical

Biomédica Instituto Nacional de Salud

Volumen 39, suplemento No. 3 - Bogotá, D.C., Colombia - Noviembre de 2019

Comité Editorial

EDITORES

LUIS ALBERTO GÓMEZ
Instituto Nacional de Salud
Bogotá, D.C., Colombia

CARLOS ARTURO HERNÁNDEZ
Instituto Nacional de Salud
Bogotá, D.C., Colombia

RUBÉN SANTIAGO NICHOLLS
Organización Panamericana de la Salud
Washington, D.C., Estados Unidos

EDITORES ASOCIADOS

ENRIQUE ÁRDILA
Bogotá, D.C., Colombia

JULIÁN ALFREDO FERNÁNDEZ-NIÑO
Universidad del Norte
Barranquilla, Colombia

MIGUEL A. GUZMÁN †
Investigador Emérito
Instituto Nacional de Salud
Bogotá, D.C., Colombia

JOSÉ MORENO-MONTOYA
Fundación Universitaria de Ciencias de la Salud-FUCS
Bogotá, D.C., Colombia

LEONARD MUNSTERMANN
Yale University School of Medicine
New Haven, CT, Estados Unidos

RAÚL PARDO
Instituto Nacional de Salud
Bogotá, D.C., Colombia

OMAR SEGURA
Federación Médica Colombiana
Bogotá, D.C., Colombia

ORLANDO TORRES-FERNÁNDEZ
Instituto Nacional de Salud
Bogotá, D.C., Colombia

Comité Científico

ARNOLDO BARBOSA
Universidad del Tolima
Ibagué, Colombia

ANTONIO BERMÚDEZ
Instituto Nacional de Salud
Bogotá, D.C., Colombia

JORGE H. BOTERO
Universidad de Antioquia
Medellín, Colombia

GUSTAVO ALONSO CABRERA
Universidad de Antioquia
Medellín, Colombia

VÍCTOR CÁRDENAS
University of Arkansas
Little Rock, AK, Estados Unidos

ALBERTO CONCHA-EASTMAN
Guatapé, Colombia

ZOILO CUÉLLAR
Academia Nacional de Medicina
Bogotá, D.C., Colombia

LUIS GABRIEL CUERVO
Organización Panamericana
de la Salud
Washington, D.C., Estados Unidos

PATRICIA DEL PORTILLO
Corpogén
Bogotá, D.C., Colombia

ANDRÉS DE FRANCISCO
Organización Mundial de la Salud
Ginebra, Suiza

FERNANDO DE LA HOZ
Universidad Nacional de Colombia
Bogotá, D.C., Colombia

JOSÉ LUIS DI FABIO
Organización Panamericana de la Salud
Washington, D.C., Estados Unidos

JORGE HERNANDO DONADO
Universidad Pontificia Bolivariana
Medellín, Colombia

CARLOS ANDRÉS FANDIÑO
Universidad del Valle
Cali, Colombia

JOSÉ FIGUEROA
World Health Organization
Ginebra, Suiza

LUIS FERNANDO GARCÍA
Universidad de Antioquia
Medellín, Colombia

ALBERTO GÓMEZ
Pontificia Universidad Javeriana
Bogotá, D.C., Colombia

ENRIQUE GONZÁLEZ
University of Texas Health Science Center
at San Antonio
San Antonio, TX, Estados Unidos

JOHN MARIO GONZÁLEZ
Universidad de los Andes
Bogotá, D.C., Colombia

FELIPE GUHL
Universidad de los Andes
Bogotá, D.C., Colombia

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

JORGE JARA
Organización Panamericana de la Salud
Washington, D.C., Estados Unidos

ERNESTO JARAMILLO
Organización Mundial de la Salud
Ginebra, Suiza

MARCELO LABRUNA
Universidade de São Paulo
São Paulo, Brasil

JAIRO LIZARAZO
Hospital Universitario Erasmo Meoz
Cúcuta, Colombia

JUAN GUILLERMO McEWEN
Corporación para Investigaciones
Biológicas
Medellín, Colombia

ROBERTO MENDOZA
The Hospital for Sick Children
Toronto, Ontario, Canada

ÁLVARO MONCAYO
Universidad de los Andes
Bogotá, D.C., Colombia

RICARDO NEGRONI
Hospital de Infecciosas
Francisco Javier Muñiz
Buenos Aires, Argentina

MARÍA TERESA OCHOA
University of California Los Ángeles
Los Ángeles, CA, Estados Unidos

JUAN P. OLANO
University of Texas Medical Branch
Galveston, TX, Estados Unidos

BLANCA RESTREPO
University of Texas
Brownsville, TX, Estados Unidos

GERZAÍN RODRÍGUEZ
Investigador Emérito
Instituto Nacional de Salud
Universidad de la Sabana
Bogotá, D.C., Colombia

VÍCTOR E. REYES
University of Texas Medical Branch
Galveston, TX, Estados Unidos

GUSTAVO C. ROMÁN
Methodist Neurological Institute
Houston, TX, Estados Unidos

PEDRO ROMERO
Ludwig Center for Cancer Research
University of Lausanne
Lausana, Suiza

ÁLVARO RUIZ
Pontificia Universidad Javeriana
Bogotá, D.C., Colombia

GIOCONDA SAN BLAS
Instituto Venezolano de
Investigaciones Científicas
Caracas, Venezuela

ÁLVARO SANABRIA
Hospital Pablo Tobón Uribe
Medellín, Colombia
Universidad de la Sabana
Chía, Colombia

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

NANCY GORE SARAVIA
Centro Internacional de Entrenamiento
e Investigaciones Médicas
Cali, Colombia

ROBERT TESH
University of Texas
Galveston, TX, Estados Unidos

BRUNO TRAVI
University of Texas
Galveston, TX, Estados Unidos

GUSTAVO VALBUENA
University of Texas
Galveston, TX, Estados Unidos

JUAN MIGUEL VILLALOBOS
Universidade Federal de Rondônia
Porto Velho, Brasil

MOISÉS WASSERMAN
Investigador Emérito
Instituto Nacional de Salud
Universidad Nacional de Colombia
Bogotá, D.C., Colombia

CARLOS ARTURO HERNÁNDEZ
Edición y corrección de estilo

LINDA GRACE MOLANO
Asistencia editorial

ELIZABETH GUZMÁN
Mercadeo digital

LUZ ÁNGELA SALGADO
Diagramación

© Instituto Nacional de Salud

La revista *Biomédica* del Instituto Nacional de Salud es una publicación trimestral, eminentemente científica. Está amparada por la resolución número 003768 de 1981, emanada del Ministerio de Gobierno, y con tarifa postal reducida según resolución número 1128 del 5 de mayo de 1982.

Ninguna publicación, nacional o extranjera, podrá reproducir ni traducir sus artículos ni sus resúmenes sin previa autorización escrita del editor. Ni la revista, ni el Instituto asumen responsabilidad alguna por los puntos de vista expresados por los autores. La revista no publicará ningún tipo de propaganda comercial. Los nombres de equipos, materiales y productos manufacturados que eventualmente puedan mencionarse, no implican recomendación ni propaganda para su uso y sólo se mencionan como identificación genérica.

La revista *Biomédica* aparece reseñada en *Index Medicus/Medline de la National Library of Medicine*, en el *Science Citation Index Expanded (also known as SciSearch®)* y *Journal Citation Reports/Science Edition de Thomson Scientific*, en *SciELO Colombia (Scientific Electronic Library Online)*, en el índice de la *Literatura Latinoamericana en Ciencias de la Salud (LILACS)*, en la Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal (RedAlyC), en el *Índice Mexicano de Revistas Biomédicas Latinoamericanas (Imbiomed)*, en *Scopus* de Elsevier B.V., en el *Sistema de Información Bibliográfica Regional Andina (SIBRA)*, en *CAB Abstracts*, *Review of Medical and Veterinary Entomology*, y forma parte del *Índice Nacional de Publicaciones Seriadadas Científicas y Tecnológicas Colombianas* de Colciencias y del *Índice Latinoamericano de Revistas Científicas y Tecnológicas (LATINDEX)*.

INSTITUTO NACIONAL DE SALUD
Avenida Calle 26 No. 51-20
Apartado aéreo 80334 y 80080
Bogotá, D.C., Colombia, S.A.

URL: <http://www.ins.gov.co>
biomedica@ins.gov.co

XVII Congreso Colombiano de Parasitología y Medicina Tropical

Asociación Colombiana de Parasitología y Medicina Tropical
Universidad ICESI, Calle 18 N° 122-135, Pance, Cali, Colombia
4 al 6 de diciembre de 2019

COMITÉ ORGANIZADOR

Clara Beatriz Ocampo, presidente
Juan David Ramírez, vicepresidente

COMITÉ ACADÉMICO

Alejandro Vargas	Gustavo Díaz
Alfonso Rodríguez	Jorge Zapata
Beatriz Ferro	Juan C. Dib
Claudia Herrera	Luis Reinel Vásquez
Diego Echeverri	Luisa Nieto
Gloria Giraldo	María Adelaida Gómez
Gloria Jaramillo	María Fernanda Yasnot
Gloria Palma	Neal Alexander
	Sara Robledo

COORDINADORES DE SIMPOSIOS

Alfonso J. Rodríguez-Morales	María I. Echavarría
Gloria I. Jaramillo	Nancy G. Saravia
María Adelaida Gómez	Alexandra Cossio
Gerardo Andrés Libreros-Zúñiga	María del Mar Castro
Clara B. Ocampo	Iván D. Vélez
Juan David Ramírez	María F. Yasnot
Rubén Varela y Adriana Correa	Juan Carlos Dib

Contenido

PRESENTACIÓN

XVII Congreso Colombiano de Parasitología y Medicina Tropical <i>Clara Beatriz Ocampo</i>	18
--	----

SIMPOSIOS

Origen y desarrollo del Departamento de Microbiología de la Facultad de Salud de la Universidad del Valle, Cali, Colombia <i>Mauricio Barreto</i>	19
--	----

Manejo del dengue en pediatría <i>Tito Israel Acevedo-Rangel</i>	20
---	----

Mortalidad por dengue en el departamento del Meta, 2018-2019 <i>Cesar García-Balaguera</i>	21
---	----

Implicaciones del subregistro en la carga de la enfermedad por arbovirosis en Colombia <i>Mabel Carabalí, Gloria I. Jaramillo, Vivian Rivera, Julieth Mina, Berta Nelly Restrepo, Kate Zinszer</i>	21
---	----

Aplicación de las tecnologías globales DNA-seq y RNA-seq al estudio de parásitos en muestras ambientales y clínicas <i>Juan F. Alzate-Restrepo</i>	22
---	----

Análisis 'multiómicos' de la enfermedad de Chagas <i>Clara Isabel González, Martha Lucía Díaz, Javier Martín, Luis Eduardo Echeverría, Carlos Robello, Mayra Alejandra Jaimés, Elkyn Fabián Estupiñán, Ignacio Casal, María Adelaida Gómez, Richard Burchmore</i>	23
--	----

Esfuerzo multisectorial para avanzar hacia la eliminación de la malaria en el Litoral Pacífico colombiano <i>Juan Sebastián Ramírez, María Fernanda Pedreros, Andrés Hoyos, Myriam Arévalo, Sócrates Herrera</i>	25
---	----

El uso de herramientas moleculares para la definición de las unidades de control de malaria en Guapi, Cauca <i>Vladimir Corredor-Espinel</i>	25
---	----

Manejo del paciente crítico con dengue grave <i>Norton Pérez-Gutiérrez</i>	26
---	----

Retos para la eliminación de la malaria en Colombia: control de vectores <i>Martha L. Quiñones</i>	27
---	----

El proceso de la eliminación del paludismo en Argentina, 1886-2019 <i>Mario Zaidenberg</i>	28
---	----

Identificación de nuevas moléculas que se unen a la enzima dihidrofolato reductasa de <i>Mycobacterium tuberculosis</i> <i>Gerardo Andrés Libreros-Zúñiga, João Augusto Ribeiro, Alex Hammer, Sair Maximo Chávez-Pacheco, Jamal El Bakali, Petros Tyrakis, Gabriel Stephani de Oliveira, Mauricio Sforça, Silvana Rocco, Roberto Parise-Filho, Anthony Coyne, Tom Blundell, Chris Abell, Marcio Vinicius Bertacine Dias</i>	28
--	----

Actividad biológica de nuevos compuestos heterocíclicos sintéticos contra microorganismos resistentes <i>María P. Crespo-Ortiz, Rodrigo Abonía-González, Braulio Insuasty-Obando, Jairo Quiroga</i>	29
--	----

Modelo epidemiológico para la evaluación de la eficacia de la infección por la bacteria <i>Wolbachia</i> en <i>Aedes aegypti</i> en el control de la transmisión de arbovirus en Medellín y Bello, Antioquia, Colombia <i>María Patricia Arbeláez-Montoya</i>	30
--	----

VECTOS, un sistema integrado para el monitoreo de factores de riesgo asociados a la transmisión de arbovirus urbanos <i>Clara B. Ocampo, Neila J. Mina, María I. Echavarría, Ana L. Estrada, Neal Alexander, Miguel Acuña, Jorge I. Ramírez, Alexi Caballero, Andrés Navarro, Andrés Aguirre, Secretarías de Salud de Girón, Yopal y Buga</i>	31
--	----

Hotspots of dengue transmission in Santiago de Cuba: retrospective analysis and prospective validation <i>María Eugenia Toledo-Romani, Mayelin Mirabal, Veerle Vanlerberghe, Tania Gómez-Padrón, Julio C. Popa-Rosales, Luis Valdés, Rosa María Castillo, Patrick van der Stuyft</i>	32
---	----

PRESENTACIONES LIBRES

BIOLOGÍA Y PARASITISMO INTESTINAL

A1- Prevalencia de parásitos intestinales en estudiantes de una institución universitaria de Popayán, Cauca (2019) <i>Lina María López-Rojas, Luis Reinel Vásquez</i>	34
--	----

A2 - Detección molecular de <i>Toxoplasma gondii</i> en carnes destinadas al consumo humano en Ibagué mediante PCR anidada (n-PCR) del gen <i>B1</i> <i>Juan David Medina-Hernandez, Julio C. Carranza, Jorge Enrique Gómez-Marín, Gustavo A. Vallejo</i>	34
--	----

A3 - Detección molecular de <i>Giardia duodenalis</i> , <i>Blastocystis</i> spp., <i>Toxoplasma gondii</i> y <i>Cryptosporidium</i> spp. en frutas y hortalizas comercializadas en Ibagué <i>Laura Alejandra Osorio, Julio César Carranza, Gustavo Adolfo Vallejo</i>	35
--	----

A4 - Cambios en la diversidad y abundancia de comunidades microbianas intestinales de niños colombianos como reacción a la presencia de <i>Blastocystis</i> <i>Sergio Castañeda, Marina Muñoz, Ximena Villamizar, Luis Reinel Vásquez, Lorena Buitrón, Lina María Muñoz, Fabiola E. González, Julio César Giraldo, Juan David Ramírez</i>	35
--	----

A5 - Prevalencia e identificación de los factores asociados con las infecciones parasitarias intestinales por <i>Hymenolepis nana</i> en niños <i>Diana Duarte-Amador, Alfredo Montes-Robledo, Rosa Baldiris-Avila, Neyder Contreras-Puentes, Dilía Aparicio-Marengo</i>	36
---	----

A6 - Detección de especies <i>Cryptosporidium</i> en muestras de alimentos y en heces de niños en edad escolar en Armenia, Quindío <i>Natalia Marcela Hernández-Arango, Fabiana María Lora-Suárez, Jorge Enrique Gómez-Marín</i>	36	A19 - Incidence of ancylostomiasis in dogs diagnosed in a veterinary clinic in Florencia, Caquetá, 2009-2019 <i>Juan J. García-Bustos, D. Katterine Bonilla-Aldana, Janeth Lucía Santacruz-Barrera, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	42
A7 - Detección y genotipificación de <i>Giardia intestinalis</i> (Protozoa: Metamonada) en muestras fecales de humanos y caninos en el barrio Las Flores de Barranquilla, Atlántico, Colombia <i>Carlos Bolívar-Marchena</i>	37	A20 - Prevalencia de <i>Giardia duodenalis</i> en cuatro asentamientos arhuacos en la zona oriental de la Sierra Nevada de Santa Marta, Cesar, Colombia <i>Ramón Gamarra-Rueda, Alfonso Campo-Carey, Juan Carlos Dib-Díazgranados, Karen Florez-Lozano</i>	42
A8 - Detección molecular y genotipificación de protozoos intestinales de diferentes regiones biogeográficas de Colombia <i>Adriana Higuera, Ximena Villamizar, Giovanny Herrera, Julio César Giraldo, Luis Reinel Vásquez-A, Plutarco Urbano, Osvaldo Villalobos-Rapalino, Catalina Tovar, Juan David Ramírez</i>	37	A21 - Importancia de la transmisión de <i>Giardia</i> spp. y <i>Cryptosporidium</i> spp. en agua.....	43
A9 - Incidence of giardiasis in dogs diagnosed in a veterinary clinic in Florencia, Caquetá, 2009-2018 <i>Juan J. García-Bustos, D. Katterine Bonilla-Aldana, Janeth Lucía Santacruz-Barrera, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	38	A22 - Papel del ARN largo no codificante TERRA (<i>Telomeric Repeat Containing RNA</i>) durante el ciclo de desarrollo de <i>Leishmania</i> <i>Edna Gicela Ortiz-Morea, Elton José Rosa-Vasconcelos, Selma Giorgio, Peter Myler, Helio Langoni, Claus María Azzalin, María Isabel Nogueira-Cano</i>	43
A10 - Identificación del complejo <i>Entamoeba: E. histolytica, E. dispar, E. moshkovskii</i> , y su relación con los efectos antropogénicos en una población del departamento de Bolívar <i>Diana Duarte-Amador, Alfredo Montes-Robledo, Dayana Baena-Baldiris, Rosa Baldiris-Ávila, Neyder Contreras-Puentes, Dilia Aparicio-Marengo</i>	38	A23 - Estrés térmico a corto plazo no impacta la somía pero causa perfiles transcripcionales notables en promastigotes de <i>Leishmania braziliensis in vitro</i> <i>Nathalia Ballesteros, Nubia M. Vásquez, Luz H. Patiño, Lissa Cruz-Saavedra, Juan David Ramírez</i>	44
A11 - <i>Cryptosporidium</i> spp.: genotipificación y descripción de la variabilidad genética encontrada en aislamientos de pacientes colombianos <i>J. M. Urán-Velásquez, J. F. Alzate, A. L. Galván-Díaz, A. E. Farfán-García, O. G. Gómez-Duarte, G. M. García-Montoya</i>	39	CASOS CLÍNICOS	
A12 - Caracterización epidemiológica de la infección por <i>Blastocystis</i> en una población infantil, Medellín, 2018-2019 <i>María Isabel Osorio-Pulgarín, Juan Camilo Beltrán-Alzate, Miryan Margot Sánchez-Jiménez, Juan David Ramírez</i>	39	B1 - Miasis en pacientes con cáncer en el Instituto Nacional de Cancerología entre 2008 y 2018: serie de casos <i>Samuel de Jesús González-Vélez, Ligia Rosa Olivera-Monroy, Sonia Isabel Cuervo-Maldonado, Ligia Inés Moncada-Álvarez, Ricardo Sánchez-Pedraza, Julio César Gómez-Rincón, Martha Galindo</i>	45
A14 - Toxoplasmosis en el sistema nervioso central: cohorte retrospectiva de pacientes con HIV de un hospital del oriente colombiano <i>Jairo E. López-Aldana, Karen S. Rodríguez-Díaz, Agustín Vega-Vera, Claudia L. Figueroa-Pineda</i>	40	B2 - Aspergilosis extrapulmonar invasiva: reporte de un paciente receptor de trasplante renal <i>Daniela Elena Calvache, José Joaquín Alvarado, Daniel Echeverri</i>	45
A15 - Frecuencias de coinfección por <i>Clostridium difficile</i> y <i>Blastocystis</i> en pacientes colombianos con diarrea <i>Laura Vega, Giovanny Herrera, Marina Muñoz, Juan David Ramírez</i>	40	B3 - Infección invasiva por <i>Lasiodiplodia theobromae</i> en un receptor de trasplante renal: reporte de un caso <i>Daniela Elena Calvache, José Joaquín Alvarado, Daniel Echeverri</i>	46
A16 - Primer reporte de detección y caracterización molecular de <i>Blastocystis</i> spp. en muestras fecales humanas en Ibagué, Tolima <i>Caterine Potes-Morales, Julio César Carranza, Gustavo Adolfo Vallejo</i>	41	B4 - Síndromes clínicos asociados al envenenamiento por serpientes de la familia Viperidae en el suroccidente colombiano <i>Carlos A. Cañas, Santiago Castaño-Valencia, Fernando Castro-Herrera</i>	46
A18 - Parasitismo intestinal en población escolar de 5 a 14 años en el departamento del Atlántico, 2016-2017 <i>Fernando Ruiz, Martín Leyes, Laura Arzuza-Ortega, Marlene Guerra-Sarmiento, Ronald Maestre-Serrano</i>	41	B5 - Miasis escrotal: reporte de caso <i>Edwin Fabián Paz, Luis Reinel Vásquez, Joan Sebastián Vásquez, Harold J. Bolaños-Bravo</i>	47
		B6 - Reporte de un caso humano de <i>Rickettsia parkeri</i> por la cepa Atlantic Rainforest en Turbo, Colombia <i>Leidy Y. Acevedo-Gutiérrez, Margarita Arboleda, Dayro Ospina, Alejandra M. Ávila, Andrés F. Londoño, Francisco J. Díaz, Juan D. Rodas</i>	47
		B7 - Anemia ferropénica grave causada por uncinarias: reporte de caso y revisión de la literatura <i>Julio César Giraldo-Forero, Laura Andrea Muñoz-Niño, Karen Viviana Coronado-Castiblanco</i>	48

B8 - Reporte de caso de una paciente del pacífico caucano con PET/HAM que mejoró tratando retrovirus y roseolovirus <i>Julio César Klinger</i>	48	C9 - Resistencia de <i>Staphylococcus coagulasa</i> positivo aislado de pescados y manipuladores de expendios de plaza pública, Cartagena, Colombia <i>Piedad Franco-Anaya, María C. Ospino-Lanziano, Ricardo Morales-Castro, Jhovinson Vega-Ipuchima</i>	54
B9 - Esporotricosis linfagítica, reporte de caso <i>María Fernanda López, Andrés Camilo Contreras, Luis Reinel Vásquez, Fabiola Eugenia González, Julio César Klinger, Harold Jofre Bolaños</i>	48	C10 - Identificación de resistencia fenotípica y genotípica de bacterias aisladas a partir de fómites en Quindío, Colombia, junio a julio de 2018 <i>Natali Alfonso-Ortiz, Michael Farley Fuentes-Quimbayo, Valeria Ángel-Hernández, Jesús Fabricio Medina-Manrique, Carlos Andrés Rodríguez, Delia Piedad Recalde-Reyes</i>	54
DESARROLLO DE MEDICAMENTOS Y RESISTENCIA			
C1 - Efecto inmunomodulador y genotóxico de terpenos de aceites de <i>Lippia alba</i> sobre células infectadas por <i>Trypanosoma cruzi</i> <i>Wendy Quintero, Sandra Leal, Erika Moreno, Sandra Sanabria, Elena Stashenko, Liliana Torcoroma García</i>	50	C11 - Mediación de la reacción del huésped en la supervivencia y la sensibilidad de <i>Leishmania (V.) panamensis</i> ante el antimonio y la miltefosina <i>Diana María Girón-Cerón, Olga Lucía Fernández, Nancy Gore-Saravia</i>	55
C2 - Grandes cambios en la somía cromosómica, expresión génica y dosis genética que facilitan la resistencia frente al antimonio trivalente en <i>Leishmania braziliensis</i> y <i>Leishmania panamensis</i> <i>Luz H. Patiño, Hideo Imamura, Lissa Cruz-Saavedra, Paula Pavia, Carlos Muskus, Claudia Méndez, Jean Claude Dujardin, Juan David Ramírez</i>	50	C12 - Eficacia terapéutica del régimen estándar de cloroquina más primaquina para malaria por <i>Plasmodium vivax</i> en Quibdó, Colombia, 2018-2019 <i>V. Sierra, A. Ríos, E. Garzón, A. Holguín-Rocha, A. Tobón-Castaño, T. Lopera-Mesa, L. Zuluaga-Idarraga</i>	55
C3 - Alta prevalencia de mutaciones puntuales en los genes <i>dhfr</i> , <i>dhps</i> y <i>mdr1</i> en <i>Plasmodium vivax</i> de Colombia <i>Diego F. Echeverry, María F. Yasnot, Liliana Martínez, Alberto Tobón, Zuleima Pava</i>	51	C13 - Utilidad de Cromaleish, un tratamiento tópico a base de una hidrazida de cromano y sapogeninas de <i>Sapindus saponaria</i> para el manejo de la leishmaniasis cutánea no complicada <i>Sara M. Robledo, Sandra Piragauta, Fernando Echeverri, Rosendo Archbold, Gustavo Escobar, Yulieth Upegui, Javier Murillo, Iván D. Vélez, Wiston Quiñones</i>	56
C4 - Inmunogenicidad en ratones BALB/c y actividad funcional de la proteína recombinante Pvs48/45 de <i>Plasmodium vivax</i> formulada en diferentes adyuvantes para uso en humanos <i>Eduardo Solano, Nora Céspedes, Ángela Valencia, Daniela Gutiérrez, Jessica Gómez, Michelle Pardo, Juan Sebastián Ramírez, Sócrates Herrera, Myriam Arévalo-Herrera</i>	51	C14 - Antigenicidad y mapeo de epítomos funcionales de anticuerpos específicos contra la proteína Pvs48/45 de <i>Plasmodium vivax</i> en individuos previamente expuestos a la malaria en una zona endémica <i>Eduardo Solano, Nora Céspedes, Ángela Valencia, Daniela Gutiérrez, Jessica Gómez, Michelle Pardo, Juan Sebastián Ramírez, Sócrates Herrera, Myriam Arévalo-Herrera</i>	56
C5 - Otras alternativas de tratamiento para leishmaniasis cutánea no complicada, Apartadó, 2019 <i>Margarita Arboleda, Paola Ríos, Luz Yaned Úsuga, Sara M. Robledo</i>	52	C15 - Determinación de la actividad tripanosomicida <i>in vitro</i> de péptidos de defensa de escarabajos coprófagos del paisaje cafetero <i>Yuly Andrea Ramírez-Tabares, Lily Johana Toro-Segovia, Diana Carolina Henao, Germán Alberto Téllez-Ramírez, Jhon Carlos Castaño-Osorio</i>	57
C6 - Eficacia protectora de la radiación atenuada de esporozoítos irradiados de <i>Plasmodium vivax</i> en voluntarios en Colombia: ensayo clínico controlado <i>Karen Molina Gómez, M. Arévalo-Herrera, J. M. Vásquez-Jiménez, M. López-Pérez, A. F. Vallejo, A. B. Amado-Garavito, N. Céspedes, A. Castellanos, J. Trejos, J. Oñate, J. E. Epstein, T. L. Richie, Sócrates Herrera</i>	52	C16 - Evaluación de la sensibilidad a la anfotericina B de cepas de <i>Leishmania (V.) braziliensis</i> expuestas previamente a miltefosina <i>Marcela Castaño, Clemencia Ovalle-Bracho, María Clara Echeverry</i>	57
C7 - Vigilancia de enterobacterias, <i>Pseudomonas aeruginosa</i> y <i>Acinetobacter baumannii</i> productoras de carbapenemasas aisladas en instituciones de salud de Barranquilla (Colombia), 2012-2017 <i>Fernando Ruiz-Martín Leyes, Laura Arzuza-Ortega, Marlene Guerra-Sarmiento, Ronald Maestre-Serrano</i>	53	ENFERMEDADES TROPICALES Y VECTORES	
C8 - Perfil de resistencia de <i>Mycobacterium tuberculosis</i> a fármacos antituberculosos de primera línea y sus combinaciones en el departamento del Atlántico (Colombia), 2011-2016 <i>Fernando Ruiz-Martín Leyes, Laura Arzuza-Ortega, Marlene Guerra-Sarmiento, Ronald Maestre-Serrano</i>	53	D2 - Presencia de <i>Aedes aegypti</i> (L.) (Diptera: Culicidae) e infección natural por virus del dengue y casos probables de esta enfermedad en municipios por encima de 1.800 msnm, Cundinamarca, Colombia <i>Víctor Alberto Olano, Juan Sebastián Mantilla, Alexandra Porras, Carolina Coronel-Ruiz, Juan Felipe Jaramillo, Laura Cabezas, María Angélica Calderón-Peláez, Myriam L. Velandia-Romero</i>	59
		D3 - Distribución de la malaria en Colombia, 2010-2012 y 2016-2018 <i>Pablo Enrique Chaparro-Narváez</i>	59

D4 - Detección y cuantificación de neuraminidasa liberada por epimastigotes de cultivo de las subpoblaciones A, B, C y D de <i>Trypanosoma rangeli</i> <i>Carlos Mario Ospina, Julio César Carranza, Olimpo José García, Gustavo Adolfo Vallejo</i>	60	D14 - Evidencia de baja diversidad genética y poblaciones estructuradas de <i>Plasmodium vivax</i> : consideraciones para control y eliminación de la malaria en Colombia <i>Diego F. Echeverry, Juan D. Escobar, María F. Yasnot, Alexandra Ríos-Orrego, Lilibeth Martínez, Zuleima Pava</i>	64
D5 - Primer hallazgo de <i>Leishmania infantum</i> en bovinos de Colombia <i>Matilde Rivero-Rodríguez, Sindy Ordóñez, Alveiro Pérez-Doria, Eduar Elías Bejarano</i>	60	D15 - Diversidad genética de <i>Plasmodium falciparum</i> y presentación clínica de la infección en tres regiones endémicas de Colombia, 2016-2018 <i>Juan Camilo Pérez-Pérez, Gabriel Jaime Vélez, Ana María Vásquez, Diego Fernando Echeverry, Alberto Tobón-Castaño</i> .	65
D6 - Identificación molecular de <i>Leishmania (Viannia) braziliensis</i> en muestras clínicas de la región Caribe colombiana <i>Suljey Cochero-Bustamante, Matilde Rivero-Rodríguez, Luis Patemina-Tuirán, Óscar Pérez-Vargas, Wilmer Mejía-Chimá, Eduar Elías Bejarano</i>	60	D16 - Evaluación de cuatro pruebas rápidas para tamización de leishmaniasis visceral canina y humana <i>Giovanny Herrera, Adriana Castillo, Carolina Flórez, Martha Ayala, Omar Cantillo-Barraza, Juan David Ramírez</i>	65
D7 - Resistencia a permetrina en poblaciones colombianas de <i>Aedes aegypti</i> es asociada a la mutación f1558c en el gen del canal de sodio. Resistencia a permetrina asociada con la mutación f1558c en el gen del canal de sodio, en poblaciones colombianas de <i>Aedes aegypti</i> <i>Yurany Granada, Ana Mejía-Jaramillo, Omar Triana-Chávez</i>	61	D17 - Epidemiología de la infección por rickettsias en el municipio de Uramita, Colombia: un estudio posterior a un brote letal de rickettsiosis <i>Juan C Quintero-Vélez, Astrid Vanessa Cienfuegos-G., Lisardo Osorio-Q., Andrés F. Usuga-R., Sebastián Cifuentes, Sergio Solari, Juan D. Rodas-G., Francisco J. Díaz, Carlos Rojas-A</i>	66
D8 - Primer registro del parásito <i>Leishmania infantum</i> en poblaciones urbanas del ratón <i>Mus musculus</i> en Colombia <i>Alveiro Pérez-Doria, Matilde Rivero-Rodríguez, Jorge Rodríguez-Jiménez, Lilibeth Canchila, María José Conteras, Karol Rueda-Concha, Eduar Elías Bejarano</i>	61	D18 - Dinámica de transmisión en un foco de leishmaniasis cutánea en Norte de Santander: patrones de diversidad, especies de <i>Leishmania</i> y preferencias alimenticias de los flebotominos <i>Carolina Hernández, Claudia M. Sandoval-Ramírez, Aníbal A. Teherán, Reinaldo Gutiérrez-Marín, Ruth A. Martínez-Vega, Duvan Morales, Astrid Araque-Mogollón, Juan David-Ramírez</i>	67
D9 - Prevalencia constante de infecciones asintomáticas en poblaciones endémicas de malaria en Colombia a lo largo del tiempo <i>Karen Molina-Gómez, Juan M. Vásquez-Jiménez, Myriam Arévalo-Herrera, Juliana Henao-Giraldo, María Arce-Plata, Andrés F. Vallejo, Sócrates Herrera</i>	62	D19 - Detección genética de dípteros de importancia productiva en pequeños rumiantes del departamento de Boyacá <i>Adriana María Díaz-Anaya, Martín Orlando Pulido-Medellín, Jimmy Jolman Vargas-Duarte</i>	67
D10 - Physical growth and neurodevelopment of a cohort of children after 3.5 years of follow-up from mothers with Zika infection during pregnancy: Third report of the ZIKERNCOL study in Risaralda, Colombia <i>María Fernanda Zapata, Manuela Grajales, María Alejandra Arias, Jennifer Grajales, Héctor D. Bedoya-Rendón, Gloria M. González-Moreno, Julián Grajales-Rojas, Alfonso J. Rodríguez-Morales, Jaime A. Cardona-Ospina</i>	62	D20 - Infección natural por <i>Trypanosoma cruzi</i> (Trypanosomatidae) en triatomíneos (Hemiptera: Reduviidae) recolectados en el Departamento de Guainía, Colombia <i>Cesil Solís-Medina, Sara Zuluaga-Aguirre, Omar Triana, Omar Cantillo-Barraza</i>	68
D11 - Measles in children and adolescents in Colombia and its relationship with the outbreak and migration crisis from Venezuela – Implications in public health and travel medicine <i>Dayanne Rodríguez, Alfonso J. Rodríguez-Morales, Alberto E. Paniz-Mondolfi, José Antonio Suárez</i>	63	D21 - La malaria y coinfecciones en una región endémica de Venezuela <i>David A. Forero-Peña, Marisol Sandoval-De Mora, Iván Amaya, Cariagne Arenas, Ángel Gamardo, Melynar Chavero, Luisamy Figuera, María Fernanda Pedreros, Myriam Arévalo-Herrera, Sócrates Herrera</i>	68
D12 - Factores asociados a la enfermedad congénita de Chagas en embarazadas infectadas con <i>Trypanosoma cruzi</i> <i>Jesús Barrera, Yoshua Seidner, Javier Celis, Pedro Benavides, Juris Pérez, Ever Solano, Jorge Acosta, Juan Dib</i> ...	64	D22 - Avances en la caracterización de <i>Lutzomyia evansi</i> como vector de <i>Leishmania braziliensis</i> <i>Luis Romero-Ricardo, Dina Guevara-Canole, Eduar Elías Bejarano</i>	69
D13 - Analysis of the spatial and temporal distribution of the dengue (2006-2017), Zika (2015-2017) and chikungunya (2014-2017) viruses in Colombia <i>Luz Elena Triana-Vidal, Mónica Andrea Morales-García, María Janeth Arango-Cárdenas, Marisol Badiel-Ocampo, Daniel Elías Cuartas</i>	64	D23 - Presencia de <i>Leishmania (Viannia) spp.</i> en roedores de un área rural del departamento de Atlántico, sin registro de casos humanos de leishmaniasis <i>Alexander Bedoya-Polo, Wendy Zabala-Monterroza, Oswaldo Pérez-Doria, Eduar Bejarano-Martínez, Alveiro Pérez-Doria</i>	69
		D24 - Brote de enfermedad aguda de Chagas en la subregión del Magdalena medio antioqueño: caracterización clínica y molecular de <i>Trypanosoma cruzi</i> <i>Omar Cantillo-Barraza, Catalina Arango-Ferreira, Edwin Uriel Suárez, Sara Zuluaga, Omar Triana</i>	70

D25 - Desempeño analítico de la PCR-gen minixión para la identificación de especies de <i>Leishmania</i> a partir de muestras clínicas no invasivas <i>C. J. Villalba-Guerrero, A.C. González-Gómez, Clemencia Ovalle-Bracho</i>	70	D35 - Determinación de la competencia vectorial de <i>Stegomyia (Aedes) albopicta</i> S. (Diptera: Culicidae) ante la infección con los virus del dengue-2 y del Zika circulantes en Colombia <i>Carolina Ramos, Idalba Mildred Serrato, Paola Andrea Caicedo, Clara Ocampo, Dioselina Peláez-Carvajal, Martha Liliana Ahumada</i>	75
D26 - Caracterización genética de microfilarias circulantes en perros detectadas en Cali <i>Ángelo Rosero, Nathaly Espinosa, Claudia Lucía Villegas, Isabel Cristina García, Andrea Perea-Giraldo, Leidy Lorena Díaz-Ordóñez, Beatriz E. Ferro-R., Tania Cristina Gaviria, Luisa María Nieto-Ramírez</i>	71	D36 - Caracterización de los genotipos A, B, C y D de <i>Trypanosoma rangeli</i> mediante PCR-RFLP del gen citocromo oxidasa II (<i>COII</i>) <i>Liliana López-Manjarrés, Julio C. Carranza, Gustavo A. Vallejo</i>	76
D27 - Assessment of long-term follow-up patients with post-chikungunya chronic disease (pCHIK-CD) using the DAS-28 modified Clinical Disease Activity Index (CDAI), the Western Ontario and McMaster Universities Arthritis Index (WOMAC) and related validated scores: Preliminary results of a 4-year cohort in La Virginia, Risaralda, Colombia <i>Alfonso J. Rodríguez-Morales, Francisco Javier Arredondo, Brandon Steven Gómez, Daniella Ramírez, Marcelo Trujillo, Jaime A. Cardona-Ospina, Guillermo J. Lagos-Grisales</i>	71	D37 - Efecto de la temperatura sobre la conformación y el tamaño de las alas de <i>Nyssorhynchus triannulatus</i> (Diptera: Culicidae: Anophelinae) <i>Omar Alejandro Marín, Heiber Cárdenas-Henao, Ranulfo González-Obando</i>	76
D28 - Monitoreo de la fauna de flebotómíneos de importancia médica en San Francisco (Antioquia) y Salamina (Caldas) <i>Manuela Velásquez, Eduar E. Bejarano, Carlos E. Muskus, Daniel R. Matute, Rafael J. Vivero</i>	72	D38 - Spatial distribution of dengue in Honduras during 2016-2019 using Geographic Information Systems (GIS) – Implications during epidemic for public health and travel medicine <i>Lysien I. Zambrano, Edith Rodríguez, Iván Alfonso Espinoza-Salvado, Itzel Carolina Fuentes-Barahona, Tales Lyra de Oliveira, Glaucia Luciano da Veiga, José Cláudio da Silva, Jorge Alberto Valle-Reconco, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	77
D29 - Delimitación de especies dentro del género <i>Rhodnius</i> : ¿es <i>R. taquarussuensis</i> una nueva especie? <i>Juliana Damieli Nascimento, João Aristeu da Rosa, Fabián C. Salgado-Roa, Carolina Hernández, Carolina Pardo-Díaz, Kaio César Chaboli-Alevi, Amanda Ravazi, Jader de Oliveira, Maria Tercília Vilela de Azeredo Oliveira, Camilo Salazar, Juan David Ramírez</i>	72	D40 - Distribución e infección natural de triatominos (Hemiptera: Reduviidae), potenciales vectores de <i>Trypanosoma cruzi</i> en el departamento de Boyacá, 2017-2018 <i>Omar Cantillo-Barraza, Manuel Medina, Sara Zuluaga, Laura García, María Isabel Blanco, Sandra Suescún-Carrero Mabel Medina, Samanta Xavier, Omar Triana</i>	77
D30 - Factores asociados a la malaria complicada en Apartadó 2016 <i>Ana María Carvajal-Díaz, Luz Yaned Úsuga, Ángela Segura-Cardona, Piedad Agudelo-Flórez, Margarita Arboleda</i>	73	D41 - Efecto de la temperatura sobre la reproducción de <i>Panstrongylus geniculatus</i> (Hemiptera: Reduviidae: Triatominae) bajo condiciones controladas de laboratorio <i>Ricardo José Vivas, Julio César Carranza, Jairo Alfonso Clavijo, Felipe Guhl, Gustavo Adolfo Vallejo</i>	78
D31 - Perfil clínico y epidemiológico de la lepra en menores de 15 años de edad: casos notificados en el año de 2017 en el departamento de Maranhão, Brasil <i>Larissa Cristina Mendes-Serejo, Karen Johana Ortiz-Morea, Conceição de Maria Pedrozo e Silva De Azevedo</i>	73	D42 - Evaluación de la prueba rápida CL DetectTM en cepas del subgénero <i>Leishmania (Viannia)</i> <i>J. Jojoa, O. L. Fernández, A. Cossio, N. G. Saravia</i>	78
D32 - Aproximación a la diversidad viral en garrapatas del noroccidente de Colombia <i>Katterine Molina-Hoyos; Luís Enrique Paternina, Alveiro Pérez-Doria, Francisco J. Díaz, Juan D. Rodas</i>	74	D43 - Efecto de la temperatura sobre la variación fenotípica de las manchas costales de <i>Nyssorhynchus triannulatus</i> (Diptera: Culicidae: Anophelinae) <i>Omar Alejandro Marín, Heiber Cárdenas Henao, Ranulfo González Obando</i>	79
D33 - Flebotómíneos asociados a un foco de transmisión de leishmaniasis en la zona rural de la vereda El Alférez, Carmen de Bolívar <i>Yeisson Cera-Vallejo, Marlon Mauricio Ardila, Daisy Lozano-Arias, Lina Marcela Martínez-Pérez, Roberto García-Alzate, Alveiro Doria-Pérez</i>	74	D44 - Incidence of babesiosis in dogs diagnosed in a veterinary clinic in Florencia, Caquetá, 2009-2019 <i>Juan J. García-Bustos, D. Katterine Bonilla-Aldana, Janeth Lucía Santacruz-Barrera, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	79
D34 - Detección de transmisión vertical del virus del dengue en <i>Aedes aegypti</i> y <i>Aedes albopictus</i> en Medellín, Colombia <i>Guillermo L. Rúa-Urbe, Tatiana M. Giraldo-Jaramillo, Omar Triana, Raúl A. Rojo, Enrique A. Henao, Juliana Pérez-Pérez</i>	75	D46 - Diversidad y distribución espacial de la fauna Culicidae (Insecta: Diptera), en fragmentos de bosque seco tropical en Atlántico, Colombia <i>Paola Andrea Cervera-Marmolejo</i>	80
		D47 - Resistencia a los insecticidas lambdacialotrina y deltametrina en poblaciones de <i>Aedes aegypti</i> del departamento del Magdalena, Colombia <i>Suljei Cochero-Bustamante, Carlos Sermeño-Correa, Katuska Ariza-Campo, Alberto Bolaño-Ennis, Manuel Olivares-Martínez</i>	80

D48 - Desempeño analítico de la PCR-gen minixión para la identificación de especies de <i>Leishmania</i> a partir de muestras clínicas no invasivas <i>C. J. Villalba-Guerrero, A. C. González-Gómez, Clemencia Ovalle-Bracho</i>	81	D58 - Nuevos registros de especies de flebotomíneos en los departamentos de Bolívar y Tolima, Colombia <i>Lina Martínez-Pérez, Luis Romero-Ricardo, Eduar Elías Bejarano</i>	86
D49 - Caracterización filogenética de una población del complejo <i>Lutzomyia longipalpis</i> (Diptera: Psychodidae) del departamento de Sucre, Colombia, mediante el gen mitocondrial citocromo b <i>Dina Guevara-Canole, Luis Romero-Ricardo, Eduar Bejarano-Martínez, Alveiro Pérez-Doria</i>	81	D59 - Tipificación de <i>Leishmania</i> (<i>Viannia</i>) por secuenciación del gen <i>hsp70</i> a partir de muestras provenientes de áreas endémicas de transmisión <i>Juliana Hoyos, Mariana Rosales-Chilama, Cielo León, Camila González, María Adelaida Gómez</i>	86
D50 - Caracterización epidemiológica de pacientes con malaria, notificados por un asegurador en salud en Colombia, 2016-2017 <i>Carmen Laborde-Cárdenas, Estefanía Correa-Pérez, Leticia Cuadras-Arena, Kevin Aramendiz-Mestra, Paula Pareja-Loaiza, Ronald Maestre-Serrano</i>	81	D60 - Baja concordancia entre microscopía y PCR para el diagnóstico de malaria mixta en Quibdó, Chocó, 2018-2019 <i>Alexandra Ríos, Verónica Sierra, Andrés Holguín-Rocha, Lina Zuluaga-Idárraga, Tatiana Lopera</i>	87
D51 - Ecoepidemiology of dengue in Caquetá, Colombia, 2007-2017 D. <i>Katherine Bonilla-Aldana, Jorge Luis Bonilla-Aldana, Daniel Mateo Varón-Suárez, Marlon Mauricio Soto-Daza, Sandra Milena Londoño-Páez, Juan J. García-Bustos, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	82	D61 - Vigilancia de <i>Aedes aegypti</i> con trampas CDC AGO en el departamento del Cauca, Colombia C. A. Morales, A. H. Piamba, V. E. Eljach, P. Fuya	87
D52 - Prominent intervillous fibrin deposition and associated central nervous system abnormalities during <i>in utero</i> Zika infection <i>Alfonso J. Rodríguez-Morales, Yeimer Ortiz-Martínez, Carlos Fonseca, Henry Ostos, Fernando Bolaños, Frank Barreiro, Linda Esquivel, Sandra López, Wilmer E. Villamil-Gómez</i>	82	D62 - Geographical trends of chikungunya and Zika in the Colombian Amazonic Gate Department, Caquetá, 2015-2018 D. <i>Katherine Bonilla-Aldana, Jorge Luis Bonilla-Aldana, Juan J. García-Bustos, Carlos O. Lozada Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	88
D53 - Estimation of incidence rates of babesiosis in Colombia, 2009-2018 <i>D. Katherine Bonilla-Aldana, Jaime A. Cardona-Ospina, Samuel E. Idárraga-Bedoya, Guillermo J. Lagos-Grisales, José Antonio Suárez, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	83	D63 - Carga de la enfermedad por malaria, Colombia, 2017 y 2018 <i>Pablo Enrique Chaparro-Narváez, Diana Patricia Díaz-Jiménez, Carlos Andrés Castañeda-Orjuela</i>	88
D54 - Frecuencia de coinfección de dengue y chikungunya en pacientes de Antioquia, Tolima y Meta, 2017-2018 <i>Katerine Marín-Velásquez, Margarita Arboleda-Naranjo, Ana Luisa Muñoz-Ramírez, Berta Nelly Restrepo-Jaramillo</i>	83	D65 - Trends in yellow fever in the Amazonic Region of Colombia – An analysis at municipalities level using geographical information systems, 2007-2018 <i>D. Katherine Bonilla-Aldana, Jorge Luis Bonilla-Aldana, Daniel Mateo Varón-Suárez, Marlon Mauricio Soto-Daza, Sandra Milena Londoño-Páez, Juan J. García-Bustos, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	88
D55 - Epidemiology of dengue in Yopal, Casanare, Colombia, 2014-2019 <i>D. Katherine Bonilla-Aldana, Jorge Luis Bonilla-Aldana, Daniel Mateo Varón-Suárez, Marlon Mauricio Soto-Daza, Sandra Milena Londoño-Páez, Daniela Juliana Toro-Gómez, Juan J. García-Bustos, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	84	D67 - Enfermedad aguda de Chagas en Colombia: caracterización clínica y epidemiológica, 2012-2019 <i>Mario J. Olivera, Claudia Y. Rincón-Acevedo, Andrea S. Parada-García, Andrés Caicedo, Juan D. Ramírez</i>	89
D56 - Epidemiology of chikungunya in Yopal, Casanare, Colombia, 2014-2019 <i>D. Katherine Bonilla-Aldana, Jorge Luis Bonilla-Aldana, Daniel Mateo Varón-Suárez, Marlon Mauricio Soto-Daza, Sandra Milena Londoño-Páez, Daniela Juliana Toro-Gómez, Juan J. García-Bustos, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	84	D68 - Morfometría alar de poblaciones de <i>Triatoma dimidiata</i> de siete departamentos de El Salvador <i>César Daniel Girón-Segovia, Ana Miriam González-Pérez, Ana Marcela Díaz-Cisneros, Jennifer Ramírez-Rivas, Guillermo Recinos-Paredes, Brenda Patricia Funes-Osegueda, Enrique Eduardo Posada-Vaquerano</i>	90
D57 - Epidemiology of Zika in Yopal, Casanare, Colombia, 2015-2018 <i>D. Katherine Bonilla-Aldana, Jorge Luis Bonilla-Aldana, Daniel Mateo Varón-Suárez, Marlon Mauricio Soto-Daza, Sandra Milena Londoño-Páez, Daniela Juliana Toro-Gómez, Juan J. García-Bustos, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	85	D69 - Pyrethroid resistance in Chagas' disease vectors colonizing oil palm plantations: Implications for vector control strategies in a public health – agriculture interface <i>Johan M. Calderón, Liliana Santacoloma, Patricia Fuya, Camila González</i>	90
		D70 - Epidemiology of dengue, chikungunya and Zika in Leticia, Amazonas, Colombia, 2014-2019 <i>Juan David Anaconda-Montilla, D. Katherine Bonilla-Aldana, Diana Marcela Cardozo-Rendón, Luisa Fernanda Botello-Ortiz, Leidy Sánchez-Hincapie, Erika Y. Montoya-Amaya, Kevin Molina-Ortiz, Valentina Puerta-Laverde, Jorge Luis Bonilla-Aldana, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	91

D71 - Evidencias de domiciliación de <i>Eratyrus mucronatus</i> Stål, 1859 (Hemiptera: Reduviidae) en el barrio <i>San Jerónimo, Cúcuta, Colombia</i> <i>Leidy Rizo, Darío Sarmiento, Johana Yáñez, Astrid Araque, Reinaldo Gutiérrez, Carolina Torres, Rocío Cárdenas</i>	91	D83 - Vector-borne blood bacteria and parasite infections in animals from Caquetá, Florencia: A systematic review and metaanalysis from DVM theses performed in a local university <i>D. Katterine Bonilla-Aldana, Sandra Milena Londoño-Páez, Jorge Luis Bonilla-Aldana, Yury Katherine Mateus, Ignacio Antonio Vásquez-Hoyos, Cristian Armando Carvajal-Murcia, Daniela Juliana Toro-Gómez, Juan J. García-Bustos, José Antonio Suárez, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	97
D72 - Resultados preliminares de la competencia vectorial del virus del dengue-2 (DENV-2) y del Zika (ZIKV) en cepas de <i>Aedes aegypti</i> con presencia del mecanismo de resistencia de tipo Kdr <i>Idalba Mildred Serrato, Paola Andrea Caicedo, Clara Beatriz Ocampo, Dioselina Peláez-Carvajal, Martha Liliana Ahumada</i> ..	92	D84 - Geographical trends of leishmaniasis and Chagas' disease in the Colombian Amazonic gate department, Caquetá, 2007-2018 <i>D. Katterine Bonilla-Aldana, Sandra Milena Londoño-Páez, Jorge Luis Bonilla-Aldana, Yury Katherine Mateus, Ignacio Antonio Vásquez-Hoyos, Cristian Armando Carvajal-Murcia, Daniela Juliana Toro-Gómez, Juan J. García-Bustos, José Antonio Suárez, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	97
D73 - Actualización de la presencia de vectores de <i>Trypanosoma cruzi</i> en el área urbana del municipio de Sincelejo, Sucre <i>Carolina Julieth Ayala-Hoyos, Luis Roberto Romero-Ricardo, Eduar Elías Bejarano-Martínez</i>	92	D85 - Distribución vectorial e infección por los virus del dengue, del Zika y chikungunya en Ibagué, Tolima <i>María C. Carrasquilla, Mario I. Ortiz, Cielo León, Silvia Rondón, Beate Sander, Benoit Talbot, Manisha Kulkarni, Heriberto Vásquez, Camila González</i>	98
D74 - Desempeño de la aplicación móvil Guaral+ST para evaluar la respuesta terapéutica en pacientes con leishmaniasis cutánea en el suroccidente colombiano <i>Alejandra del Castillo, María del Mar Castro, Alexandra Cossio, Neal Alexander</i>	93	D86 - Importancia epidemiológica de <i>Aedes albopictus</i> en Medellín, Colombia <i>Guillermo L. Rúa-Uribe, Raúl A. Rojo, Enrique A. Henao, Juliana Pérez-Pérez</i>	98
D75 - Uso de trampas pegajosas (AGO) para la vigilancia de <i>Aedes aegypti</i> (Diptera: Culicidae) en tres regiones de Colombia <i>Diana Marcela Lucumí-Aragón, Suljey Cochero, Laureano Mosquera, Sussane Ardila, Yoldy Benavidez, Patricia Fuya</i>	93	D87 - Análisis proteómico de hemolinfa, glándulas salivales e intestino anterior en triatominos con capacidad lífica contra <i>Trypanosoma rangeli</i> y <i>Trypanosoma cruzi</i> <i>Hamilton Barbosa, Yazmín Suárez, Arlid Meneses, Julio C. Carranza, Gustavo Vallejo</i>	99
D76 - Diversificación geográfica de <i>Panstrongylus geniculatus</i> (Reduviidae: Triatominae) en Colombia <i>Carolina Hernández, Valentina Caicedo-Garzón, Fabián C. Salgado-Roa, Melissa Sánchez-Herrera, Luisa María Arias-Giraldo, Lineth García, Gustavo Vallejo, Omar Cantillo, Catalina Tovar, Joao Aristeu da Rosa, Hernán Carrasco, Maikell Segovia, Camilo Salazar, Juan David Ramírez</i>	93	D88 - Coinfección por <i>Leishmania</i> spp. y <i>Trypanosoma cruzi</i> en perros domésticos de un área urbana del Caribe colombiano <i>Matilde Elena Rivero-Rodríguez, Alveiro Pérez-Doria, Karol Rueda, Samanta das Chagas Xavier, Ana Jansen, Omar Cantillo, Eduar Elías Bejarano</i>	99
D77 - Circulación de parásitos del género <i>Trypanosoma</i> en flebotomíneos de un foco de leishmaniasis del norte de Colombia <i>Alexander Bedoya-Polo, Eduar Bejarano-Martínez, Alveiro Pérez-Doria</i>	94	D89 - Distribución de mosquitos (Diptera: Culicidae) asociados al domicilio y su potencial como vectores de arbovirus en el municipio de Sincelejo, departamento de Sucre <i>Suljey Cochero-Bustamante, Luis Julio Vega, José Amed Martínez, Omaira Meza-Primerio, Millet Zabaleta-Vanegas, Manuel Olivares-Martínez</i>	100
D78 - Estudio de la variabilidad genética de <i>Aedes aegypti</i> de dos zonas endémicas para dengue en Paraguay <i>Sady Brítez, Nilsa González-Brítez, Emmanuel Céspedes, María Ferreira, Cinthya González, Elsa López, Nidia Acosta</i>	95	D90 - Circulación de <i>Trypanosoma cruzi</i> (Kinetoplastea: Trypanosomatidae) en perros de zonas urbanas de Sincelejo, departamento de Sucre <i>Jesús David Guerra-Castillo, Yasmir Arroyo-Munive, Karol Liseth Rueda-Concha, Luis Enrique Paternina-Tuirán</i>	100
D79 - Prevalencia de la dirofilariosis cardiopulmonar en perros y seroprevalencia en humanos en el área metropolitana de Bucaramanga <i>María Victoria Esteban-Mendoza, Víctor Hernán Arcila-Quiceno, Rodrigo Morchón- García, Fernando Simón, Isabel Hernández, María Camila Flechas Alarcón</i>	95	D91 - Caracterización de la transmisión de la malaria en la interfase rural-urbana: importancia de la detección reactiva de casos <i>Karen Molina Gómez, M. A. Caicedo, A. Gaitán, M. Herrera-Varela, M. I. Arce, A. F. Vallejo, J. Padilla, P. Chaparro, M. A. Pacheco, A. A. Escalante, Myriam Arévalo-Herrera, Sócrates Herrera</i>	101
D80 - Comportamiento de la infección por virus del Chikungunya en pacientes con artritis reumatoide preestablecida <i>Mario Alejandro Bautista-Vargas, Nicolás Salazar-Otoya, Germán Puerta-Sarmiento, Carlos Alberto Cañas-Dávila</i>	96	D92 - Reporte de caso: brote de la enfermedad aguda de Chagas por transmisión oral en San José del Palmar, Chocó, Colombia <i>Astrid Carolina Flórez-Sánchez, Ricardo Andrés Caicedo, Maryi Lorena Segura-Alba, Adriana Catherine Castillo, Jessica Paola Bautista-Silva</i>	101
D81 - Vigilancia por el Laboratorio Nacional de Referencia de la leishmaniasis visceral, Colombia, 2018 <i>Martha Stella Ayala-Sotelo, Adriana Catherine Castillo-Castañeda, Liliana Jazmín Cortés-Cortés, Astrid Carolina Flórez-Sánchez</i>	96		

D93 - Caracterización molecular y detección morfológica de <i>Trypanosoma</i> spp. en mamíferos silvestres de Arauca, Colombia: un acercamiento a potenciales reservorios <i>María Paula Trujillo-Betancur, Juan David Carvajal-Agudelo, Héctor E. Ramírez-Chaves, Fredy Arvey Rivera-Páez</i>	102	D104 - Comparación de la utilidad de la prueba Kalazar Detect Canine™ y la inmunofluorescencia indirecta en el diagnóstico de leishmaniasis canina <i>Wilmer Andrés Mejía-Chimá, Óscar Yesid Pérez-Vargas, Matilde Elena Rivero-Rodríguez, Alveiro José Pérez-Doría, Eduar Elías Bejarano-Martínez</i>	107
D94 - Vigilancia por laboratorio de malaria: actividades y estructura de la red de diagnóstico, Colombia, 2018 <i>Liliana Jazmín Cortés, Martha Stella Ayala, Astrid Carolina Flórez</i>	102	D105 - Rol de la vegetación en dos focos periurbanos de leishmaniasis en la región Caribe colombiana <i>Horacio Cadena, Luis Gregorio Estrada, Andrés Vélez, Alexander Javier Bedoya, Edgar Ortega, Luz Adriana Acosta, Rafael José Vivero, Sandra I. Uribe, Eduar E. Bejarano</i>	108
D95 - Chikungunya and Zika natural and experimental infection rates by molecular and immunological techniques in animals: A systematic review and meta-analysis <i>Stephanía Jiménez-Cruz, D. Katterine Bonilla-Aldana, Sebastián Ramírez, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	103	D106 - Situación epidemiológica y manejo clínico inicial de la leishmaniasis cutánea en el departamento de Boyacá, Colombia, 2016-2018 <i>Lina Rosa Abril-Sánchez, María Alejandra Pardo-Pérez, Mabel Idaliana Medina-Alfonso, Sandra Helena Suescún-Carrero</i>	108
D96 - Molecular prevalence of bovine ehrlichiosis: A global systematic review and meta-analysis <i>D. Katterine Bonilla-Aldana, Keidenis Quintero-Rada, Juan Pablo Montoya-Posada, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	103	D107 - Caracterización de los determinantes productivos, ambientales y culturales asociados a la rickettsiosis en Jigual, Rosas, Cauca: un estudio de caso <i>Yiyola Peña-Ríos, Óscar E. López, Yadira Borrero</i>	109
D97 - Un nuevo método de punto de atención para la identificación efectiva de la seroprevalencia de dengue en comunidades endémicas <i>Chong Zhuo Lin, Filippo G. Bosco, Marco Donolato, Shamala Devi Sekaran, Laura C. Bohórquez</i>	104	D108 - Exploración del modelo de entropía máxima de los nichos y distribución del parásito <i>Trypanosoma cruzi</i> y el vector <i>Triatoma dimidiata</i> , en El Salvador <i>Guillermo Recinos-Paredes, Víctor D. Carmona-Galindo, Marcelo Armando-González, Ana Miriam González, Jenny Amaya-Díaz, María Fernanda Marín, Cesar Tesorero, Fernanda Palacios</i>	109
D98 - Evaluación del desempeño del sistema de vigilancia epidemiológica de la enfermedad de Chagas en el departamento del Valle del Cauca, 2017 <i>Diana Paola Moreno-Alegría, Lyda Osorio</i>	104	D109 - Protocolo para la potencial identificación de <i>Leishmania</i> spp. a partir de extendidos teñidos con Giemsa, Región Caribe de Colombia <i>Yhara Hernández-Tatis, Lily Martínez-Abad, Luis E. Paternina</i>	110
D99 - Factores asociados a viviendas infestadas por <i>Aedes aegypti</i> en un contexto de intervención educativa institucional continua, municipio de Castilla La Nueva, Meta <i>Adolfo Vásquez-Trujillo, Gabriel Parra-Henao, Doris Cardona-Arango</i>	105	D110 - Primera evidencia molecular de la circulación de <i>Anaplasma platys</i> en perros de Sincelejo, Sucre <i>Jesús D. Melendrez, Ana C. Payares, Yasmitr Arroyo, Karol L. Rueda, Luis E. Paternina</i>	110
D100 - Amplificación isotérmica mediada por bucle (LAMP): un nuevo método de diagnóstico molecular de la malaria en zonas de baja transmisión <i>Sonia Marcela Herrera, Jessica Gómez, Eydi Zúñiga, Michel Pardo, Juan Sebastián Ramírez, Gustavo Clemen, María Fernanda Pedreros, Nicolás Ortiz, Andrés Hoyos, Juan Carlos Corrales, Myriam Arévalo-Herrera</i>	105	D111 - Resistencia a insecticidas asociada con la mutación <i>phe-1534-cys</i> en <i>Aedes aegypti</i> del departamento central, Paraguay <i>Fátima Vázquez, Yolanda López, María Ferreira, Nilsa González-Britez</i>	111
D101 - <i>Anopheles</i> spp.: retos de los planes de eliminación de malaria en el Pacífico colombiano <i>Juan Sebastián Ramírez, Michelle Pardo, Leonor Elena Quiñones, María Angélica Riascos, Jorge Sequera, Sócrates Herrera</i>	106	D112 - Resistencia a insecticidas piretroides y DDT en los principales vectores de malaria de Colombia y su asociación con mutaciones en el canal de sodio dependiente de voltaje <i>Lorena Isabel Orjuela, Diego Alejandro Álvarez-Díaz, Juliana Andrea Morales, Nelson Grisales, Martha Liliana Ahumada, Juan Venegas, Martha Lucía Quiñones, María Fernanda Yasnot</i>	111
D102 - Epidemiología y factores de riesgo asociados a pediculosis <i>capitis</i> en una población escolar de Caloto, departamento del Cauca <i>Iván Camilo González-Hilamo, Bayron Daryan Osorio-Benavides, David López-Valencia, Ángela Patricia Medina-Ortega, Víctor Hugo Campo-Daza, Luis Reinel Vásquez</i>	106	D113 - Baja concordancia entre microscopía y PCR para el diagnóstico de malaria mixta en Quibdó, Chocó, 2018-2019 <i>Alexandra Ríos, Verónica Sierra, Andrés Holguín-Rocha, Lina Zuluaga-Idárraga, Tatiana Lopera</i>	112
D103 - Detección de anticuerpos IgG frente a rickettsias del grupo de las fiebres manchadas en animales domésticos del departamento de Caldas, Colombia <i>Cristian Camilo Serna-Rivera, Andrea Yepes, Yuliana Zapata Serna, Héctor Aricapa Giraldo, Fredy Arvey Rivera-Páez, Jorge Enrique Pérez-Cárdenas, Marylin Hidalgo- Díaz</i>	107	D114 - Infección natural por <i>Trypanosoma cruzi</i> (Trypanosomatidae) en triatomíneos (Hemiptera: Reduviidae) recolectados en el departamento de Guainía, Colombia <i>Cesil Solís-Medina, Sara Zuluaga-Aguirre, Omar Triana, Omar Cantillo-Barraza</i>	112

D115 - Primer registro de los agentes patógenos <i>Trypanosoma cruzi</i> y <i>Leishmania (Viannia)</i> en <i>Didelphis marsupialis</i> del departamento del Atlántico Wendy Zabala-Monterroza, Alexander Bedoya-Polo, Oswaldo Pérez-Doria, Eduar Bejarano-Martínez, Alveiro Pérez-Doria.....	113	D126 - Global scientific production on <i>Ehrlichia</i> : Implications for further research in Latin America of a bibliometric assessment D. Katterine Bonilla-Aldana, Samuel E. Idárraga-Bedoya, Mariana Chacón-Peña, Daniela Osorio-Navía, Jessica Paola Martínez-Hidalgo, María Angélica Reina-Mora, Jaime A. Cardona-Ospina, Erika V. Jiménez-Posada, Alfonso J. Rodríguez-Morales.....	118
D116 - Circulación y caracterización molecular de <i>Leishmania</i> en perros residentes del área urbana de Sincelejo, Sucre Karol Rueda-Concha, Ana Payares, Jesús D. Meléndez, Yasmir Arroyo-Munive, Luis E. Paternina.....	113	D127 - Evaluación de una nueva variante de PCR-RFLP del gen <i>hsp70</i> para la identificación de <i>Leishmania</i> spp. a partir de muestras clínicas en Colombia Yhara Hernández-Tatis, Suljey Cochero-Bustamante, Lily Martínez-Abad, Luis E. Paternina.....	118
D117 - Estimación de la fuerza de la infección por medio de encuestas serológicas con pruebas diagnósticas imperfectas Neal Alexander, Mabel Carabali, Jacqueline K. Lim.....	114	D128 - Integración del modelo de nicho ecológico de slevotomíneos y mapeo de datos de vigilancia de leishmaniasis cutánea para identificar áreas de riesgo de subregistro en Colombia Clara B. Ocampo, Lina Guzmán-Rodríguez, Mabel Soraya Moreno, Carlos Valderrama-Ardila, Neal Alexander.....	119
D118 - Multifactorial palm influence on the abundance and <i>Trypanosoma cruzi</i> infection of <i>Rhodnius prolixus</i> infesting <i>Attalea butyracea</i> and <i>Elaeis guineensis</i> palms Johan M. Calderón, Diana Erazo, Troy J. Kieran, Cielo León, Travis C. Glenn, Felipe Guhl, Juan Cordovez, Nicole L. Gottdenker, Camila González.....	114	D129 - Dinámica epidemiológica y espacio-temporal de la transmisión de chikungunya, Apartadó, Antioquia, Colombia, 2018 Pablo Uribe-Restrepo, Katerine Marín-Velázquez, Margarit Arboleda-Naranjo, Berta Nelly Restrepo-Jaramillo.....	119
D119 - Aislamiento parasitológico y ensayo de infectividad en un caso clínico de leishmaniasis visceral canina urbana Óscar Yesid Pérez-Vargas, Wilmer Andrés Mejía-Chima, Matilde Elena Rivero-Rodríguez, Alveiro José Pérez-Doria, Eduar Elías Bejarano-Martínez.....	115	D130 - Caracterización de portadores de gametocitos de malaria por <i>Plasmodium falciparum</i> en Quibdó, Chocó, 2018-2019 Luisa Carbal, Verónica Sierra, Alexandra Ríos, Tatiana Lopera, Lina Zuluaga.....	119
D120 - Detección de <i>Trypanosoma cruzi</i> , unidades de tipificación discretas y preferencias alimenticias en <i>Psammolestes arthuri</i> Natalia Velásquez-Ortiz, Carolina Hernández, Giovanni Herrera, Lissa Cruz-Saavedra, Adriana Higuera, Luisa M. Arias-Giraldo, Plutarco Urbano, Andrés Cuervo, Anibal A. Teherán, Juan David Ramírez.....	115	D131 - Validación de una PCR anidada de OmpB-RFLP para la diferenciación de especies de <i>Rickettsia</i> encontradas en Colombia Marcela Gómez-Gómez, Luis E. Paternina, Juan David Rodas.....	120
D122 - Implementación de un programa de medicina preventiva para toxocarías para los felinos del Zoológico Andino Municipal de Oruro, Bolivia Rodrigo Raúl Herbas-Rendón.....	116	D132 - Analysis of the spatial and temporal distribution of the dengue virus (2006-2017), Zika (2015-2017) and Chikungunya (2014-2017) in Colombia Luz Elena Triana-Vidal, Mónica Morales, Janeth Arango, Marisol Badiel, Daniel Cuartas.....	120
D123 - Congenital atrial and ventricular septal defects, leg length discrepancy and syndactyly of left limb potentially related to <i>in utero</i> Chikungunya virus infection Wilmer E. Villamil-Gómez, Ulises Enrique Mendoza-Olaya, Ángel Monterrosa-Puente, Luis Alfredo Blanco-Castiblanco, Jorge L. Alvarado-Socarrás, Alfonso J. Rodríguez-Morales.....	116	D133 - Aves silvestres y garrapatas duras (Acari: Ixodidae) infectadas con <i>Rickettsia</i> spp. en el departamento de Caldas, Colombia Estefani T. Martínez-Sánchez, Marelid Cardona-Romero, Mateo Ortiz-Giraldo, William David Tobón-Escobar, Daniel Moreno-López, Paula A. López-Ossa, Jorge E. Pérez-Cárdenas, Fredy A. Rivera-Páez, Gabriel J. Castaño-Villa.....	121
D124 - Bibliometric assessment of the global scientific production on <i>Anaplasma</i> : Implications for further research in Latin America D. Katterine Bonilla-Aldana, Samuel E. Idárraga-Bedoya, Mariana Chacón-Peña, Daniela Osorio-Navía, Jaime A. Cardona-Ospina, Erika V. Jiménez-Posada, Alfonso J. Rodríguez-Morales.....	117	D134 - Interacciones vector-huésped entre ectoparásitos (Diptera: Streblidae) y murciélagos (Mammalia: Chiroptera) en un gradiente altitudinal de los Andes centrales del departamento de Caldas, Colombia Mateo Ortiz-Giraldo, Andrés Fernando Tamayo-Zuluaga, Hernando de Jesús Osorio-Acevedo, Héctor Emilio Ramírez-Chaves.....	121
D125 - Research on <i>Borrelia</i> : A bibliometric assessment of a tick-borne pathogen neglected in Latin America D. Katterine Bonilla-Aldana, Samuel E. Idárraga-Bedoya, Mariana Chacón-Peña, Daniela Osorio-Navía, Jessica Paola Martínez-Hidalgo, María Angélica Reina-Mora, Jaime A. Cardona-Ospina, Erika V. Jiménez-Posada, Alfonso J. Rodríguez-Morales.....	117	D135 - Garrapatas duras (Acari: Ixodidae) asociadas a aves silvestres y su papel en la transmisión de <i>Rickettsia</i> spp. en la región de la Orinoquia colombiana Marelid Cardona-Romero, Estefani T. Martínez-Sánchez, Johnathan Álvarez-Londoño, Fredy A. Rivera-Páez, Gabriel J. Castaño-Villa, Paula A. Ossa-López, Jorge E. Pérez-Cárdenas.....	122

D136 - Evaluación comparativa de los métodos de conservación y extracción de ADN en sangre de mamíferos silvestres utilizada en el estudio de hemoparásitos <i>Juan David Carvajal-Agudelo, María Paula Trujillo-Betancur, Daniela Velásquez-Guarín, Jorge Enrique Pérez-Cárdenas, Héctor E. Ramírez-Chaves, Fredy A. Rivera-Páez</i>	122	E6 - Infección natural de <i>Didelphis marsupialis</i> (Mammalia: Marsupialia) con <i>Leishmania</i> spp. en el foco urbano de leishmaniasis del municipio de Ovejas, Colombia <i>Jorge Rodríguez-Jiménez, Matilde Rivero, Samanta das Chagas-Xavier, Omar Cantillo, Ana Jansen, Alveiro Pérez-Doria, Eduar E. Bejarano</i>	128
D137 - Diseño <i>in silico</i> de pequeños ARN de interferencia (siRNA) contra el virus del dengue <i>Carlos Andrés Rodríguez-Salazar, Jhon Carlos Castaño-Osorio, Leonardo Padilla-Sanabria, Delia Piedad Recalde-Reyes</i>	123	E7 - Detección de puntos calientes para la transmisión de la malaria en el sur de Córdoba, 2015-2017 <i>María Camila Velasco-Pareja, María Fernanda Yasnot, Misael Pastrana, Gustavo Quintero</i>	129
D138 - Atypical, severe and fatal chikungunya: A systematic review and meta-analysis <i>Diana Ávila-Reyes, Mateo Aguirre-Flórez, Jaime A. Cardona-Ospina, José Fernando Gómez, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	123	E8 - Detección de <i>Toxoplasma gondii</i> en agua de consumo humano proveniente de jagüeyes del área rural de Sincelajo <i>Diana Marcela Campo-Portacio, Luisa Fernanda Guerrero-Velásquez, Angie Patricia Castillo-García, Pedro José Blanco-Tuirán</i>	129
D139 - Hallazgo de <i>Leishmaniavirus</i> en cepas causantes de leishmaniasis aisladas en el departamento de Sucre, Colombia <i>Lina Marcela Acosta-Martelo, Jachie Xilena Beltrán-Abad, Lily Paola Martínez-Abad, Luis Enrique Paternina-Tuirán, Erwin Yesid Camacho-Burgos</i>	124	E9 - Caracterización clínica del accidente ofídico en un centro de referencia del nororiente colombiano <i>Pedro Fabián López-Aldana, Jorge Andrés Rueda-Gutiérrez, Vladimir Alberto Jaimés-García, Mónica Alexandra Ramírez-Blanco</i>	130
D140 - Reporte de un caso humano de <i>Rickettsia parkeri</i> cepa Atlantic Rainforest en Turbo, Colombia <i>Leidy Y. Acevedo-Gutiérrez, Margarita Arboleda, Dayro Ospina, Alejandra M. Avila, Andrés F. Londoño, Francisco J. Díaz5, Juan D. Rodas</i>	124	E10 - Detección de huevos de helmintos en aguas empleadas para riego de la sabana occidental de Cundinamarca, Colombia <i>L. E. Chandillo, G. Sánchez, D. F. Guevara, C. Ortiz, C. Sánchez, A. Oviedo, M. C. Bustos, M. C. Echeverry, M. C. López</i>	130
D141 - Caracterización clínica y epidemiológica de pacientes con leishmaniasis mucosa coinfectados o no con <i>Leishmaniavirus</i> <i>Fredy Alexander Pazmiño, Diana Marcela Parra, Carlos Humberto Saavedra, Clemencia Ovalle-Bracho, Sandra Muvdi, María Clara Echeverry</i>	125	E11 - Aislamiento de amebas de vida libre en fuentes de agua natural de Turbaco, Bolívar, Colombia <i>Marina Morales-Aleans, Mauricio Orozco-Ugarriza, Luisa Carbal, Linda Foen</i>	131
SALUD PÚBLICA		E12 - Carga económica de la enfermedad de Chagas en Colombia, 2017 <i>Mario J. Olivera, Giancarlo Buitrago</i>	131
E1 - Desafíos para la eliminación de la malaria urbana y periurbana en Guapi, Colombia, 2016 <i>O. Murillo, J. Padilla, J. P. Escobar, C. A. Morales</i>	126	E13 - Seroprevalence of <i>Neospora caninum</i> infection in cattle from Pereira, Colombia <i>Samuel E. Idarraga-Bedoya, Jaime Álvarez-Chica, D. Katterine Bonilla-Aldana, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	131
E2 - Validación de una prueba molecular aplicable en campo para el diagnóstico de la leishmaniasis cutánea con participación de la comunidad <i>Alexandra Cossio, Jimena Jojoa, María del Mar Castro, Ruth Mabel Castillo, Nancy Saravia, Bruno Travi</i>	126	E14 - Efecto de la infección por <i>Plasmodium</i> spp. en la reacción inflamatoria y angiogénica en mujeres gestantes de zonas endémicas para malaria en Colombia <i>Maritza Posada Vélez, Ana María Vásquez</i>	132
E3 - Utilidad del marcador molecular miniexón (<i>spliced leader</i>) en la discriminación de subgrupos dentro de las unidades discretas de tipificación TcI, TcIII Y TcIV de <i>Trypanosoma cruzi</i> <i>Oneida Espinosa-Álvarez, Luciana Lima, Paola Andrea Ortiz-Vargas, Gladys Elena Crisante-Rojas, Julio César Carranza-Martínez, Erney Felicio Plessman-Camargo, Marta María Gerales-Teixeira</i>	127	E15 - <i>Leishmania</i> en las Américas: desarrollo de una base de datos y mapas interactivos de la distribución de las especies de <i>Leishmania</i> circulantes en América <i>Giovanny Herrera, Marius Jean Bottin, Natalia Barragán, Nicolás Luna, David Martínez, Frasella De Martino, Julián Medina, Sergio Niño, Luisa Páez, Angie Ramírez, Laura Vega, Valeria Velandía, Michelle Vera, María Fernanda Zúñiga, Juan David Ramírez</i>	132
E4 - Vulnerabilidad social, un blanco fatal de la coinfección TB-HIV en Cali <i>J. D. Gómez, C. Candelo, S. Victoria, L. Luna, R. Pacheco, B. E. Ferro</i>	127	E16 - Mapping the temporo-spatial trends of snakebites in the Colombian Amazonic gate department, Caquetá, 2007-2017 <i>D. Katterine Bonilla-Aldana, Sandra Milena Londoño-Páez, Jorge Luis Bonilla-Aldana, Yury Katherine Mateus, Ignacio Antonio Vásquez-Hoyos, Cristian Armando Carvajal-Murcia, Daniela Juliána Toro-Gómez, Juan J. García-Bustos, José Antonio Suárez, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	133
E5 - Infecciones asintomáticas y submicroscópicas por <i>Plasmodium</i> spp. en la frontera colombo-peruana, Amazonas, 2017 <i>Mónica Rondón-Cotacio, Olga Bellido, Luz Mila Murcia, Gabriel Vélez-Tobón, Andrés Holguín-Rocha, Alberto Tobón-Castaño</i> ..	128		

E17 - Factores de riesgo asociados a muerte específica por tuberculosis en Colombia <i>Soraya Salas-Romero, Jaime Lorduy-Gómez</i>	133	E28 - Frecuencia de geohelminthos intestinales presentes en la población infantil de un municipio de Bolívar, Colombia <i>Dilia Aparicio-Marengo, Diana Duarte-Amador, Andrés Sánchez-Caraballo, Mavianis Pinilla-Pérez, Julio Daniellies Díaz</i>	139
E18 - Perfil de las enfermedades infecciosas y parasitarias en bovinos de los municipios de Patía y Mercaderes, Cauca <i>Julio César Tobón, Diego Ortiz-Ortega, Lina María Muñoz, Diego Vergara, Mercedes Adriana Tutalchá, Santiago Cruz, Ana Emilce Hurtado, Milton Ramiro Imbachi, Luis Reinel Vásquez</i>	134	E29 - Conocimientos, actitudes y prácticas ante la malaria en un municipio del oriente colombiano <i>Gloria Isabel Jaramillo, César García, Carol Yovana Rosero, Franco Andrés Montenegro</i>	139
E19 - Bovine brucellosis in Latin America: A systematic review and meta-analysis <i>D. Katterine Bonilla-Aldana, Adrián Esteban Trejos-Mendoza, Soffia Pérez-Vargas, Estefany Rivera-Casas, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	134	E30 - Leishmaniasis y su vector en zonas de expansión urbana de Villavicencio (Meta): una amenaza creciente <i>Brayan Ávila, Kenny Santodomingo, Luz Stella Buitrago, Gloria Isabel Jaramillo</i>	140
E20 - Red de parasitismo intestinal: experiencia y resultados del Distrito Capital <i>Marisol García-Villamarín, Zuly Arévalo-Gálvez</i>	135	E31 - Presencia de nematodos <i>Anizakis</i> en peces comercializados en la costa del Pacífico colombiano <i>Jennifer Alejandra Castellanos, Rubén Mercado, Sebastián Peña, Liliana Salazar, María Carolina Pustovrh</i>	140
E21 - La carga de la microcefalia asociada con Zika en Colombia: estimación de los años perdidos ajustados por discapacidad en los años 2015 y 2016 <i>A. Mora-Salamanca, A. Porras-Ramírez, F. P. De la Hoz-Restrepo</i>	135	E32 - Potenciales áreas de circulación de <i>Rickettsia</i> spp. en el noroeste de Colombia a partir del uso de equinos como centinelas <i>Leidy Y. Acevedo-Gutiérrez, Luis E. Paternina, René Ramírez, Marcelo B. Labruna, Juan D. Rodas González</i>	141
E22 - Orthohantavirus pulmonary syndrome in Santa Cruz and Tarija, Bolivia, 2018 <i>Roberto Torres-Fernández, Dagner Montalván-Plata, Claudia Marcela Montenegro-Narváez, Jorge Luis Avilés-Sarmiento, Juan Pablo Escalera-Antezana, Lucía Elena Alvarado-Arnez, D. Katterine Bonilla-Aldana, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	136	E33 - Mapping the incidence of animal bites potentially transmitting rabies and its importance for rabies surveillance, Caquetá, Colombia, 2007-2018 <i>D. Katterine Bonilla-Aldana, Jorge Luis Bonilla-Aldana, Daniel Mateo Varón-Suárez, Marlon Mauricio Soto-Daza, Sandra Milena Londoño-Páez, Juan J. García-Bustos, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	141
E23 - Modelo de vigilancia comunitaria aplicado a la detección y el seguimiento de casos de leishmaniasis cutánea, un aporte desde la innovación social en salud <i>Martha Milena Bautista</i>	136	E34 - Bibliometric assessment of the global scientific production on parvovirus: implications for further research in Latin America <i>D. Katterine Bonilla-Aldana, Adrián Esteban Trejos-Mendoza, Soffia Pérez-Vargas, Estefany Rivera-Casas, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	142
E24 - Incidence of bites and injuries due to Crocodylia (Owen, 1842) in Colombia, 2009-2018 <i>D. Katterine Bonilla-Aldana, Jaime A. Cardona-Ospina, Samuel E. Idarraga-Bedoya, Guillermo J. Lagos-Grisales, José Antonio Suárez, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	137	E35 - Bibliometric assessment of the global scientific production on canine Distemper virus: Implications for further research in Latin America <i>D. Katterine Bonilla-Aldana, Keidenis Quintero-Rada, Juan Pablo Montoya-Posada, Sebastián Ramírez, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	142
E25 - Características clínicas y demográficas de los pacientes con diagnóstico de leptospirosis reportados al Laboratorio Departamental de Salud Pública del Valle del Cauca entre 2017 y 2018 <i>Andrés Augusto González, Sebastián Baena, Durney Palomino, Beatriz E. Ferro, Robinson Pacheco</i>	137	E36 - Seroprevalencia de <i>Brucella canis</i> en caninos de un refugio para mascotas ubicado en Bogotá, Colombia <i>Astrid J. Laverde-Castellanos, Daniela Restrepo-Botero, Diego Hernández-Pulido, Isabel S. Sandoval-Bolaño</i>	143
E26 - Estimación de la carga de la enfermedad de dengue, chikunguña y Zika en Colombia entre 2013 y 2016 <i>A. Mora-Salamanca, A. Porras-Ramírez, F. P. De la Hoz Restrepo</i>	138	E37 - Increase in the incidence of animal bites potentially transmitting rabies and its importance for rabies surveillance, report, and GIS-mapping by different health information systems in children and adolescents, Colombia, 2009-2017 <i>D. Katterine Bonilla-Aldana, Jaime A. Cardona-Ospina, Samuel E. Idarraga-Bedoya, Guillermo J. Lagos-Grisales, José Antonio Suárez, Julieth Paola Suárez-De la Ossa, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	143
E27 - <i>Trypanosoma cruzi</i> and <i>Leishmania</i> (Euglenozoa: Kinetoplastea, Trypanosomatidae) in synantropic <i>Didelphis marsupialis</i> of Los Montes de María, El Carmen de Bolívar (Bolívar, Colombia) <i>Marlon Mauricio Ardila, Yeisson Cera-Vallejo, Roberto García-Alzate, Daisy Lozano-Arias, Leidi Herrera, Alveiro Pérez-Doria</i>	138		

E38 - Aislamiento y caracterización molecular de <i>Cryptococcus neoformans</i> en heces de <i>Columba livia</i> en el perímetro urbano de Ibagué, Colombia, 2019: estudio preliminar <i>Adriana Vásquez, Luis Reinel Vásquez, Maryeimy Varón, Patricia L. Escandón, Fabiola E. González</i>	144	E48 - <i>Leptospira</i> spp. y <i>Mycobacterium</i> en ganado bovino del municipio de Los Palmitos, Sucre <i>Lina Lineth Durán-Cueto, Pedro José Blanco-Tuirán, Libardo Caraballo-Blanco</i>	148
E39 - Bibliometric assessment of the global scientific production on <i>Neospora</i> : implications for further research in Latin America <i>Samuel E. Idarraga-Bedoya, D. Katterine Bonilla-Aldana, Mariana Chacón-Peña, Daniela Osorio-Navía, Jéssica Paola Martínez-Hidalgo, María Angélica Reina-Mora, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	144	E49 - Tripanosomatídeos (Kinetoplastea: Tripanosomatidae) en <i>Gonatodes albogularis</i> (Duméril & Bibron, 1836) (Reptilia: Squamata) visitantes sinantrópicos de la vereda El Alférez, El Carmen de Bolívar, Bolívar, Colombia <i>J. Sarmiento, D. Lozano, L. Herrera, R. García-Alzate</i>	149
E40 - La vigilancia serológica y molecular de <i>Trypanosoma cruzi</i> en perros (<i>Canis lupus familiaris</i>) sugiere áreas con potencial riesgo de transmisión en el área Metropolitana de Bucaramanga, Colombia <i>Jeiczon Jaimés-Dueñez, Ángela Patricia Jiménez-Leaño, María Esteban-Mendoza, Iván Mauricio Villamizar-Rivera, María Fernanda Castellanos-Banda, Lucas Moreno-Salcedo, Omar Cantillo-Barraza, Omar Triana-Chávez</i>	145	PATOGÉNESIS	
E41 - Prevalencia de crisis convulsivas tardías en pacientes con neurocisticercosis en un hospital de tercer nivel en Popayán, Cauca <i>Karolina Stefany Hurtado-Campo, Brenda Yuliana Giraldo-Jiménez, Jorge Alfredo Daza-Pérez, Mario Ernesto Galíndez-Muñoz, Luis Reinel Vásquez, Carlos Velasco</i>	145	F1 - Efecto de variantes en los genes <i>IL6R</i> , <i>TLR3</i> y <i>DC-SIGN</i> sobre el desarrollo del dengue <i>Efrén Avendaño-Tamayo, Álex Rúa, María Victoria Parra-Marín, Winston Rojas, Omer Campo, Juan Chacón-Duque, Piedad Agudelo-Flórez, Carlos F. Narváez, Doris M. Salgado, Bertha Nelly Restrepo</i>	150
E42 - Bibliometric assessment of the global scientific production on coronavirus: Implications for further research in Latin America <i>D. Katterine Bonilla-Aldana, Keidenis Quintero-Rada, Juan Pablo Montoya-Posada, Sebastián Ramírez, Alfonso J. Rodríguez-Morales</i>	146	F2 - Evaluación de citocinas proinflamatorias y reguladoras como candidatas a biomarcadores pronóstico de complicaciones en pacientes con infección por <i>Plasmodium vivax</i> <i>Catalina Tovar-Acero, María Camila Velasco, Paula Avilez-Vergara, Dina Ricardo- Caldera, Ana Rodríguez, María Fernanda Yasnot-Acosta</i>	150
E43 - Detección de <i>Giardia lamblia</i> y <i>Toxoplasma gondii</i> en muestras de suelo y agua asociadas al río Quindío <i>Valeria Alejandra Pinto-Duarte, Gloria Deicy Muñoz-Sánchez, Fabiana Lora-Suárez, Jorge Enrique Gómez-Marin</i>	146	F3 - <i>Ehrlichia canis</i> (Rickettsiales: Anaplasmataceae) en garrapatas duras asociadas a mamíferos domésticos y aves silvestres en el departamento de Caldas, Colombia.....	151
E44 - Parásitos intestinales de baja circulación detectados en el control de calidad realizado a la Red Distrital de Laboratorios de Parasitología en el periodo 2015-2019 de Bogotá <i>Zuly Arévalo-Gálvez, Catalina Figueroa-Niño, Marisol García-Villamarín</i>	147	F4 - Farmacometabólica del antimoniato de meglumina en pacientes con leishmaniasis cutánea <i>Deninson Alejandro Vargas, Miguel Darío Prieto, Álvaro José Martínez-Valencia, Alexandra Cossio, Karl E. V. Burgess⁵, Richard J. S. Burchmore, María Adelaida Gómez</i>	151
E45 - Hospital surveillance network for influenza virus and other respiratory viruses in Cartagena <i>Juan Manuel Quintero-Soto, Miguel Ángel Cardales-Periñán, Deivis Javier Villanueva-Pájaro, Víctor Alberto Laguna-Torres, Doris Gómez-Camargo</i>	147	F5 - Exploración de la contribución de las células Th17 en el desenlace terapéutico de la leishmaniasis cutánea causada por <i>Leishmania</i> (<i>Viannia</i>) <i>Adriana Navas, Eliana Ceballes, María Adelaida Gómez</i>	152
E46 - Cobertura y fidelidad de la implementación del Xpert MTB/RIF en un área de alta carga para tuberculosis pulmonar en Colombia <i>Freddy Agredo, Lyda Osorio</i>	147	F6 - <i>Galleria mellonella</i> (Lepidoptera) un modelo para el estudio de la patogénesis de microorganismos causantes de infección humana <i>María del Pilar Crespo-Ortiz, María Elena Burbano, Mauricio Barreto</i>	152
E47 - <i>Trypanosoma cruzi</i> and <i>Leishmania</i> (Euglenozoa: Kinetoplastea, <i>Trypanosomatidae</i>) in synantropic <i>Didelphis marsupialis</i> of Los Montes de María, El Carmen de Bolívar, Bolívar, Colombia <i>Marlon Mauricio Ardila, Yeisson Cera-Vallejo, Roberto García-Alzate, Daisy Lozano-Arias, Leidi Herrera, Alveiro Pérez-Doria</i>	148	F7 - Reacción de anticuerpos naturalmente adquiridos a <i>Plasmodium falciparum</i> y <i>Plasmodium vivax</i> en dos zonas endémicas para malaria en Antioquia <i>Jehidys Montiel, Berlin Londoño, Gabriel Vélez, Verónica Sierra, Luisa Carbal, Ana Vásquez</i>	153
		F8 - Respuesta de anticuerpos a <i>Plasmodium falciparum</i> y <i>Plasmodium vivax</i> naturalmente adquiridos en dos zonas endémicas para malaria en Antioquia <i>Jehidys Montiel, Berlin Londoño, Gabriel Vélez Verónica Sierra, Luisa Carbal, Ana Vásquez</i>	153
		F9 - Alteraciones fenotípicas y funcionales en los monocitos de pacientes con sífilis secundaria <i>L. G. Ramírez, J. A. García, K. L. Hawley, L. C. Rubiano, J. C. Salaza</i>	154

F10 - Determinación de los anticuerpos antifosfatidilserina asociados a anemia y trombocitopenia en pacientes con malaria del noreste de Colombia <i>María Fernanda Yasnot, Juan Rivera, Rossana Villegas, Ana Rodríguez</i>	154	F22 - Evaluación de las citocinas IL-1 β , TNF- α e IL-10 como posibles moléculas biomarcadoras predictoras de sepsis en pacientes hospitalizados <i>Linda María Chams, Yeila Marcela Espitia, Mariam Kris Manga, Lisy Gracia, Agustina Noble, María Fernanda Yasnot</i>	160
F11 - Estado clínico, epidemiológico e inmunológico de los pacientes con síndrome febril agudo inespecífico en un hospital de tercer nivel en el departamento de Córdoba <i>Yira Estefani Reyes, Ena Luz Torres-Arroyo, Virginia Rodríguez, María Camila Velasco, Gustavo Quintero, Onay Salgado, María Fernanda Yasnot</i>	155	F23 - Remodelado de transcripción durante la metaciclógenésis de <i>Trypanosoma cruzi</i> <i>Lissa Cruz-Saavedra, Juan David Ramírez-González</i>	161
F12 - Asociación entre interleucina-6 (IL-6), trombocitopenia y parasitemia en pacientes con malaria por <i>Plasmodium vivax</i> , Córdoba, Colombia <i>Myriam Elena Cantero, Yuranis Andrea García, Jhonatan Peña, María Camila Velasco, María Fernanda Yasnot</i>	155	F24 - Prevalencia de la malaria aviar <i>Haemoproteus y Plasmodium</i> (Apicomplexa, Haemosporidia) por infección de hemoparásitos en aves silvestres en el departamento de Arauca, Colombia <i>Johnathan Álvarez-Londoño, Marelid Cardona-Romero, Fredy A. Rivera-Páez, Gabriel J. Castaño-Villa, Jorge E. Pérez-Cárdenas</i> ..	161
F13 - Caracterización clínica y epidemiológica de pacientes con leishmaniasis mucosa coinfectados o no con <i>Leishmaniavirus</i> <i>Fredy Alexander Pazmiño, Diana Marcela Parra, Carlos Humberto Saavedra, Clemencia Ovalle-Bracho, Sandra Muvdi, María Clara Echeverry</i>	156	F25 - Evaluación de IP10 y angiopoyetina 2 como moléculas pronósticas en pacientes con malaria complicada por <i>Plasmodium vivax</i> <i>María Fernanda Yasnot, Gladys González, William Hoyos, Carmiña Vásquez, María Camila Velasco, Gustavo Quintero</i>	162
F14 - Detección de <i>Leishmaniavirus</i> en muestras clínicas <i>M. Parra-Muñoz, S. Aponte, C. Ovalle-Bracho, J. Soto, C. Saavedra, M. C. Echeverry-Gaitán</i>	156	F26 - Papel de PKR en la infección por <i>Leishmania panamensis</i> <i>Janny Villa-Pulgarín, Faustino Mollinedo</i>	162
F15 - Prevalencia de <i>Leishmaniavirus</i> en cepas clínicas de <i>Leishmania</i> (V.) <i>panamensis</i> circulantes en Colombia <i>Mónica Oviedo, Mariana Rosales-Chilama, Lina Alzate, María Adelaida Gómez</i>	157	F27 - Estimación de la carga parasitaria y viabilidad de <i>Leishmania</i> spp. en personal militar colombiano con leishmaniasis cutánea: seguimiento y pronóstico de la enfermedad <i>Julie Pérez, Camilo A. Correa-Cárdenas, Yanira Romero, Juan David Ramírez, Luz H. Patiño, María Clara Duque, Omaira Rodríguez, María Teresa Alvarado, Omar Cantillo, Claudia Cruz, Claudia P. Méndez</i>	163
F16 - Inmunidad entrenada en la infección por <i>Leishmania</i> (<i>Viannia</i>): un mecanismo potencial de inmunopatogénesis en la enfermedad cutánea humana <i>Lina Giraldo-Parra, Adriana Navas, María Adelaida Gómez</i>	157	F28 - Mamíferos silvestres involucrados en la circulación de <i>Rickettsia</i> spp. en el departamento de Arauca (Orinoquia colombiana) <i>Daniela Velásquez-Guarín, Ingrith Yuliani Mejía-Fontecha, Juan David Carvajal-Agudelo, Fredy A. Rivera-Páez, Jorge Enrique Pérez Cárdenas, Héctor E. Ramírez-Chaves</i>	163
F17 - Modulación diferencial de la activación del neutrófilo en la infección con cepas clínicas de <i>L. (V.) panamensis</i> con tolerancia al antimonio <i>O. L. Fernandez, L. G. Ramírez, F. Tacchini-Cottier, N. G. Saravia</i>	158	F30 - Estudio de la variabilidad intraespecífica del gen de la fosfomanomutasa en <i>Leishmania</i> (V.) <i>braziliensis</i> su correlación con la capacidad infecciosa <i>Ángel Alberto Flórez-Muñoz, María Auxiliadora Dea-Ayuela, Francisco Bolás-Fernández</i>	164
F18 - Respuesta parasitológica al antimonio de meglumina en las lesiones cutáneas de pacientes con leishmaniasis <i>Mariana Rosales-Chilama, Jimena Jojoa, Olga Fernández, María Adelaida Gómez, Nancy Gore Saravia</i>	158	CONSTRUYENDO CAPACIDADES	
F19 - El inflamósoma dependiente de AIM2 modula la respuesta proinflamatoria y farmacológica de macrófagos humanos tras la infección con <i>Leishmania panamensis</i> <i>Deninson Alejandro Vargas, Miguel Paredes, Óscar Perales, María Adelaida Gómez</i>	159	G2 - Estimación de la carga oculta de la leishmaniasis cutánea y efectividad de los tratamientos estándar: una experiencia de integración intersectorial para la investigación <i>María del Mar Castro, Shirley Botero, Nora Vásquez, Alexandra Cossio, Milena Bautista, Clara Ocampo, Neal Alexander</i>	165
F20 - Predicción computacional de interactomas parásito-huésped revelan puntos en común y especificidades relacionadas con el estilo de vida y el tropismo de los parásitos. <i>Yesid Cuesta-Astroz, Alberto Santos, Guilherme Oliveira, Lars J. Jensen</i>	159	G3 - Análisis retrospectivo de la relación entre los índices aélicos tradicionales en la determinación del riesgo de la transmisión del dengue en Medellín, Colombia <i>Marcela Quimbayo, Celeny Ortiz, Raúl A. Rojo, Enrique A. Henao, Patricia Fuya, Guillermo L. Rúa-Urbe</i>	165
F21 - Reacción cruzada entre secuencias de un péptido de la proteína KMP-11 de <i>Trypanosoma cruzi</i> <i>Juan Diego Zuluaga, Fanny Guzmán, Lucy Gabriela Delgado, Adriana Cuéllar, Concepción J. Puerta, John M. González</i>	160	G4 - Identificación de brechas en la investigación de los contactos de los pacientes con tuberculosis mediante la evaluación sistemática de los datos del programa de control de tuberculosis de Cali <i>Gustavo Díaz, Beatriz E. Ferro, Ángela M. Victoria, Yessenia Niño, Lucy Luna, Lucian Davis</i>	166

G5 - Superando las barreras en la intervención 'búsqueda y eliminación de sitios de cría del vector de dengue' mediante la investigación de la implementación <i>Diana Lucumí-Aragón, Leany Congote, Lina M. Zuluaga, Román A. Martínez, Maribel Gómez, Raúl Alberto Rojo, Guillermo L. Rúa-Uribe</i>	166	G13 - Desarrollo e implementación de un dispositivo térmico para el tratamiento de la leishmaniasis cutánea <i>Néstor J. Yanes, Heysell S. Sarmiento, Ademir A. Caballero</i>	169
G7 - Desarrollo de material educativo para el diagnóstico, el tratamiento y la prevención de la leishmaniasis cutánea, estrategia de innovación social en salud <i>Alexandra Cossio, Diana María Castro-Arroyave, María del Mar Castro-Noriega, Záider Gloria Triviño</i>	167	G14 - Uso de las tecnologías de información y comunicaciones para la formación de posgrado en investigación biomédica y en salud <i>Alejandra Chamorro, Andrés Jaramillo, Nancy Saravia</i>	169
G8 - Protocolo de investigación: observancia de la 'Guía de atención al paciente con dengue' por parte del personal médico y de enfermería en San Cristóbal, estado Táchira, Venezuela, 2019 <i>Laura Cárdenas, Emmanuel Nieto, Diana Rubio</i>	167	G15 - Ácidos nucleicos de muestras almacenadas en biobancos: parámetros de calidad para uso en investigación biomédica <i>Viviana Giraldo, Mariana Rosales-Chilama, Mónica Oviedo, María Adelaida Gómez, Olga Fernández</i>	170
G11 - El video como herramienta didáctica de apoyo para el estudio de un caso clínico en ciencias de la salud <i>Bayron D. Osorio, Luis Reinel Vásquez, Josefina Castro, Harold J. Bolaños, Jairo S. Vásquez-López, Víctor H. Campo, Iván C. González, Iván G. Martínez-Mariaca</i>	168	G16 - Uso de <i>design thinking</i> para crear estrategias intersectoriales para la salud en Colombia <i>María Isabel Echavarría, Pilar Moreno-Azcárate, Juan Manuel Salamanca, Juan Carlos Jiménez</i>	170
G12 - Diseño <i>in silico</i> de péptidos inhibidores de la interacción proteína-proteína dirigidos contra el dominio III de la envoltura del virus del dengue 2 <i>Delia Piedad Recalde-Reyes, Carlos Andrés Rodríguez-Salazar, Jhon Carlos Castaño-Osorio</i>	168	G17 - Acciones y producciones en innovación social en salud en Latinoamérica: panorama general a partir de una investigación documental <i>Luisa Fernanda Duque-Paz, Diana María Castro-Arroyave</i>	171

Biomédica Instituto Nacional de Salud

Volumen 39, suplemento No. 4 - Bogotá, D.C., Colombia - diciembre de 2019

Presentación

¡Bienvenidos! Bienvenidos investigadores, funcionarios de la salud, estudiantes de pregrado y de posgrado de Colombia e investigadores extranjeros invitados. Hace cinco años que no nos reuníamos. Las causas han sido múltiples, pero el encuentro que reiniciamos es producto de la acción cooperativa de colegas comprometidos, en la que todos hemos puesto un granito de arena para hacerlo posible.

Hoy nos convoca un interés común: “La eliminación de las enfermedades transmisibles”, plan del Gobierno Nacional y al cual debemos unirnos todos para lograr este propósito. Es posible que se nos presente como un ‘imposible’, pero cada día vemos que, si implementamos estrategias integradas y continuas, la disminución y la eliminación de la transmisión es posible en ciertos sectores. Conocemos las causas que limitan las acciones, por lo tanto, es hora de avanzar y de trabajar en equipo para superarlas. Es hora de que los investigadores y los funcionarios de la salud unamos esfuerzos comunes para avanzar.

En este Congreso tenemos una gran acogida de estudiantes tanto de posgrado como de pregrado, que están interesados en trabajar en este campo de las enfermedades transmisibles. Es nuestra responsabilidad mostrarles el camino y evidenciar que será el trabajo colaborativo entre las partes lo que nos permitirá avanzar.

¡El propósito de esta reunión es el reencuentro! Aprovechemos todo momento para conocernos y conocer lo que están haciendo los demás. Busquemos alianzas y organicémonos mejor para lograr el cambio. El momento del país lo requiere; las marchas que han precedido a la realización de este Congreso lo demuestran; necesitamos el cambio y este no será posible si no nos unimos.

Aprovecho, también, esta oportunidad para que fortalezcamos la Asociación Colombiana de Parasitología y Medicina Tropical. Necesitamos reorganizarnos y replantearnos, pero esto sólo se logra en equipo. Sentimos que no hay tiempo, que no podemos, pero, en realidad, aunque sea poco el tiempo aportado, todo esfuerzo suma. Somos pocos los formados en esta área de las enfermedades tropicales en un país donde prevalecen en gran parte del territorio, por lo tanto, debemos unir esfuerzos para lograr generar un impacto.

Disfruten el encuentro y sigamos adelante.

Clara Beatriz Ocampo
Presidente, Asociación Colombiana de Parasitología y Medicina Tropical
Cali, Colombia

Simposios

Origen y desarrollo del Departamento de Microbiología de la Facultad de Salud de la Universidad del Valle, Cali, Colombia

Mauricio Barreto

Departamento de Microbiología, Escuela de Ciencias Básicas, Facultad de Salud, Universidad del Valle, Cali, Colombia

El origen del Departamento de Ciencias Microbiológicas –hoy Departamento de Microbiología– se oficializó por el Acuerdo 04 del 17 de septiembre de 1969, cuando el Consejo Directivo de la Universidad del Valle creó la División de Salud y el Área de Ciencias Básicas. Sus profesores iniciales y personal de apoyo estaban asignados al Departamento de Medicina Social –antes Departamento de Medicina Preventiva y Salud Pública, hoy Escuela de Salud Pública– y pasaron a ocupar el recién construido edificio de Microbiología. Para su construcción, con un área aproximada de 3.200 m², y dotación se contó con aportes de la Fundación Rockefeller, la Universidad de Tulane [por medio del *International Center for Medical Research and Training* (ICMRT), hoy CIDEIM], el Servicio Seccional de Salud del Valle, la Beneficencia del Valle, la Fundación para la Educación Superior, las Empresas Municipales de Cali, la empresa Motovalle y la Universidad del Valle.

Además de participar en la formación de profesionales en los programas académicos de Medicina y Cirugía, Bacteriología y Laboratorio Clínico, Enfermería, Odontología y Biología, como también en la maestría y doctorado en Ciencias Biomédicas, en estos 50 años de funcionamiento ininterrumpido se han adelantado numerosas investigaciones sobre diferentes tópicos relacionados con la salud de seres humanos y animales en todas las regiones de Colombia. En estos estudios se ha contado con la colaboración de otras unidades académicas de la Universidad del Valle, como también de varias instituciones y científicos, tanto nacionales como extranjeros, que de forma mancomunada han permitido alcanzar los objetivos deseados.

Algunos de los aportes más significativos han sido:

1. El descubrimiento y el estudio integral del único foco de oncocercosis en Colombia, con su seguimiento y posterior eliminación.
2. Los trabajos pioneros sobre el virus de la rabia en Colombia, el descubrimiento del virus Pichindé y los estudios sobre arbovirus, en especial, el virus de la encefalitis equina venezolana.
3. La asociación del síndrome de Guillain-Barré y el virus Zika en Colombia.
4. La descripción y los primeros casos de la paraparesia espástica tropical en el país.
5. Las pruebas para el desarrollo de una vacuna contra *Plasmodium vivax* y numerosas publicaciones sobre la inmunología de la malaria.
6. Varios estudios sobre tripanosomiasis, leishmaniasis y equinocosis.
7. La descripción de un nuevo género y especies de artrópodos de importancia médica, además de nuevos registros de vectores para el país.
8. Distintos trabajos sobre dermatofitos, criptocosis, candidiasis, paracoccidiodomicosis e histoplasmosis en Colombia.
9. Publicaciones sobre diferentes bacterias y búsqueda de nuevos fármacos con actividad antimicrobiana.
10. Estudios sobre enfermedades autoinmunitarias, errores innatos de inmunidad e inmunodeficiencias.

Por último, aunque no menos importante, el Departamento de Microbiología alberga las colecciones de “Artrópodos de importancia médica (UVS)”, “Parasitología - Univalle (UV-PARA)” y “Hongos - Univalle (UV-MICO)” con sus números del Registro Único Nacional de Colecciones Biológicas 047, 100 y 114, respectivamente, expedidos por el Instituto Alexander von Humboldt. De igual manera, en sus instalaciones funciona el Laboratorio de Diagnóstico de Agentes Biológicos que hace parte de los programas de extensión de la Universidad del Valle.

A continuación, se mencionan los primeros profesores del Departamento, como un sencillo homenaje y reconocimiento; ellos fueron: Stephen Ayala, Pablo Barreto, Antonio D’Alessandro, Álvaro Dueñas, Miguel Gracián, Donald Greer, Pablo Medina y Carlos Sanmartín.

Manejo del dengue en pediatría

Tito Israel Acevedo-Rangel

Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, Santa Marta, Colombia

El dengue es la virosis humana transmitida por artrópodos más importante, y es un problema de salud mundialmente importante. En Colombia, en la semana epidemiológica 39 (28 de septiembre de 2019) se reportaron ante el Instituto Nacional de Salud 94.545 casos, 45.488 sin signos de alarma, 48.045 con signos de alarma y 1.012 graves. Hay 81 municipios en condiciones geográficas para la transmisión de dengue.

La infección cursa de forma asintomática o puede manifestarse con espectro clínico amplio, que incluye manifestaciones graves y no graves. Después del período de incubación (4 a 10 días), comienza abruptamente y pasa por tres fases: febril, crítica y de recuperación. Para una enfermedad compleja en sus manifestaciones, el tratamiento es relativamente simple, barato y muy eficaz para salvar vidas, siempre y cuando se intervenga de manera correcta y oportuna. La clave es detectarlo temprano y clasificarlo en los grupos actuales (A, B₁, B₂ y C).

Grupo A: dengue sin signos de alarma y sin condición asociada de riesgo clínico o social; manejo en el hogar.

Grupo B₁: dengue sin signos de alarma más afección clínica o social asociada; manejo en hospitalización.

Grupo B₂: dengue con signos de alarma; manejo en hospitalización con control y monitoreo estricto de los signos vitales.

Grupo C: dengue grave; cuidados intensivos con monitoreo integral.

El tratamiento se fundamenta en el aporte juicioso y prioritario de líquidos orales o endovenosos, además de antipiréticos y, durante el estado febril, es mandatorio el uso del mosquitero. Los líquidos endovenosos son cristaloides, esporádicamente coloides y solo en casos graves transfusiones de glóbulos rojos, plasma y plaquetas. En los casos graves, se necesitará soporte de aminas vasoactivas, ventilación mecánica y antibióticos por asociarse infecciones.

Si el paciente recibe AINE (ácido acetilsalicílico, metimazol, diclofenaco u otros) o esteroides, antibióticos y anticoagulantes orales, se debe evaluar la conveniencia de continuar ese tratamiento. Está contraindicada la administración de medicamentos por vía intramuscular o rectal.

El uso de corticoides en el tratamiento del síndrome de choque por dengue no está indicado. Su administración no ha disminuido la mortalidad, ni la necesidad de transfusiones por el riesgo de hemorragias pulmonares, ni del riesgo de convulsiones. No existe, hasta el momento, un medicamento antiviral de eficacia demostrada contra el dengue.

Manejo

Grupo A: dieta normal y líquidos que pueden ser leche materna, jugos de frutas naturales, con precaución en diabéticos, suero oral (sales de rehidratación oral) o agua de cebada, de arroz o de coco recién preparada.

Grupo B₁: igual al grupo A, pero si no bebe o bebe poco o está deshidratado, se debe comenzar la administración de líquidos intravenosos basales.

Grupo B₂: dengue con signos de alarma. El objetivo esencial es prevenir el choque. Es necesario obtener un hemograma completo (hematocrito, plaquetas y leucocitos) antes de hidratar al paciente, pero la falta del hematocrito no debe retrasar la hidratación. Se administran inmediatamente una solución cristaloides.

Grupo C: dengue grave. Se debe administrar inicialmente una solución cristaloides a razón de 20 ml/kg de peso corporal infundida en 15 a 30 minutos. Si es necesario, se repite 2 veces más. Si desaparecen los signos de choque, se disminuye el volumen de líquidos a 10 ml/kg. Si no mejora el paciente, está indicado el uso de coloides, la transfusión de hemoderivados y el soporte vasopresor.

Lecturas recomendadas

- Aurrubul L, Khumlue P, Oberdorfer P. Dengue shock syndrome in an infant. BMJ case reports. 2014;2014:bcr2014205621.
- Macedo GA, Gonin MLC, Pone SM, Cruz OG, Nobre FF, Brasil P. Sensitivity and specificity of the World Health Organization dengue classification schemes for severe dengue assessment in children in Rio de Janeiro. PLoS One. 2014;9(4):e96314.

- Organización Panamericana de la Salud. Dengue: guías para la atención de enfermos en la Región de las Américas. Segunda edición. Washington, D. C.: OPS; 2016.
- Zhang F, Kramer CV. Corticosteroids for dengue infection. Cochrane Library. 2014.

..... X

Mortalidad por dengue en el departamento del Meta, 2018-2019

Cesar García-Balaguera

Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, Villavicencio, Colombia

Introducción. El dengue es un importante problema de salud pública en Colombia. En el departamento del Meta es endémica y genera mortalidad, a pesar del aseguramiento universal, buena cobertura y acceso a los servicios de salud.

Objetivos. Describir la mortalidad por dengue, las características sociodemográficas y los posibles determinantes asociados a la mortalidad en el departamento del Meta.

Materiales y métodos. Se trata de un estudio descriptivo retrospectivo de revisión de historias clínicas y fichas de notificación del sistema de vigilancia epidemiológica Sivigila.

Criterios de inclusión. Ficha de notificación, la disponibilidad de la historia clínica y de laboratorio con resultados completos, confirmación de la muerte por dengue.

Criterios de exclusión. Casos no confirmados por patología o por laboratorio.

Resultados. Se estudiaron 32 casos de muerte por dengue entre enero de 2018 y septiembre de 2019; la edad promedio fue de 16,7 años; el 63,6 % eran menores de 11 años de edad, y el 54,6 % mujeres. El tiempo entre el inicio de la aparición de los síntomas y la consulta en el sistema de salud fue de 2,5 días. Los principales síntomas encontrados fueron: fiebre, mialgias, artralgias, vómitos y dolor abdominal. El 90 % de los pacientes presentaron alteraciones en las pruebas hepáticas de TGP y TGO, y en las alteraciones de la función renal se observó las mayores anormalidades del BUN.

Conclusiones. Las personas menores de 11 años de edad, con escasos recursos y del régimen subsidiado tienen un mayor riesgo de mortalidad. El dolor abdominal y el vómito son predictores importantes de choque; también se puso de manifiesto que el uso de AINE aumenta el riesgo; las pruebas de función hepática presentan las mayores alteraciones y la hemoconcentración no se utiliza para evaluar el riesgo de dengue grave.

Es necesario mejorar la educación y la información dada a la comunidad para mejorar la oportunidad de la consulta. También es importante mejorar la educación médica continua para garantizar la observancia a los protocolos del dengue, en especial para enseñar a los pacientes a reconocer los signos de alarma.

Palabras clave: dengue grave; síndrome de choque por dengue; mortalidad.

..... X

Implicaciones del subregistro en la carga de la enfermedad por arbovirosis en Colombia

Mabel Carabalí¹, Gloria I. Jaramillo², Vivian Rivera³, Julieth Mina⁴, Berta Nelly Restrepo⁵, Kate Zinszer⁶

¹ Department of Epidemiology, Biostatistics and Occupational Health, McGill University, Montreal, Canada

² Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, Villavicencio, Colombia

³ Escuela de Salud Pública, Universidad del Valle, Cali, Colombia

⁴ Clinton Health Access Initiative, Control de Vectores, Tegucigalpa, Honduras

⁵ Instituto de Medicina Tropical Universidad CES, Medellín, Colombia

⁶ École de Santé Publique, Université de Montréal, Montreal, Canada

Introducción. Dengue, chikungunya y Zika son arbovirosis endémicas en Colombia. Sin embargo, la carga real de la enfermedad es desconocida debido varios factores que incluyen limitaciones en el diagnóstico, acceso al sistema de salud y presencia de casos inaparentes que, de forma conjunta, contribuyen a la presencia de subregistro.

Materiales y métodos. Con el objetivo de examinar el alcance, la naturaleza y el grado de subregistro de las arbovirosis en el sistema nacional de vigilancia de Colombia, se evaluaron los datos de las instituciones públicas y privadas de Cali, Medellín y Villavicencio desde 2014 hasta 2017.

Se utilizaron los registros electrónicos de cada institución colaboradora (hospital, clínica o IPS) y los datos de vigilancia (Sivigila) de la secretaría de salud de cada municipio. Los datos institucionales incluyeron información sociodemográfica, motivo de consulta, diagnóstico clínico, código de diagnóstico (CIE-9 o 10), clasificación final y si se le practicaron exámenes de laboratorio, el tipo y los resultados.

Los datos institucionales se compararon con los registros de notificación en relación con el Sivigila, utilizando modelos de regresión con el método de captura-recaptura.

El modelo captura-recaptura evalúa el grado de superposición entre los registros de casos de las fuentes de datos existentes, donde la captura representa los datos de cada institución, la recaptura indica los casos reportados al Sivigila y el análisis se realiza con relación a los casos reportados por ambos, la captura y recaptura.

Específicamente, se evaluaron la presencia de capturas completas, las capturas incompletas, las capturas inexactas y las capturas inexistentes en relación con el Sivigila. Se utilizó una regresión de tipo Poisson multinivel con efectos aleatorios para determinar los predictores del subregistro, utilizando datos individuales (edad, sexo, edad, tipo de diagnóstico) y tipo de institución (IPS de régimen contributivo o subsidiado).

Resultados. Los análisis preliminares muestran que, en el área urbana de Cali, entre el 2014 y el 2017 hubo 75.963 casos de arbovirosis (dengue: 54.098; chikungunya: 4.423 y zika: 17.442). En promedio, el subregistro estimado para dengue fue de 6,3 %, para chikungunya de 76,6 % y para Zika de 11,6 %. Sin embargo, el porcentaje de subregistro varía según el año de notificación (o el periodo epidémico) y el sistema de salud (contributivo o subsidiado). Además, otros factores relacionados fueron la edad y el tipo de diagnóstico clínico, especialmente dengue o zika.

Los resultados preliminares indican que el subregistro de arbovirosis es superior a lo esperado y el siguiente paso es identificar los determinantes del subregistro a nivel de paciente y de centro en cada ciudad.

Conclusiones. La identificación de las limitaciones de los datos de vigilancia, es crucial para los análisis de la carga de la enfermedad. La identificación de los determinantes del subregistro contribuye a identificar oportunidades para fortalecer el sistema nacional de vigilancia epidemiológica.

..... X

Aplicación de las tecnologías globales DNA-seq y RNA-seq al estudio de parásitos en muestras ambientales y clínicas

Juan F. Alzate-Restrepo

El rápido desarrollo de las tecnologías de secuenciación masiva de ácidos nucleicos (ADN o ARN), conocidas comúnmente como *Next-Generation Sequencing* (NGS) o *High Throughput Sequencing* (HTS), han revolucionado el avance del estudio de los seres vivos. La considerable disminución en el último lustro de los costos de la secuenciación masiva y el abundante flujo de nuevos desarrollos computacionales han permitido que estemos presenciando una transición tecnológica sin precedentes en las biociencias.

La tecnología más usada actualmente para la NGS es de la compañía Illumina, la cual se considera de segunda generación, ya que necesita de PCR para amplificar los fragmentos por secuenciar. Estos instrumentos llegan a generar lecturas típicas de 150 bases, aunque algunos modelos pueden llegar a 300 bases, a diferencia de las máquinas de tercera generación que logran 'leer' directamente—sin amplificación previa por PCR—los fragmentos de ADN y, además, logran lecturas de decenas de miles de bases, incluso cientos de miles. Las compañías más representativas en el mercado son Pacific Biociencias y Oxford Nanopore.

Posiblemente una de las disciplinas más beneficiadas por el desarrollo del NGS es la parasitología, ya que al estudiar los organismos complejos, no cultivables, algunos intracelulares o heteroxenos, permite análisis genómicos o transcriptómicos practicados directamente sobre muestras ambientales o clínicas sin necesidad de cultivos o

disecciones de estadios macroscópicos de los parásitos. Asimismo, nos permite estudiar los parásitos en su estado virulento natural, sin selección artificial en medios de cultivo axénico o en líneas celulares que muchas veces no son de la misma especie infectada naturalmente.

Otro avance importante que ha mostrado la aplicación de las tecnologías NGS en el estudio de los parásitos ha sido la detección y cuantificación de mezclas de parásitos en un mismo individuo, diferentes especies o genotipos con una sensibilidad que no se lograba con los estudios clásicos de amplificación por PCR y secuenciación capilar. En el caso de parásitos intracelulares, en el mismo experimento se puede estudiar el transcriptoma de la célula huésped y la del parásito. Esta técnica se conoce como transcriptoma dual.

Las bases de datos moleculares –hoy ya abundantemente nutridas con cientos de genomas de parásitos a escala global– han mostrado una gran variación genómica dentro de las especies estudiadas y nuevos perfiles de adaptación a las diferentes poblaciones humanas, ajustando sus mecanismos de transmisión. En este sentido, cada vez es más claro para la comunidad científica internacional que se debe seguir alimentando las bases con nuevos genomas, ya que la variación molecular, incluso dentro de una misma región geográfica, puede ser muy alta.

Otra interesante faceta de los parásitos ha quedado al descubierto, ya que su interacción con otros microorganismos en nichos como el intestino lleva a alteraciones del microbioma. Los recientes trabajos metataxónomicos han demostrado cómo la microbiota intestinal puede ser alterada por parásitos como *Giardia* spp., *Blastocystis* spp., o *Ascaris* sp., entre otros. Los índices de riqueza de las especies bacterianas se ven aumentados en individuos con parásitos intestinales y, también, se han demostrado relaciones negativas y positivas de protistas como *Entamoeba* spp. y *Blastocystis* spp. con ciertos géneros bacterianos.



Análisis ‘multiómicos’ de la enfermedad de Chagas

Clara Isabel González¹, Martha Lucía Díaz¹, Javier Martín², Luis Eduardo Echeverría³, Carlos Robello⁴, Mayra Alejandra Jaimes¹, Elkyn Fabián Estupiñán¹, Ignacio Casal⁵, María Adelaida Gómez⁶, Richard Burchmore⁷

¹ Grupo de Inmunología y Epidemiología Molecular, Facultad de Salud, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

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

³ Fundación Cardiovascular de Colombia, Floridablanca, Colombia

⁴ Instituto Pasteur de Montevideo, Uruguay

⁵ Centro de Investigaciones Biológicas, Madrid, España

⁶ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

⁷ Glasgow Polyomics, University of Glasgow, United Kingdom

La enfermedad de Chagas producida por la infección con *Trypanosoma cruzi*, es la tercera enfermedad tropical, según la Organización Mundial de la Salud (OMS), siendo la principal causa de cardiopatía infecciosa a nivel mundial. La importancia de esta enfermedad es la alta prevalencia en las zonas endémicas, el no tener tratamiento preventivo, el manejo de las formas graves con implantes cardíacos o trasplantes con los altos costos para los sistemas de salud y la pérdida de vida útil de quienes la padecen, además de los costos personales y sociales.

Su principal forma clínica es la cardiomiopatía chagásica crónica, que desarrollan décadas después de la infección cerca del 30 % de los pacientes infectados, la cual cursa con peor pronóstico y mayor mortalidad que otras cardiopatías. Esto, unido al hecho de su manejo expectante y sintomático, hacen necesario identificar a la población susceptible y en riesgo en las etapas tempranas de la enfermedad.

Las tecnologías ‘-ómicas’ son tecnologías de alto rendimiento que permiten tener en un ensayo una mirada global de genes, ARN mensajeros, proteínas o metabolitos, que facilitan el entendimiento de los mecanismos asociados con el desarrollo de múltiples enfermedades.

Por ello, el Grupo de Inmunología y Epidemiología Molecular de la Universidad Industrial de Santander, con el uso de estas tecnologías y su integración está en la búsqueda de aportar conocimiento para el entendimiento de los mecanismos que subyacen al desarrollo del fenotipo clínico de la cardiomiopatía chagásica crónica y, así, no sólo identificar biomarcadores diagnósticos y pronósticos, sino posibles blancos terapéuticos que permitan modular la respuesta del huésped y prevenir las formas clínicas y graves de la enfermedad.

En un estudio del genoma completo en la población de las zonas endémicas del departamento de Santander con cerca de 1.550 pacientes, en el cual se analizaron 10 millones de polimorfismos de un solo nucleótido, aunque no se identificó ninguna variante a nivel del genoma ($p < 5 \times 10^8$) se pudieron identificar 24 variantes independientes sugestivas con valores de $p < 5 \times 10^5$ para susceptibilidad a la infección y 21 para cardiomiopatía chagásica crónica, algunas de ellas relacionadas con la inflamación y con el desarrollo cardíaco embrionario.

En un análisis 'transcriptómico' comparando células mononucleares de pacientes con cardiomiopatía chagásica crónica y pacientes en fase indeterminada retadas con *T. cruzi*, se identificaron vías relacionadas con el metabolismo de lípidos, la señalización de receptores de la superficie celular, la migración de fibroblastos y la quimiotaxis de neutrófilos.

Entre los receptores de la superficie celular se encuentran las integrinas que podrían participar en las vías relacionadas con el remodelado cardíaco y la cardiomiopatía dilatada, características propias de la cardiomiopatía chagásica crónica.

En un análisis proteómico y metabolómico de 'explantes' cardíacos de pacientes con cardiomiopatía chagásica crónica y pacientes con cardiopatía dilatada no chagásica se identificaron diez proteínas sobreexpresadas en los pacientes con cardiomiopatía chagásica crónica, en su mayoría relacionadas con citoesqueleto y remodelado de la matriz extracelular, y siete metabolitos involucrados en actividad proinflamatoria y fibrosis. Algunas de estas moléculas han sido identificadas como posibles biomarcadores de enfermedades cardiovasculares como falla cardíaca, enfermedad isquémica e infarto del miocardio.

Estos resultados preliminares son prometedores, sin embargo, deben ser validados en estudios posteriores que involucren mayor número de muestras y confirmación con estudios funcionales.

Lecturas recomendadas

- Deng X, Sabino EC, Cunha-Neto E, Ribeiro AL, Ianni B, Mady C, *et al.* Genome wide association study (GWAS) of Chagas cardiomyopathy in *Trypanosoma cruzi* seropositive subjects. *PLoS One*. 2013;8(11):e79629.
- Guedes PM, De Andrade CM, Nunes DF, De Sena Pereira N, Queiroga TB, Machado-Coelho GL, *et al.* Inflammation enhances the risks of stroke and death in chronic Chagas disease patients. *PLoS Negl Trop Dis*. 2016;10(4):e0004669.
- Han S, Kim-Howard X, Deshmukh H, Kamatani Y, Viswanathan P, Guthridge JM, Thomas K, *et al.* Evaluation of imputation-based association in and around the integrin-alpha-M (ITGAM) gene and replication of robust association between a non-synonymous functional variant within ITGAM and systemic lupus erythematosus (SLE). *Hum Mol Genet*. 2009;18(6):1171-80.
- Kanehisa M, Furumichi M, Tanabe M, Sato Y, Morishima K. KEGG: New perspectives on genomes, pathways, diseases and drugs. *Nucleic Acids Res*. 2017;45(Database issue):D353-61.
- Laugier L, Frade AF, Ferreira FM, Baron MA, Teixeira PC, Cabantous S, *et al.* Whole-genome cardiac DNA methylation fingerprint and gene expression analysis provide new insights in the pathogenesis of chronic Chagas disease cardiomyopathy. *Clin Infect Dis*. 2017;65(7):1103-11.
- Vannucchi V, Tomberli B, Zammarchi L, Fornaro A, Castelli G, Pieralli F, *et al.* Chagas disease as a cause of heart failure and ventricular arrhythmias in patients long removed from endemic areas: An emerging problem in Europe. *J Cardiovasc Med (Hagerstown)*. 2015;16(12):817-23.
- Wende AR, Brahma MK, McGinnis GR, Young ME. Metabolic origins of heart failure. *JACC: Basic to Translational Science*. 2017;2(3):297-310.
- Wishart DS, Tzur D, Knox C, *et al.* HMDB: The Human Metabolome Database. *Nucleic Acids Res*. 2007;35(Database issue):D521-6.
- World Health Organization. Chagas disease in Latin America: An epidemiological update based on 2010 estimates. *Wkly Epidemiol Rec*. 2015;90(6):33-44.

..... ✕

Esfuerzo multisectorial para avanzar hacia la eliminación de la malaria en el Litoral Pacífico colombiano

Juan Sebastián Ramírez, María Fernanda Pedreros, Andrés Hoyos, Myriam Arévalo, Sócrates Herrera
Centro de Investigación Científica Caucaseco, Cali, Colombia

Según la Organización Mundial de la Salud, durante el 2017 se reportaron ~219 millones de casos clínicos y más de 435.000 muertes por malaria a nivel mundial; de éstos solo 776.000 se registraron en el continente americano, donde Venezuela, Brasil, Perú y Colombia aportaron el ~92 % de los mismos. En 2018, en Colombia se reportaron ~62.000 casos, de los cuales el 60 % provienen de la región del Litoral Pacífico. A pesar de esta alta incidencia nacional, la cifra actual corresponde a menos del 30 % de la incidencia de hace dos décadas, lo que indica una reducción notable de la transmisión.

Con el interés de contribuir a la iniciativa global de eliminar la malaria para el año 2050, y de apoyar los esfuerzos nacionales de control, el Centro de Investigación Científica Caucaseco ha venido desarrollando un proyecto de investigación que aborda la malaria de manera integral y multidisciplinaria, por medio del proyecto “Implementación del programa multisectorial para la disminución de la carga de malaria en el Litoral Pacífico colombiano” financiado por el Sistema General de Regalías de los departamentos de Cauca y del Valle.

Este proyecto ha involucrado entidades y personas naturales de diferentes sectores y disciplinas en el desarrollo de cuatro objetivos específicos, que se han venido analizando desde el 2017, en aspectos como el diagnóstico, los vectores y la vigilancia epidemiológica y un componente transversal de educación.

En diagnóstico, se ha adelantado un análisis sobre la aplicabilidad en campo de las técnicas clásicas como la microscopia y las pruebas rápidas, así como las pruebas moleculares; además, se ha llevado a cabo un estudio de las principales enfermedades febriles de la zona, con el fin de generar un algoritmo que logre un diagnóstico confiable para un adecuado tratamiento en la región del síndrome febril.

En el área de vectores, se vienen analizando los factores entomológicos y epidemiológicos en las comunidades endémicas, para definir los riesgos de la población expuesta y el diseño de estrategias para fortalecer los programas de control y eliminación de la malaria.

Por medio de las alternativas informáticas, se viene diseñando un instrumento de vigilancia epidemiológica en tiempo real y con visualización en línea de los registros, el cual funciona directamente desde las zonas endémicas, reduciendo los tiempos de reporte.

Por último, se adelanta un programa de educación a los diferentes actores involucrados en la problemática de la malaria, como el personal de salud, la comunidad científica y las comunidades expuestas.

El proyecto busca guiar el desarrollo socioeconómico de las comunidades del Litoral Pacífico en el marco de entornos saludables, y contribuir con los esfuerzos del Ministerio de Salud para la eliminación de la malaria a nivel nacional.

..... ✕

El uso de herramientas moleculares para la definición de las unidades de control de malaria en Guapi, Cauca

Vladimir Corredor-Espinel

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

Un obstáculo para los programas de control de malaria comprometidos con la estrategia de eliminación, en regiones ecológica y socialmente complejas, es la definición de las unidades espaciales claramente circunscritas, donde el control de malaria sea factible y se puedan comprometer recursos de manera costo-efectiva.

Se presenta la definición de una unidad espacial de control de malaria para la región de Guapi, Cauca, basados en el alcance espacial del sistema de control, la heterogeneidad de la transmisión, la conectividad de las poblaciones parasitarias medida con parámetros genéticos y epidemiológicos, y la importación de casos mediada por migraciones.

Además, se ilustran algunos de los problemas relacionados con la efectividad del control de la malaria como son con la magnitud del reservorio asintomático, la naturaleza de los genotipos asociados a la resistencia a los antimaláricos que circulan en el área, y la efectividad de las pruebas de diagnóstico rápido medida por la presencia de deleciones en los genes que codifican para los antígenos HRP2/3.

.....x.....

Manejo del paciente crítico con dengue grave

Norton Pérez-Gutiérrez

Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia; Grupo de Investigación de Villavicencio; Unidad de Cuidados Intensivos, Hospital Departamental de Villavicencio y Corporación Clínica Universidad Cooperativa de Colombia, Villavicencio, Colombia

Introducción

El dengue es una enfermedad infecciosa frecuente en la región, que causa un número importante de consultas al servicio de urgencias. En algunos casos, las formas graves (0,4 %) requieren manejo en la unidad de cuidados intensivos, con alto riesgo de mortalidad (11,6 %) (1). El antecedente de dengue es un factor de riesgo de gravedad, lo cual es frecuente en regiones de la Orinoquia. En un estudio realizado en Villavicencio por el grupo del autor, se encontró que el 44 % de los casos de dengue eran de tipo secundario, es decir, de riesgo (2). De aquí, la utilidad de la prueba rápida para el diagnóstico clínico, independientemente de la evaluación de la seroconversión de la IgM luego de 5 días mediante la prueba ELISA de captura que se requiere en el seguimiento epidemiológico (3).

El objetivo de esta revisión es presentar las alternativas de manejo y explorar las novedades y discusiones en su enfoque clínico.

Desarrollo

El síntoma principal del dengue suele ser la fiebre y puede ser causante de hasta el 60 % de las consultas de urgencias en las zonas endémicas (4). Aun así, en las formas graves suele presentarse baja de la fiebre, asociada al choque por la pérdida de volumen efectivo.

Ciertos tipos de pacientes con riesgo de gravedad deben ser tenidos en cuenta para el seguimiento y la intervención temprana, entre ellos: los niños, principalmente menores de 2 años, los mayores de 65 años, las mujeres embarazadas, los hipertensos, los obesos, los diabéticos y los que sufren de otras enfermedades crónicas o con incapacidades de autocuidado o falta de cuidador.

La búsqueda de los factores de riesgo es esencial para el seguimiento y la intervención temprana. Aun así, los estudios demuestran demoras y deficiencias en la calidad de la atención en los casos graves.

El manejo en la unidad de cuidados intensivos (plan C) suele ir acompañado de reanimación volumétrica con cristaloides (5), preferiblemente líquidos balanceados (6). Para ello, se requiere una monitorización estricta con indicadores que permitan determinar el momento en que se han alcanzado las metas y evitar el progreso a la sobrecarga hídrica, el edema pulmonar y más fuga plasmática. No se ha demostrado ningún beneficio con el uso de coloides (3).

Las terapias hiperinmunes en pacientes con hipogammaglobulinemia e infecciones graves, como en el dengue, son motivo de investigación aún, para evaluar su impacto clínico (7). Por otro lado, los esteroides no han demostrado beneficio alguno (8). En situaciones especiales, como el embarazo, el reto es mayor al momento de decidir la vía y el momento del parto (9)

Los niños suelen tener afección importante (66 %), y en las formas graves (10). En estos casos, la monitoría no invasiva, fotopletiomográfica de la onda de pulso se ha empleado para evaluar la proporción del índice de reserva compensatorio como indicador del choque (11).

Conclusión

El dengue es una infección viral con dos formas de presentación. La más grave puede conducir a fuga plasmática lo que conlleva disfunción de órganos y riesgo de letalidad. El manejo de la reposición volumétrica debe ser cuidadosa a fin de evitar el exceso de hidratación y sus complicaciones.

Referencias

1. González LVS. Caracterización clínica de diagnósticos de pacientes pediátricos con dengue. Rev Cienc Multidiscip CUNORI. 2019;3(1):29-41.
2. Sánchez Lerma L, Pérez Gutiérrez N, Pavas Escobar NC. Dengue: una causa frecuente de síndrome febril agudo en el departamento del Meta, Colombia. Revista Habanera de Ciencias Médicas. 2017;16(2):1-15.
3. Ngo NT, Cao XT, Kneen R, Wills B, Nguyen VM, Nguyen TQ, *et al.* Acute management of dengue shock syndrome: A randomized double-blind comparison of intravenous fluid regimens in the first hour. Clin Infect Dis. 2001;32(2):204-13.
4. Díaz FA, Martínez RA, Villar LA. Criterios clínicos para diagnosticar el dengue en los primeros días de enfermedad. Biomédica. 2006;3:22-30.
5. Wills BA, Dung NM, Loan HT, Tam DTH, Thuy TTN, Minh LTT, *et al.* Comparison of three fluid solutions for resuscitation in dengue shock syndrome. N Engl J Med. 2005;353(9):877-89.
6. Zampieri FG, Ranzani OT, Azevedo LCP, Martins IDS, Kellum JA, Libório AB. Lactated Ringer is associated with reduced mortality and less acute kidney injury in critically ill patients. Crit Care Med. 2016;44(12):2163-70.
7. Bozzo J, Jorquera JI. Use of human immunoglobulins as an anti-infective treatment: The experience so far and their possible re-emerging role. Expert Rev Anti Infect Ther. 2017;15(6):585-604.
8. Lee TH, Lee LK, Lye DC, Leo YS. Current management of severe dengue infection. Expert Rev Anti Infect Ther. 2017;15(1):67-78.
9. Bopeththa BVKM, Hemapriya S, Gayan Niranga KK, Kotigala DSK. A case report of dengue haemorrhagic fever during the peripartum period: Challenges in management and a case of vertical dengue transmission. BMC Infect Dis. 2018;18(1):427.
10. Dias Júnior J de J, Branco M dos RFC, Queiroz RC de S, Santos AM dos, Moreira EPB, Silva M do S da, *et al.* Analysis of dengue cases according to clinical severity, São Luís, Maranhão, Brazil. Rev Inst Med Trop S Paulo. 2017;59:1-0.
11. Moulton SL, Mulligan J, Srikiatkachorn A, Kalayanarooj S, Grudic GZ, Green S, *et al.* State-of-the-art monitoring in treatment of dengue shock syndrome: a case series. J Med Case Rep. 2016;10(1):233.



Retos para la eliminación de la malaria en Colombia: control de vectores

Martha L. Quiñones

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

Entre los años 2000 y 2015 se vio una reducción del 37 % en la incidencia de malaria y del 60 % en las tasas de mortalidad por malaria a nivel global. Esta reducción se atribuye principalmente a los incrementos en las medidas de control de los vectores como son la distribución masiva de toldillos tratados con piretroides y el rociado residual intradomiciliario, principalmente en la región del África subsahariana.

Se ha calculado que el 80 % de los casos que se han evitado se explican por las medidas antivectoriales (69 % por los toldillos y 10 % por los rociados) y el 20 % por el uso de los derivados de la artemisinina para el tratamiento de los pacientes.

El éxito de las intervenciones del control vectorial depende del conocimiento de la biología de los vectores, en aspectos como su distribución, comportamiento y sensibilidad a los insecticidas, y de las coberturas de las intervenciones de control vectorial, principalmente en las áreas de mayor riesgo.

En Colombia, se registran alrededor de 47 especies de *Anopheles*, de las cuales 10 se consideran vectores, 3 principales y 7 secundarios, y otras 6 especies requieren confirmación. Teniendo en cuenta la actividad de picadura de los diferentes vectores y el comportamiento de las personas, se ha cuantificado que entre el 20 y el 38 % del contacto humano-vector ocurre cuando las personas no están protegidas por los toldillos, es decir, antes de que las personas duerman bajo los toldillos.

Algunos grupos son particularmente vulnerables, como los pescadores, ya que se ha encontrado que aun a 200 metros de las orillas, en las canoas, hay un importante contacto entre humanos y vectores. Esto indica la necesidad de realizar medidas complementarias de control para lograr un mayor impacto sobre la transmisión de la malaria, como, por ejemplo, intervenciones en los hábitats larvarios o la utilización de repelentes espaciales o personales.

La resistencia a los insecticidas es otro reto, y en las áreas con riesgo de transmisión de malaria en Colombia se han detectado algunas poblaciones de vectores con resistencia, principalmente, a los insecticidas piretroides, resistencia hasta el momento catalogada como de baja intensidad.

Es necesario mantener la vigilancia de la resistencia y la implementación de estrategias para su manejo siempre que se utilicen insecticidas, aun si no ha sido detectada. Los nuevos métodos de control dirigidos a los vectores están en investigación, para los cuales se requieren estudios con los vectores locales.

Aunque se ve un incremento en las coberturas con los métodos de control de vectores existentes (toldillos y rociados) en las áreas de alto riesgo en los últimos 10 años en Colombia, éstas no superan el 25 %, situación que es uno de los principales retos para la eliminación de la malaria en el país.

..... X

El proceso de la eliminación del paludismo en Argentina, 1886-2019

Mario Zaidenberg

Ex jefe del Programa Nacional de Paludismo, 1994-2017
Ministerio de Salud de la Nación
Buenos Aires, Argentina

Introducción. La presentación tiene como objetivo describir las etapas sucesivas que comprendió el proceso de la eliminación del paludismo en Argentina desde sus orígenes hasta la obtención de la certificación de su eliminación.

Materiales y métodos. Esta descripción se realiza con base en el análisis y la revisión de la documentación existente en el Programa Nacional de Paludismo, documentos, informes, memorias, publicaciones, y en fuentes secundarias.

Resultados. Primera etapa: 1886-1939, está caracterizada por la aplicación de conceptos de la ingeniería sanitaria italiana en el tratamiento físico de las colecciones de agua, relleno de pantanos, desecamiento de lagunas y la administración de quinina en centros urbanos.

Segunda etapa: 1940-1950, caracterización epidemiológica del área endémica y actualización de los métodos de control; aplicación de DDT en forma sistemática en las viviendas de las provincias afectadas.

Tercera etapa: 1951-2009, se caracterizó por un control sostenible con afianzamiento de la metodología de prevención y control y la reducción progresiva del área endémica.

Cuarta etapa: 2010-2018, eliminación del paludismo. Comprende el último año (2010), en que se presentaron casos autóctonos y la permanencia en este estado durante 9 años. El proceso de la certificación de la eliminación de la transmisión autóctona ante la Organización Mundial de la Salud y la Organización Panamericana de la Salud.

Conclusiones. En mayo de 2019, en Ginebra, la Organización Mundial de la Salud reconoció el status de Argentina como país libre de paludismo.

..... X

Identificación de nuevas moléculas que se unen a la enzima dihidrofolato reductasa de *Mycobacterium tuberculosis*

Gerardo Andrés Libreros-Zúñiga, João Augusto Ribeiro, Alex Hammer, Sair Maximo Chávez-Pacheco, Jamal El Bakali, Petros Tyrakis, Gabriel Stephani de Oliveira, Mauricio Sforça, Silvana Rocco, Roberto Parise-Filho, Anthony Coyne, Tom Blundell, Chris Abell, Marcio Vinicius Bertacine Dias

La tuberculosis es una de las principales enfermedades infecciosas y causa de muerte en el mundo, situación que se ha agravado en los últimos años debido a la aparición de *Mycobacterium tuberculosis* resistente a los antibióticos. Con el fin de combatir la tuberculosis resistente a los fármacos, la Organización Mundial de la Salud (OMS) anunció la necesidad de buscar nuevos fármacos o estrategias terapéuticas contra esta enfermedad.

La dihidrofolato reductasa es una enzima esencial para la biosíntesis de tetrahidrofolato, un cofactor para la producción de nucleótidos y aminoácidos. La dihidrofolato reductasa ha sido tradicionalmente un blanco farmacológico contra el cáncer y algunas enfermedades infecciosas; sin embargo, en la actualidad, no se conoce ningún fármaco con

actividad contra la dihidrofolato reductasa de *M. tuberculosis*, debido probablemente a la baja afinidad de los antifolatos por la enzima o a la impermeabilidad de la pared celular de *M. tuberculosis* a los antifolatos.

Este trabajo pretende identificar fragmentos que unan a la dihidrofolato reductasa de *M. tuberculosis* y sirvan como punto de partida para el desarrollo de nuevos antifolatos contra *M. tuberculosis*.

Metodología. Se aplicó la estrategia de descubrimiento de fármacos basado en fragmentos y se probaron 1.250 fragmentos de la librería Maybridge RO3 por termofluor contra la dihidrofolato reductasa de *M. tuberculosis* recombinante. Los *hits* iniciales fueron validados por espectroscopía RMN de diferencia de transferencia de saturación (*Saturation Transfer Difference Nuclear Magnetic Resonance*, STD-NMR) y calorimetría de titulación isotérmica (*Isothermal Titration Calorimetry*, ITC). Las interacciones entre los fragmentos y la enzima fueron caracterizadas por cristalografía de rayos X. Una serie de derivados químicos a partir de uno de los fragmentos fue sintetizada y caracterizada por ITC y cristalografía de rayos X.

Resultados. Se determinaron 35 de 1.250 (2,5 %) moléculas que incrementaron la T_m de la dihidrofolato reductasa de *M. tuberculosis* por DSF y fueron considerados *hits*. Treinta de esos *hits* fueron evaluados por STD-NMR y 21 de ellos también interaccionaron con la dihidrofolato reductasa de *M. tuberculosis* por esta técnica. Dieciséis compuestos evaluados por ITC mostraron K_D entre 14,8 y 0,095 mM y eficiencia de unión entre 0,19 y 0,34. Se obtuvieron nueve complejos cristalográficos de fragmentos de la dihidrofolato reductasa de *M. tuberculosis* a resoluciones entre 2,5 y 1,7Å, grupo espacial P212121 y dos moléculas en la unidad asimétrica.

Los fragmentos interaccionaron, principalmente, con Gln28, Phe31, Arg60, Leu50 y Leu57 que conforman la entrada del sitio activo y los sitios de unión a PABA y glicerol. La síntesis de una nueva serie de compuestos a partir del fragmento 1, demostró compuestos que incrementaron 40 veces su afinidad por la enzima (K_D 17 μ M), debido principalmente a la presencia del grupo propanamida que forma un puente de hidrógeno con Gln28.

Conclusión. Este trabajo utilizó con éxito la estrategia descubrimiento de fármacos basado en fragmentos para la enzima dihidrofolato reductasa de *M. tuberculosis*. Se identificaron 21 fragmentos que interactuaron con la dihidrofolato reductasa de *M. tuberculosis* y se reveló el modo de interacción de estas moléculas con la enzima.

Esta es la primera campaña de descubrimiento de fármacos basado en fragmentos contra cualquier dihidrofolato reductasa, y la mayoría de los compuestos identificados corresponden a moléculas que nunca fueron reportadas interactuando con esta enzima. El crecimiento de un fragmento seleccionado incrementó la afinidad de 600 mM a 17 mM y se espera que estos nuevos compuestos puedan ser selectivos contra la dihidrofolato reductasa de *M. tuberculosis*.

..... X

Actividad biológica de nuevos compuestos heterocíclicos sintéticos contra microorganismos resistentes

María P. Crespo-Ortiz, Rodrigo Abonía-González, Braulio Insuasty-Obando, Jairo Quiroga

Departamento de Microbiología, Grupo Heterocíclicos, Departamento de Química, Universidad del Valle, Cali, Colombia

Introducción. En el 2014, la Organización Mundial de la Salud declaró la resistencia microbiana como una amenaza mundial, a la cual se le atribuyeron 700.000 muertes a nivel global. Se considera que sin intervención las muertes pueden aumentar a un millón para el 2050. Una de las estrategias para el control de la resistencia microbiana es el desarrollo de nuevas moléculas para la terapia. Los compuestos heterocíclicos sintéticos y sus derivados han demostrado gran actividad biológica contra bacterias, hongos y parásitos, además de propiedades antitumorales.

El objetivo de nuestra investigación es identificar moléculas líder en una colección de compuestos heterocíclicos novedosos y sus derivados. Esta colección está conformada por moléculas de síntesis simple, utilizando pocos materiales de bajo costo.

Metodología. Se diseñaron y sintetizaron 570 compuestos que incluían derivados de quinolinas, chalconas, piridinas, sulfonamidas, pirazolininas, prolinas, isobenzofurazonas e indazoles. Los compuestos fueron sometidos a pruebas para determinar si tenían actividad inhibitoria sobre bacterias sensibles y resistentes a los antibióticos convencionales.

Las bacterias probadas fueron: *Escherichia coli* ATCC 25922, *Staphylococcus aureus* ATCC 25923 sensible a la meticilina (MSSA), *Staphylococcus aureus* ATCC 43300 resistente a la meticilina (MRSA), *Staphylococcus aureus* intermedio a vancomicina (VISAQ), *Klebsiella pneumoniae* BAA 1705 (positiva para carbapenemasa), *Klebsiella pneumoniae* ATCC 700603 (positiva para betalactamasas de espectro extendido), *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853 y *Neisseria gonorrhoeae* ATCC 31426 (positiva para betalactamasa).

Se determinó la concentración inhibitoria mínima (CIM) en aquellos compuestos que demostraron actividad inhibitoria reproducible en las pruebas de tamización. En el caso de *N. gonorrhoeae*, se utilizó la técnica de microdilución en agar.

Resultados. Los compuestos heterocíclicos derivados de la piridina y la pirazolina fueron los compuestos más activos de la colección que causan inhibición en el crecimiento de MSSA, MRSA y *N. gonorrhoeae*. Particularmente, las chalconas con sustituciones de fluorofenilpiridina mostraron CIM para MRSA de 2 µg/ml y para MSSA de 16 µg/ml al igual que las fenilpiridin-chalconas con CIM para MRSA de 16 µg/ml y MSSA de 31,25 µg/ml. Un derivado indolín-pirazol fue selectivamente activo contra VISA (CIM=3,9 µg/ml) y otro pirazol inhibió el crecimiento de MRSA (CIM=3,9 µg/ml) y *N. gonorrhoeae* (CIM=2.9 µg/ml). *Escherichia coli* fue inhibida por dos derivados de piridina (CIM=7,8 y 15 µg/ml) y tres derivados de prolina inhibieron el crecimiento de *N. gonorrhoeae* (CIM=3.9 µg/ml).

Conclusiones. Los compuestos de la colección presentaron mayor actividad contra *S. aureus* y actividad escasa o nula contra bacterias gramnegativas. La mayoría de los compuestos biológicamente activos fueron 4-cloro-chalconas, dos de ellas con efecto antibacteriano contra VISA.

.....X.....

Modelo epidemiológico para la evaluación de la eficacia de la infección por la bacteria *Wolbachia* en *Aedes aegypti* en el control de la transmisión de arbovirus en Medellín y Bello, Antioquia, Colombia

María Patricia Arbeláez-Montoya

El *World Mosquito Program* es una institución internacional sin fines de lucro que utiliza *Wolbachia* como control biológico contra las enfermedades arbovirales transmitidas por el mosquito *Aedes aegypti*.

En la implementación de campo, el enfoque funciona mediante la instalación de poblaciones de mosquitos silvestres con *Wolbachia* mediante liberaciones controladas de mosquitos infectados con esta bacteria, hasta que la mayoría de los mosquitos en la zona logran la infección con la bacteria.

Los efectos de interferencia viral de *Wolbachia* afectan un amplio rango de arbovirus, incluyendo los cuatro serotipos DENV, Zika, chikungunya, fiebre amarilla y Mayaro (1). El *World Mosquito Program* viene adelantando estudios en doce países del mundo entre los que se encuentran hasta ahora México, Brasil y Colombia en las Américas. Como 'evidencias' internacionales, ya en Australia se ha interrumpido la transmisión de casos autóctonos de dengue en los últimos siete años en las ciudades intervenidas (2). En Indonesia, se ha empezado a generar 'evidencia' del control de la enfermedad.

En Colombia, el proyecto piloto se ha estado llevando a cabo desde el 2015, comenzando en el Barrio París del municipio de Bello y subsecuentemente en Medellín, Antioquia, donde un equipo multidisciplinario ha trabajado en forma conjunta con las autoridades locales de salud y de educación para realizar este proyecto. El objetivo inicial fue evaluar el establecimiento de la bacteria *Wolbachia* en mosquitos *A. aegypti* bajo condiciones de laboratorio y de campo.

Para determinar el grado de reducción de la carga de las enfermedades producidas por arbovirus con el establecimiento de *Wolbachia* en las poblaciones locales de *A. aegypti* en los municipios de Bello y Medellín, se están analizando las series de tiempo por medio de los registros del sistema de vigilancia epidemiológica hasta el año 2025 y la eficacia de la intervención mediante un estudio de casos y controles de pruebas negativas en una zona demostrativa de Medellín, en la zona nororiental de la ciudad entre los años 2019 y 2021 (3).

Como avances en el desarrollo de la propuesta, la infección con *Wolbachia* en *A. aegypti* se encuentra establecida entre el 90 y el 100 % en la comuna del barrio París del municipio de Bello en los últimos tres años después de las

liberaciones realizadas, y se está culminando en este año la liberación masiva de estos mosquitos en Medellín a excepción de las comunas que hacen parte de la zona demostrativa del estudio epidemiológico, que tendrán una liberación tardía de acuerdo con el protocolo del estudio epidemiológico. A la fecha, no se han vuelto a registrar brotes epidémicos de arbovirosis. Las acciones de control de las enfermedades transmitidas por vectores en ambos municipios se han continuado de manera regular.

En la tercera fase del proyecto se están evaluando diferentes estrategias de transferencia de la tecnología y sus costos para análisis posteriores de escalamiento como medida potencial de los programas de salud pública en los municipios de Itagüí y Sabaneta en el área metropolitana del Valle del Aburrá y en Cali.

Referencias

1. Ferguson NM, *et al.* Modeling the impact on virus transmission of *Wolbachia*-mediated blocking of dengue virus infection of *Aedes aegypti*. *Sci Transl Med.* 2015;7:279.
2. O'Neill, *et al.* Scaled deployment of *Wolbachia* to protect the community from dengue and other *Aedes* transmitted arboviruses. *Gates Open Research.* 2019.
3. Vélez ID, *et al.* The impact of city-wide deployment of *Wolbachia*-carrying mosquitoes on arboviral disease incidence in Medellín and Bello, Colombia: Study protocol for an interrupted time-series analysis and a test-negative design study. *F1000 Research.* 2019;8:1327.



VECTOS, un sistema integrado para el monitoreo de factores de riesgo asociados a la transmisión de arbovirus urbanos

Clara B. Ocampo^{1,2}, Neila J. Mina¹, María I. Echavarría^{1,2}, Ana L. Estrada¹, Neal Alexander^{1,2}, Miguel Acuña³, Jorge I. Ramírez³, Alexi Caballero³, Andrés Navarro², Andrés Aguirre², Secretarías de Salud de Girón, Yopal y Buga

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

² Universidad ICESI, Santiago de Cali, Colombia

³ Corporación para la Investigación de la Corrosión, Piedecuesta, Colombia

Introducción. En Colombia, como en muchos países de Latinoamérica, la toma de decisiones y el desarrollo de estrategias efectivas para el control de vectores de enfermedades urbanas, como el dengue, el Zika y el chikungunya, representan un desafío para las autoridades sanitarias municipales. La heterogeneidad de las áreas urbanas hace que sea necesario diseñar un enfoque más racional y adecuado para las acciones de control, de tal manera que se orienten de acuerdo con los riesgos de transmisión, que pueden variar incluso dentro de la misma ciudad.

Objetivo. Para fortalecer el sistema de vigilancia de arbovirus a nivel de municipio, se desarrolló un modelo integrado de análisis de los datos epidemiológicos, entomológicos y demográficos (VECTOS) que permite estratificar los niveles de riesgo y determinar las variables asociadas a la transmisión a nivel de barrio.

Metodología. Un equipo multidisciplinario con experiencia en epidemiología, entomología, antropología e ingeniería de sistemas trabajó junto con funcionarios de la Secretaría de Salud de los municipios de Girón, Yopal y Buga, en el diseño de un sistema de información integrado llamado: VECTOS.

Haciendo uso de las tecnologías de la información y la comunicación, se desarrollaron dos aplicaciones móviles (para la captura de información entomológica y social) y un sistema web que permite la recopilación, georreferenciación y análisis integrado de la información utilizando un *software* geoespacial gratuito. El sistema facilita la captura y el análisis de la información del sistema de vigilancia nacional colombiano (Sivigila), las encuestas entomológicas periódicas (larvas y pupas) y las encuestas sociales (Conocimientos, Actitudes y Prácticas), en un contexto espacial y temporal a nivel de barrio.

Se identificaron variables comunes para estratificar el riesgo de transmisión teniendo en cuenta cuatro componentes: epidemiología, entomología, medio ambiente y demografía. Estos factores de riesgo se utilizaron para identificar barrios de alto riesgo (*hot spots*) mediante: 1) la generación de cuantiles de las variables seleccionadas (previamente estandarizadas); 2) el cálculo de los puntajes Z de Getis-Ord (G_i^*), y 3) el modelo bayesiano *Integrated Nested Laplace Approximation* (INLA) para modelar el efecto de los factores sobre la incidencia del dengue por barrio.

Resultados. La información recopilada periódicamente permitió visualizar los datos en el mapa local y crear informes gráficos utilizando análisis estándar para los datos recopilados, que son fáciles de entender para los funcionarios locales de la Secretaría de Salud.

Las variables en las categorías de epidemiología (incidencia acumulada, casos graves, meses con más de 5 casos), entomología (índice de Breteau, pupas por persona), demografía (densidad de población y número de sitios con alta movilidad humana) y medio ambiente (sitios de reproducción por 1.000 habitantes), generalmente mostraron autocorrelación espacial.

El análisis estandarizado permitió estratificar el nivel de riesgo, asignando el quintil más alto a los barrios de mayor riesgo. El análisis Gi* en las variables agregadas mostró 6 puntos calientes en Buga y 15 en Yopal, entre los cuales 4 y 7 barrios, respectivamente, coincidieron en los diferentes análisis. El modelo INLA permitió predecir los valores de incidencia esperados para cada barrio, relacionando la ocurrencia de dengue con las variables entomológicas y demográficas.

Conclusiones. El uso de la herramienta de información VECTOS facilita el análisis y la comprensión de los resultados del monitoreo.

..... X

Hotspots of dengue transmission in Santiago de Cuba: retrospective analysis and prospective validation

María Eugenia Toledo-Romani¹, Mayelin Mirabal², Veerle Vanlerberghe³, Tania Gómez-Padrón⁴, Julio C. Popa-Rosales⁴, Luis Valdés⁴, Rosa María Castillo⁴, Patrick van der Stuyff⁵

¹ Instituto de Medicina Tropical "Pedro Kourí", La Habana, Cuba

² Instituto Finlay de Vacunas, La Habana, Cuba

³ Institute of Tropical Medicine, Antwerp, Belgium

⁴ Centro Provincial de Higiene, Epidemiología y Microbiología, La Habana, Cuba

⁵ Ghent University, Ghent, Belgium

Introduction: Current arbovirus control strategies need to be rethought taking into consideration a multitude of conditions that drive the transmission dynamics.

Aim: To describe and validate the dengue hotspot identification in Santiago de Cuba combining epidemiological, entomological, demographic and environmental components.

Methods: The model for hotspot identification is built based on historical cumulative data over a period of 5 years (2010-2014) of selected indicators in each of the above mentioned components. Models were elaborated using different approaches: a scoring analysis (aggregation of data within a component), standardized analysis (z score standardization) and a principle component analysis. The latter derived weights for each variable and components. Thematic maps were generated for spatial visualization of each component. The local Getis-Ord G statistics was used to test for statistically significant local autocorrelation. The prospective validation of the hotspot identification model was based on 2016 epidemiological data of Zika to explore the consistency among spatial patterns (Getis-Ord G statistics).

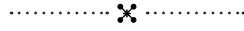
Results: The annual number of dengue cases in Santiago during the 2010-2014 period ranges between 6,064 and 8,461. The hotspots for dengue transmission in Santiago de Cuba are located in 5 Popular Councils, located in the central-southern part of the municipality.

The different approaches for modelling resulted in very similar results. The maps with the highest risk areas were very different for the epidemiological, entomological and demographic component separately. Which was confirmed by the principle component analysis, where the first component was mainly entomological indicators, and the second component was the epidemiological related indicators. Both components explained each about 30% of the variance (0.309 and 0.300, respectively) of dengue risk.

Spatial pattern analysis demonstrated that the distribution of the affected Popular Council was spatially auto-correlated across the study period, 2010-2014 ($p=0.045$). In the prospective validation with Zika cases, it was observed

that Zika cases clustered within the dengue transmission hotspots. The Getis-Ord gave the best results considering a distance of 300 m.

Conclusions: Dengue spatio-temporal diffusion patterns and hotspot detection may provide useful information to support public health decision on arbovirus control and to predict the spread over critical areas.



Presentaciones libres

A - BIOLOGÍA Y PARASITISMO INTESTINAL

A1 - Prevalencia de parásitos intestinales en estudiantes de una institución universitaria de Popayán, Cauca (2019)

Lina María López-Rojas^{1*}, Luis Reinel Vásquez²

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

² Centro de Estudios de Microbiología y Parasitología, CEMPA, Departamento de Medicina Interna, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

* linal@unicauca.edu.co

Introducción. Las infestaciones por parásitos intestinales son un importante problema de salud pública, ya que, por sus altas prevalencias y amplia distribución, se consideran una pandemia; se cree que casi un tercio de la población humana está infectada. Las investigaciones sobre las parasitosis en población universitaria son escasas. el objetivo del presente estudio es determinar la prevalencia de parásitos intestinales en estudiantes de la Facultad de Ciencias de la Salud de la Universidad del Cauca.

Objetivo. En el presente estudio, se determina la prevalencia de parásitos intestinales en estudiantes de la Facultad de Ciencias de la Salud de la Universidad del Cauca.

Métodos. Se realizó un estudio descriptivo y de corte transversal en población universitaria de Popayán, Cauca (2019). Se incluyó un total de 88 estudiantes, se recolectaron muestras de materia fecal, las cuales se procesaron mediante estudio coprológico. Se utilizó el paquete estadístico SPSS para el análisis.

Resultados. Participaron 61 % hombres y 39 % mujeres. En el 30 % de los 88 coprológicos practicados a los estudiantes del programa de Medicina de la Universidad del Cauca, se encontraron parásitos y, de estos, el 29 % correspondieron a *Blastocystis* sp. El 63 % de los estudiantes de otra ciudad se encontraban parasitados, la mayoría (70 %) de los cuales eran hombres. No se encontró ninguna asociación estadística y tampoco se hallaron helmintos intestinales.

Conclusiones. Fue baja la prevalencia de parásitos intestinales en la población del estudio, con gran relevancia de los protozoos intestinales. La presencia de *Blastocystis* sp. es importante epidemiológicamente por los genotipos que actualmente se registran.

A2 - Detección molecular de *Toxoplasma gondii* en carnes destinadas al consumo humano en Ibagué mediante PCR anidada (n-PCR) del gen B1

Juan David Medina-Hernandez^{1*}, Julio C. Carranza¹, Jorge Enrique Gómez-Marín², Gustavo A. Vallejo¹

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

² Grupo de Estudio en Parasitología Molecular, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

* j davidmedina@ut.edu.co

Introducción. *Toxoplasma gondii* es un parásito ubicuo con gran potencial zoonótico que puede infectar un amplio rango de huéspedes de sangre caliente, entre estos, animales del sector pecuario, lo cual causa pérdidas a la industria. En el humano, ha sido descrito como patógeno en personas inmunosuprimidas y afecta el desarrollo embrionario en infecciones ocurridas durante el embarazo; además, se asocia a diversos trastornos del comportamiento en personas sanas. El humano puede adquirir *T. gondii* al consumir carnes contaminadas mal cocidas. Debido a que en la ciudad de Ibagué no se habían realizado estudios de este parásito, el presente trabajo determinó la prevalencia de *T. gondii* en carnes de consumo humano.

Metodología. Se tomaron 186 muestras de carne (62 de res, 62 de pollo y 62 de cerdo) comercializadas en la zona urbana de la ciudad de Ibagué. Se estandarizó una metodología que proporcionara ADN en la cantidad y de la calidad necesarias para practicar una PCR anidada del gen B1, seguida de un corrido electroforético y posterior visualización. Se calcularon la prevalencia del parásito y los intervalos de confianza.

Resultados. Se obtuvo una prevalencia general del 18,82 % para las muestras de carne, con una prevalencia de 22,58 % (14/62) en cerdo, seguida de 19,35 % (12/62) en res y de 14,52 % (9/62) en pollo.

Conclusiones. Las carnes analizadas se pueden considerar como alimentos de riesgo potencial para la transmisión de la infección por *Toxoplasma gondii* según la prevalencia encontrada en el presente estudio y reportada en otros. Los tres tipos de carne representan un riesgo para la infección por *T. gondii*, sin diferencias estadísticamente significativas.

..... X

..... X

A3 - Detección molecular de *Giardia duodenalis*, *Blastocystis* spp., *Toxoplasma gondii* y *Cryptosporidium* spp. en frutas y hortalizas comercializadas en Ibagué

Laura Alejandra Osorio, Julio César Carranza, Gustavo Adolfo Vallejo

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

Antecedentes. Los parásitos intestinales constituyen un problema de salud pública a nivel mundial; su adaptación al medio ambiente representa una amenaza persistente para la salud, el agua, el suelo y los alimentos. El aumento de la demanda de recursos hídricos y alimenticios, incrementa la probabilidad de encontrar productos contaminados con parásitos; igualmente, el consumo de verduras crudas, con poca cocción y sin lavados adecuados, se ha convertido en prácticas que contribuyen a la infección oral por parásitos intestinales. Se han reportado numerosos brotes de parasitosis transmitidas por el agua y los alimentos, sin embargo, se deben realizar nuevos trabajos centrados en identificar la dinámica, persistencia y frecuencia de la contaminación del agua, las frutas y las verduras en diferentes regiones geográficas.

Metodología. El presente trabajo se enfocó en la detección molecular de cuatro parásitos: *Blastocystis* spp., *Toxoplasma gondii*, *Giardia duodenalis* y *Cryptosporidium* spp. a partir de material vegetal de consumo fresco. Se seleccionó un total de cien muestras de hortalizas (zanahoria, lechuga lisa y crespita, apio, cilantro, fresas y cebolla larga, entre otras), comercializadas en supermercados y plazas de Ibagué. Se hizo una concentración por el método de Faust. El sedimento obtenido se utilizó en la extracción de ADN y reacciones de PCR específicas para la detección de los cuatro parásitos.

Resultados. Se encontraron prevalencias del 8 % (pertenecientes al genotipo All) para *Giardia duodenalis*, del 22% para *Toxoplasma gondii*, del 9 % para *Blastocystis* spp. distribuidos en tres subtipos (ST1, ST2, ST3), y de 0 % para *Cryptosporidium* spp.

Conclusiones. Este es el primer trabajo en la región sobre caracterización y detección molecular, cuyos resultados aportan nueva información con respecto al carácter zoonótico de estas parasitosis y las posibles fuentes de contaminación; y evidencia el inadecuado manejo de los alimentos, aportando herramientas para los aspectos sanitarios de producción, manejo y comercialización de frutas y hortalizas.

A4 - Cambios en la diversidad y abundancia de comunidades microbianas intestinales de niños colombianos como reacción a la presencia de *Blastocystis*

Sergio Castañeda¹, Marina Muñoz¹, Ximena Villamizar¹, Luis Reinel Vásquez², Lorena Buitrón², Lina María Muñoz², Fabiola E. González², Julio César Giraldo⁴, Juan David Ramírez^{1*}

¹ Grupo de Investigaciones Microbiológicas, Programa de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

² Centro de Estudios en Microbiología y Parasitología, Departamento de Medicina Interna, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

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

⁴ Programa de Biología, Universidad INCCA de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia * juand.ramirez@urosario.edu.co

Objetivo. *Blastocystis* es un protista que habita en el intestino de diversos huéspedes, incluidos los humanos. Su capacidad para causar enfermedades aún no ha sido dilucidada y representa un tema de investigación en curso. En este estudio se examinaron muestras de heces de 57 niños en edad escolar de Popayán (Cauca), usando secuenciación de amplicón del gen *ARNr-16S*. El objetivo fue evaluar las diferencias en la composición de la microbiota entre los portadores de *Blastocystis* y los sujetos no portadores.

Metodología. Muestras de heces de 30 portadores y 27 individuos no portadores de *Blastocystis*, fueron analizadas por secuenciación de amplicón del gen *ARNr-16S*. Los análisis de esta información se dirigieron a describir la diversidad y abundancia de comunidades microbianas, e identificar asociaciones de *Blastocystis* y sus subtipos, con variables del huésped.

Resultados. Los subtipos de *Blastocystis* más comunes fueron ST3 (37 %) y ST2 (17 %). El análisis estadístico mostró cambios significativos en el filo de Actinobacterias entre los grupos de portadores y no portadores (prueba de Wilcoxon, $p < 0,05$). La relación entre la composición microbiana intestinal humana y la presencia de *Blastocystis*, fue evaluada usando un análisis de componentes principales (PCA), que permitió identificar dos grupos, uno de ellos de portadores de *Blastocystis* con predominio de Firmicutes, Proteobacteria y Actinobacteria, y un segundo grupo de no portadores con predominio de Bacteroidetes y Firmicutes.

Conclusión. Estos resultados destacan la importancia de *Blastocystis* como un posible modulador de la microbiota intestinal. Una alta prevalencia de los subtipos ST3 y ST2 fue identificada en los niños en edad escolar analizados. Se encontraron diferencias entre los perfiles de la microbiota de portadores y no portadores de *Blastocystis*, principalmente sobre el filo Actinobacteria. El aclaramiento del fundamento de las asociaciones entre *Blastocystis* y la composición de la microbiota, constituye aún un interesante campo para futuras investigaciones.

..... ✕

A5 - Prevalencia e identificación de los factores asociados con las infecciones parasitarias intestinales por *Hymenolepis nana* en niños

Diana Duarte-Amador^{1,2}, Alfredo Montes-Robledo^{1,2}, Rosa Baldiris-Avila², Neyder Contreras-Puentes¹, Dilia Aparicio-Marengo¹

¹ Grupo de Investigación, Medicina, Facultad de Ciencias de la Salud, Corporación Universitaria Rafael Núñez, Cartagena, Colombia

² Grupo de Investigación Microbiología Clínica y Ambiental, Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia

Introducción. Las infecciones parasitarias intestinales están asociadas a la falta de saneamiento, acceso al agua, higiene inadecuada y analfabetismo. Estas infecciones son prevalentes en países tropicales y subtropicales. Las infecciones parasitarias se pueden presentar en cualquier rango etario, pero los niños son los que presentan la mayor tasa de infección y un alto índice de morbilidad.

Objetivo. Por lo anterior, el objetivo del estudio fue estimar la prevalencia e identificar los factores asociados con las infecciones parasitarias intestinales por *Hymenolepis nana* en niños de un corregimiento de Turbaco-Bolívar.

Metodología. Para este trabajo, se hizo una encuesta previamente probada y exámenes de heces, para obtener datos epidemiológicos y su relación con el saneamiento.

Resultados. Los hallazgos de este trabajo evidenciaron que el 11 % de los niños presentaron parasitosis por *Hymenolepis nana*. Sin embargo, se encontró que, además de esta especie parasitaria, los niños presentaron otros parásitos como *Blastocystis hominis* e *Iodamoeba butschli*, entre otros.

Sugerimos que la presencia de estos parásitos está relacionada con las condiciones sanitarias y ambientales del corregimiento. Según los resultados de la encuesta, el 97 % de las familias conviven con porcinos, el 85 % del agua de consumo de la población es obtenida del río o de un pozo y, además, las excretas en esta zona son eliminadas a campo abierto, lo que posibilita una mayor coinfección por estos parásitos.

Conclusión. Con los resultados obtenidos en esta investigación, se sugiere que las condiciones de higiene y saneamiento ambiental juegan un papel crucial en las manifestaciones clínicas e infecciones por parasitosis intestinal.

..... ✕

A6 - Detección de especies *Cryptosporidium* en muestras de alimentos y en heces de niños en edad escolar en Armenia, Quindío

Natalia Marcela Hernández-Arango^{1,2}, Fabiana María Lora-Suárez^{2,3}, Jorge Enrique Gómez-Marín^{2,4}

¹ Maestría en Ciencias Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

² Grupo de Investigación en Parasitología Molecular, Armenia, Colombia

³ Programa de Biología, Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

⁴ Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

Antecedentes. *Cryptosporidium* spp. es un protozooario parásito intracelular del filo Apicomplexa, causante de diarrea en el hombre; su acción es más grave en niños, en adultos mayores y en pacientes inmunocomprometidos. Actualmente, se conocen más de 20 especies, pero se considera a *C. parvum* y *C. hominis* como las especies que con mayor frecuencia causan infección al hombre, constituyéndose en un importante problema de salud pública. Actualmente, no se conocen estudios sobre la presencia de este parásito en restaurantes escolares en la región cafetera de Colombia.

Metodología. Se estandarizó una PCR anidada para detectar el ADN de las especies de *Cryptosporidium* presentes en muestras de alimentos y en heces de niños en edad escolar en la ciudad de Armenia. Se recolectaron 188 muestras de alimentos, superficies vivas (manipuladoras de alimentos) superficies inertes (cuchillo, tabla de picar, aspas de licuadora y mesones de cocina, entre otros) y 187 muestras coprológicas de niños entre los cuatro y nueve años de edad que asisten a restaurantes escolares en 10 instituciones educativas de la ciudad de Armenia.

Resultados. Se encontró ADN de *Cryptosporidium* en el 6 % (11/188) de las muestras de alimentos y superficies, y 11 % (20/187) de las muestras coprológicas fueron positivas. Las muestras se secuenciaron y existió correlación de las muestras de alimentos con *C. parvum* y, de las coprológicas, con *C. hominis*.

Conclusiones. Este es el primer estudio sobre la presencia de *Cryptosporidium* en restaurantes escolares de la ciudad de Armenia. Se llevaron a cabo las acciones pertinentes ante las partes interesadas, como lo son padres de familia, rectores de instituciones educativas y autoridades locales, con el fin de contribuir a la solución de esta problemática de salud pública en la ciudad.

..... ✕

A7 - Detección y genotipificación de *Giardia intestinalis* (Protozoa: Metamonada) en muestras fecales de humanos y caninos en el barrio Las Flores de Barranquilla, Atlántico, Colombia

Carlos Bolívar-Marchena

Universidad del Atlántico, Barranquilla, Colombia

Antecedentes. *Giardia intestinalis* es causante de enfermedades intestinales y principal responsable del síndrome de malabsorción en humanos y otros mamíferos superiores; se encuentra principalmente en las heces y es adquirido por la ingestión de quistes por vía fecal-oral. Posee una gran diversidad genética evidenciada en ocho genotipos (A-H). Los genotipos A y B están comúnmente asociados a humanos y animales domésticos como los caninos, lo cual nos indica que se pueden estar presentando casos de zoonosis por la interacción entre humanos y caninos.

Métodos. Se tomaron como objeto de estudio humanos y caninos que residen en el barrio Las Flores, se estimó el índice de infección de acuerdo con la prevalencia encontrada en las muestras obtenidas en el área de estudio, de las cuales se realizó una georeferenciación del área específica donde estaba el portador de las muestras, tanto humanas como caninas. Las muestras fueron purificadas por sedimentación y se verificaron por microscopía; posteriormente, se obtuvo el ADN por el kit de extracción E.Z.N.A. con algunas modificaciones. La caracterización molecular se hizo amplificando el gen *4E1-HP* por PCR convencional.

Resultados. Se obtuvieron 64 muestras (22 caninas y 42 humanas), 30 % de las cuales fueron positivas por microscopía. En cuanto a la detección molecular, la distribución de los genotipos en las muestras fue: el 40,1 % pertenecieron al genotipo A presente solo en humanos, el 52,3 %, al genotipo B presente en humanos y animales, y un 7,5 % a los genotipos A y B para la misma muestra en humanos, presentando la infección por *G. intestinalis* con dos ensamblajes distintos.

Conclusiones. Con base a los resultados, se determinó que el genotipo B tiene una mayor prevalencia y causa más infecciones en humanos y caninos; cabe resaltar el porcentaje de humanos infectados con más de un ensamblaje, por lo cual podría especularse sobre un ciclo de transmisión zoonótica.

..... ✘

A8 - Detección molecular y genotipificación de protozoos intestinales de diferentes regiones biogeográficas de Colombia

Adriana Higuera¹, Ximena Villamizar¹, Giovanni Herrera¹, Julio César Giraldo², Luis Reinel Vásquez-A³, Plutarco Urbano⁴, Osvaldo Villalobos-Rapalino⁵, Catalina Tovar⁶, Juan David Ramírez¹

¹ Grupo de Investigaciones Microbiológicas, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

² Programa de Biología, Universidad INCCA de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

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

⁴ Grupo de Investigaciones Biológicas de la Orinoquia, Unitrópico, Yopal, Colombia

⁵ Hospital local Santa María de Mompox, Mompox, Colombia

⁶ Unisínú, Montería, Colombia

Introducción. Protozoos como *Blastocystis* se han encontrado con gran frecuencia en humanos, haciéndolo el eucariota más común, pero del cual no se ha establecido claramente su papel en el intestino. De igual manera, se han reportado otros protozoos, como *Giardia duodenalis*, *Entamoeba histolytica* y *Cryptosporidium* spp., pero asociados a síntomas diarreicos. En Colombia, existen pocos datos en regiones específicas sobre la frecuencia y los genotipos o especies circulantes de estos microorganismos.

Objetivo. El principal objetivo de este estudio fue realizar la detección molecular y la tipificación de *Blastocystis*, *G. duodenalis*, *Cryptosporidium* spp, y del complejo *Entamoeba* en muestras provenientes de diferentes regiones biogeográficas de Colombia.

Metodología. Se recolectaron 649 muestras de heces de humanos de cinco regiones biogeográficas de Colombia: Amazonía, Andina, Caribe, Orinoquía y Pacífico, y se examinaron mediante PCR.

Resultados. Mediante PCR, se detectaron 45,4 % (n=280) de muestras positivas para *G. duodenalis*, 54,5 % (n=336), para *Blastocystis*, 7,3 % (n=45,) para *Cryptosporidium* spp., 1,5 % (n= 9), para *E. dispar*, y 0,32 % (n=2) para *E. moshkovskii*. Se encontraron los subtipos 1-4, 8 y 9 de *Blastocystis* y, los ensamblajes AII, BIII, BIV, D y G, de *G. duodenalis*. Las especies *C. hominis*, *C. parvum*, *C. bovis*, *C. andersoni*, *C. muris*, *C. ubiquitum* y *C. felis* también fueron identificadas. La región del Caribe presentó los porcentajes más altos de detección para cada uno de los microorganismos evaluados: 91,9 % para *G. duodenalis*, 97,30 % para *Blastocystis*, 10,81 % para *Cryptosporidium*, 13,5 % para *E. dispar* y 2,7 % para *E. moshkovskii*; junto con la Orinoquía, con un 97,22 % para *Blastocystis*, y la región Andina, con un 69,38 % para *G. duodenalis*.

Conclusión. Existe una elevada y activa transmisión en varias regiones del país, lo que implica que se deben

mejorar los mecanismos de prevención y control de parasitosis intestinales en diferentes puntos del país.

..... ✕

A9 - Incidence of giardiasis in dogs diagnosed in a veterinary clinic in Florencia, Caquetá, 2009-2018

Juan J. García-Bustos^{1,2}, D. Katterine Bonilla-Aldana^{3,4,5}, Janeth Lucía Santacruz-Barrera¹, Alfonso J. Rodríguez-Morales^{5,*}

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Animales Macagual, Universidad de La Amazonia, Florencia, Colombia

² Grupo de Investigación en Patología e Inmunología, Universidad del Magdalena, Santa Marta, Magdalena, Colombia

³ Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Pereira, Colombia

⁴ Semillero de Zoonosis, Grupo de Investigación BIOECOS, Fundación Universitaria de las Américas, Sede Pereira, Pereira, Colombia

⁵ Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

* arodriguez@utp.edu.co

Introduction: Giardiasis in dogs can be caused by genotypes A, B, C and D. Genotypes A and B can be zoonotic. This zoonotic disease is neglected, and in humans and dogs is not under surveillance in Colombia and other countries.

Methods: We performed an observational retrospective study in a private veterinary clinic in the city of Florencia, Caquetá department, Colombia, in a 10-year period (2009-2018). Cases were diagnosed by direct smear of feces, direct saline preparation, passive fecal flotation, and centrifugal fecal flotation, then identifying cysts and trophozoites at microscopy with Lugol or iron haematoxylin, by trained laboratory professionals.

Results: During the study period, 8 dogs were diagnosed with giardiasis (0.1%). Four cases occurred in 2017-2018. From the total, 2/8 were schnauzer, 1/8 mix breed, labrador, pinscher, siberian husky, samoyed, and bulldog. Sex, 7/8 male and 1/8 female. Median age 34 months-old (2.8 y-old), IQR 25-70 m-old (2.1-5.8 y-old). One of the diagnosed cases died (case fatality rate, CFR=12.5%). The dog that died was a male labrador of 123 months-old (10.3 y-old), the oldest of the group.

Discussion: *Giardia intestinalis* (syn. *Giardia duodenalis* and *Giardia lamblia*) is a widespread intestinal parasite in mammals, including humans and dogs worldwide. There is a lack of studies of canine giardiasis in Colombia. A previous study in Cartagena and Sincelejo found 12.5% by microscopy of feces, but 30.8% by PCR and genotyping (B). A study of 3 puppies and 1 adult in Ibagué found in them the C and D genotypes. However, 5 studies in Colombia found infection ranging from 0.81% to 54.54%, none of them in the Amazonian region. The diarrhea associated can be intermittent/continual, and failure to diagnose promptly and treat the disease can lead to severe weight loss and even death in extreme cases, as in our case.

A10 - Identificación del complejo *Entamoeba*: *E. histolytica*, *E. dispar*, *E. moshkovskii*, y su relación con los efectos antropogénicos en una población del departamento de Bolívar

Diana Duarte-Amador^{1,2}, Alfredo Montes-Robledo^{1,2}, Dayana Baena-Baldiris², Rosa Baldiris-Ávila², Neyder Contreras-Puentes¹, Dilia Aparicio-Marengo¹

¹ Grupo de Investigación GINUMED, Facultad de Ciencias de la Salud, Corporación Universitaria Rafael Núñez, Cartagena, Colombia

² Grupo de Investigación, Microbiología Clínica y Ambiental, Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia

Introducción. El complejo *Entamoeba* involucra las especies *E. histolytica*, con capacidad patógena, y las especies *E. dispar* y *E. moshkovskii*, ambas consideradas como no patógenas, pero todas tres con características microscópicas idénticas. Según la especie, el género *Entamoeba* puede generar infecciones asintomáticas o levemente sintomáticas, llegando a desarrollar colitis amebiana fulminante, con diarrea sanguinolenta profusa, fiebre, leucocitosis pronunciada, dolor abdominal generalizado, a menudo con signos peritoneales y compromiso extenso del colon, y en los casos más graves, la muerte. Estas infecciones ocurren con mayor frecuencia en regiones tropicales y subtropicales, donde los efectos antropogénicos, las condiciones socioeconómicas y el saneamiento ambiental son deficientes.

Objetivo. Fue identificar y diferenciar las especies del complejo *Entamoeba*: *E. histolytica*, *E. dispar* y *E. moshkovskii*, según fenotipo y genotipo, su relación con el saneamiento y las condiciones de vida de una población del departamento de Bolívar.

Metodología. Se analizaron 106 muestras de heces (niños de 1 a 12 años) por la técnica de coprológico por concentración, y se hizo la visualización microscópica con el fin de identificar estructuras parasitarias correspondientes al complejo. Posteriormente, se identificaron el género y la especie del complejo mediante PCR.

Resultados. En esta contribución, el 16,98 % de las muestras procesadas por técnicas microscópicas fueron positivas para el complejo *Entamoeba* (*histolytica*, *dispar* y *moshkovskii*). Dadas las limitaciones del análisis de las heces por microscopía en cuanto a la identificación, es importante destacar que esta se hizo por biología molecular, contribuyendo a un mejor diagnóstico en el laboratorio y, a su vez, a una mayor comprensión del problema de salud pública, estableciendo las mejores medidas para controlar estas enfermedades.

..... ✕

A11 - *Cryptosporidium* spp.: genotipificación y descripción de la variabilidad genética encontrada en aislamientos de pacientes colombianos

J. M. Urán-Velásquez¹, J. F. Alzate^{1,2}, A. L. Galván-Díaz³, A. E. Farfán-García⁴, O. G. Gómez-Duarte⁵, G. M. García-Montoya¹

¹ Grupo de Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Centro Nacional de Secuenciación Genómica-CNSG, Sede de Investigación Universitaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³ Grupo de Microbiología Ambiental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁴ Grupo de Investigación en Manejo Clínico-CliniUDES, Programa de Bacteriología y Laboratorio Clínico, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Santander, Bucaramanga, Colombia

⁵ Division of Pediatric Infectious Diseases, Jacobs School of Medicine and Biomedical Sciences Department of Pediatrics, University at Buffalo, Buffalo, USA

Antecedentes. Los estudios de tipificación molecular basados en un solo locus, tienen limitaciones para aportar datos sobre diversidad genética, estructura poblacional y dinámica de transmisión de microorganismos, información que se explora con mayor resolución usando análisis multilocus de secuencias (MLST). En Colombia, *Cryptosporidium* es un protozoo prevalente en población infantil e inmunocomprometida. Sin embargo, a la fecha, no se conoce ningún reporte de análisis MLST en aislamientos humanos que describan la variabilidad genética de este protozoo y aporten información sobre su dinámica de transmisión.

Metodología. Estudio descriptivo que incluye el análisis de muestras de niños procedentes de Antioquia y Bucaramanga e individuos HIV positivos de Antioquia. La genotipificación se realizará mediante el análisis de las secuencias parciales de los genes *ARNr-16S* y *gp60*, y los análisis MLST, para establecer los perfiles de secuencia (ST), incluyendo siete marcadores micro/minisatélites (CP47, TP14, ML2, MS5, MS9, MSC6-7, gp60). Los datos de variabilidad genética encontrados se analizarán con la información clínico-epidemiológica y la literatura científica reportada.

Resultados preliminares. A la fecha se han incluido y genotipificado 26 muestras: *C. hominis* Ia (3/26), Ib (9/26), Id (1/26), Ie(1/26); *C. parvum* IIa (8/26), IIc (1/26); *C. meleagridis* IIIb (1/26); *C. felix* (2/26) y *C. suis* (1/26). Con respecto a los análisis MLST, después de la estandarización de diferentes protocolos (*wet-lab* e *in-silico*), se han analizado preliminarmente 18 de las muestras, con cuatro de los siete marcadores seleccionados, encontrándose 14 perfiles de secuencias (14ST), comparados con 10 subgenotipos establecidos por el gen *gp60*, para las mismas muestras.

Conclusiones preliminares. Con los análisis de secuencias concatenadas de cuatro de los siete marcadores (CP47, TP14, ML2, gp60), se observa mayor variabilidad genética para las especies *hominis* y *parvum*

(las más prevalentes en este trabajo), en comparación con lo encontrado por un solo marcador. Muestra la necesidad de obtener información taxonómica de mayor resolución para Colombia, para ampliar el conocimiento sobre la dinámica de transmisión de *Cryptosporidium* spp.

..... ✕

A12 - Caracterización epidemiológica de la infección por *Blastocystis* en una población infantil, Medellín, 2018-2019

María Isabel Osorio-Pulgarín¹, Juan Camilo Beltrán-Alzate¹, Miryan Margot Sánchez-Jiménez¹, Juan David Ramírez²

¹ Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Universidad CES, Medellín, Colombia

² Grupo de Investigaciones Microbiológicas, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La blastocistosis es una infección producida por el protozoo *Blastocystis*, aislado con mayor frecuencia en humanos y algunos animales. Su transmisión está asociada a condiciones sanitarias inadecuadas, hacinamiento, consumo de agua o alimentos contaminados y contacto con animales infectados. Los niños menores de cinco años son la población más vulnerable, con prevalencias a nivel mundial de 3 a 100 %. En la actualidad, este protozoo es objeto de controversia con respecto a su taxonomía, clínica y patogénesis.

Metodología. Se realizó un estudio observacional, prospectivo de corte, y con enfoque analítico, entre 2018 y 2019, en una población de 314 niños matriculados en instituciones públicas de atención a la primera infancia. Después de obtener el consentimiento informado, se recolectó información mediante una encuesta y, posteriormente, se obtuvieron muestras de materia fecal, para hacer el diagnóstico parasitológico mediante examen directo, método de concentración de Ritchie modificado y PCR en tiempo real, para la confirmación de *Blastocystis*. El análisis de la información se hizo mediante el paquete estadístico SPSS v.22.

Resultados. Se observó una relación hombre a mujer de 1:1, con una mediana de edad de 35 meses y un rango entre 6 y 60 meses. Se presentó una prevalencia de parasitosis intestinal de 36,6 % (115/314), siendo más frecuentes *Giardia intestinalis* (16,9 %) y *Blastocystis* (14,3 %). Se encontró asociación estadísticamente significativa entre la presencia de *Blastocystis* y: la nacionalidad venezolana (p=0,000); no tener seguridad social o estar afiliado al régimen subsidiado (p=0,012); antecedentes de dolor abdominal (p=0,002); coinfección con *G. intestinalis* (p=0,006), *Endolimax nana* (p=0,011), *Entamoeba coli* (p=0,018) o *Ascaris lumbricoides* (p=0,040).

Conclusiones. La población infantil continúa siendo propensa a las infecciones parasitarias y es *Blastocystis* uno

de los protozoos identificado con mayor frecuencia, por lo que se requieren más estudios epidemiológicos y moleculares que permitan conocer la dinámica de la transmisión.

..... ✕

A14 - Toxoplasmosis en el sistema nervioso central: cohorte retrospectiva de pacientes con HIV de un hospital del oriente colombiano

Jairo E. López-Aldana^{1,*}, Karen S. Rodríguez-Díaz¹, Agustín Vega-Vera^{2,3}, Claudia L. Figueroa-Pineda¹

¹ Departamento de Medicina Interna, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

^{2,3} Servicio de Infectología, Hospital Universitario de Santander, Bucaramanga, Colombia

* jairolopezaldana@gmail.com

Introducción. La toxoplasmosis cerebral es la causa más común de lesiones cerebrales expansivas en personas con síndrome de inmunodeficiencia adquirida (HIV-sida); esta enfermedad ha tenido un gran impacto en la mortalidad y las secuelas neurológicas, pese al acceso a los antirretrovirales, afectando la calidad de vida, la independencia y el pronóstico de los pacientes.

Objetivo. Fue describir las características demográficas, clínicas e imaginológicas, los hallazgos de laboratorio, el tratamiento y la mortalidad.

Materiales y métodos. El presente es un estudio retrospectivo, descriptivo y observacional, en el que se incluyeron 32 pacientes mayores de 18 años con diagnóstico previo o *de novo* de infección por HIV, con diagnóstico de primer episodio de toxoplasmosis cerebral (TC), entre enero de 2013 y enero de 2017.

Resultados. Se identificaron 32 casos de toxoplasmosis cerebral en pacientes HIV-sida-C3. La prevalencia fue más alta en hombres. La edad de los pacientes varió de 19 a 65 años. Los síntomas más comunes fueron cefalea y fiebre (60 %), seguidos de alteración del estado de conciencia (54 %), emesis (59 %) y convulsiones (20 %). El tratamiento como prueba terapéutica fue (92 %) trimetoprim-sulfametoxazol. La mortalidad global fue de 25 % y el 64,3 % de la población presentaba comorbilidad por otro germen oportunista en cualquier sistema.

Conclusiones. La toxoplasmosis cerebral continúa siendo la infección oportunista más común en pacientes con HIV-sida, a pesar de la disponibilidad de la terapia antirretroviral. La toxoplasmosis cerebral presenta un amplio espectro de manifestaciones clínicas y neurorradiológicas, y representado un reto para la sospecha diagnóstica oportuna. En nuestros pacientes, se evidenció una mortalidad importante (25 %), posiblemente asociada a comorbilidad con otros oportunistas. Por otro lado, la tomografía axial cerebral reportó alteraciones

inespecíficas en 20 % de los casos y los exámenes de líquido cefalorraquídeo no determinaron un diagnóstico de certeza. De esta forma, se plantea la necesidad de utilizar otras herramientas diagnósticas, como la resonancia magnética cerebral de rutina o estudios serológicos específicos, que podrían ser útiles para establecer una sospecha diagnóstica y dar un manejo temprano.

..... ✕

A15 - Frecuencias de coinfección por *Clostridium difficile* y *Blastocystis* en pacientes colombianos con diarrea

Laura Vega, Giovanni Herrera, Marina Muñoz, Juan David Ramírez

Grupo de Investigaciones Microbiológicas, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Los estudios enfocados en el microbioma intestinal han mostrado que algunos de sus miembros pueden modular las poblaciones de otros microorganismos; este es el caso de *Blastocystis* y *Clostridium difficile*. La bacteria *C. difficile* es la principal causa de diarrea asociada al uso de antibióticos y presenta diversos factores de virulencia que le permiten generar disbiosis en la microbiota intestinal. Por otro lado, el protista *Blastocystis* habita de forma natural en el intestino de los humanos y de varios animales, pero no se ha establecido si su relación con la microbiota bacteriana de su huésped es parasítica o como comensal. A pesar de que *Blastocystis* pueda llegar a modular negativamente las poblaciones de ciertas bacterias, no es común encontrar a este protista en casos de disbiosis intestinal debido a su naturaleza anaerobia. En Colombia, existe poca documentación sobre la incidencia de infección por *C. difficile*, y son pocos los estudios que muestren la incidencia de infección por *C. difficile* y *Blastocystis*. Por lo tanto, este trabajo se enfocó en determinar las frecuencias de infección por parte de *C. difficile* y *Blastocystis* en 220 muestras de pacientes colombianos con diarrea.

Materiales y métodos. Se practicó una PCR convencional para detectar la presencia de *Blastocystis* en 220 muestras de materia fecal de los pacientes. Además, se utilizó la información recolectada durante un trabajo previo que correspondía a la infección por *C. difficile* en los pacientes, la identificación de las toxinas de *C. difficile* y la estancia a la que pertenecían los pacientes. Es importante mencionar que la estancia corresponde al sitio en el que los pacientes adquirieron la infección: en la comunidad o en el hospital. Finalmente, esta información fue usada para construir una base de datos.

Resultados. La información obtenida permitió definir cuatro poblaciones de estudio principales: 36 muestras pertenecientes a la población positiva para *Blastocystis*

y *C. difficile*, 11 muestras pertenecientes a la población *Blastocystis* (+) /*C. difficile* (-), 83 muestras pertenecientes a la población *Blastocystis* (-) /*C. difficile* (+) y 55 muestras pertenecientes a la población negativa para *Blastocystis* y *C. difficile*. Por otra parte, de las 220 muestras, 138 pertenecían a pacientes cuya infección fue adquirida en la comunidad. Finalmente, fue posible identificar toxinas en 126 muestras de pacientes que presentaban infección por *C. difficile*.

Conclusión. Las frecuencias de infección encontradas podrían sugerir una posible adaptación de *Blastocystis* a una situación de disbiosis causada por *C. difficile*, y que no había sido reportado en Colombia. Además, estas frecuencias de infección podrían contribuir al conocimiento de la incidencia de infección por *C. difficile* en Colombia, que constituye un problema de salud pública en el país.

..... X

A16 - Primer reporte de detección y caracterización molecular de *Blastocystis* spp. en muestras fecales humanas en Ibagué, Tolima

Caterine Potes-Morales^{1,2}, Julio César Carranza³, Gustavo Adolfo Vallejo³

¹ Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

² Universidad del Valle, Cali, Colombia

³ Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

Antecedentes. *Blastocystis* spp. es un parásito intestinal cosmopolita presente en humanos y animales, con datos de encontrarse en, al menos, 1.000 millones de personas en el mundo, siendo más alta la prevalencia en zonas tropicales y subtropicales de países en desarrollo. Se han establecido estrategias biológicas dirigidas a la evaluación de la presencia de *Blastocystis* spp. Sin embargo, estas no son suficientes y requieren de herramientas moleculares para brindar resultados de diagnóstico confiables.

Métodos. Se obtuvieron cien muestras anónimas de heces fecales humanas con presencia de *Blastocystis* spp. por convenio con un laboratorio clínico local. Las muestras fueron concentradas por el método de flotación de Faust. El producto se dividió en dos, utilizándose una parte para visualización microscópica con lugol y, la segunda parte, para la extracción de ADN. Se efectuó la detección molecular de *Blastocystis* spp. utilizando una PCR sobre el gen *18S* de ARN ribosómico. Las muestras positivas fueron amplificadas nuevamente, por medio de una PCR específica para los siete subtipos descritos para el país.

Resultados. De las cien muestras seleccionadas con *Blastocystis* spp., 94 (94 %) dieron resultado positivo en la PCR para la detección del parásito. La diversidad genética resultó en los subtipos 1, 2 y 3 como los subtipos presentes, siendo los dos primeros los más recurrentes,

con valores de 50%, 33% y 17%, respectivamente. La diversidad genética mostró la presencia de los subtipos 1, 2 y 3, siendo los dos primeros los más recurrentes, con valores de 50 %, 33 % y 17 %, respectivamente. Estos resultados fueron confirmados con análisis de secuencias.

Conclusiones. Este es el primer trabajo de detección y caracterización molecular de *Blastocystis* spp. en Ibagué (Tolima) y sus resultados sirven de base para proyectar estudios epidemiológicos en la ciudad y otras áreas del departamento. Los resultados obtenidos aportan nueva información acerca del organismo en la región y del posible carácter zoonótico como principal fuente de contaminación de *Blastocystis* spp.

..... X

A18 - Parasitismo intestinal en población escolar de 5 a 14 años en el departamento del Atlántico, 2016-2017

Fernando Ruiz¹, Martín Leyes¹, Laura Arzuza-Ortega¹, Marlene Guerra-Sarmiento¹, Ronald Maestre-Serrano²

¹ Secretaría de Salud del Atlántico, Laboratorio de Salud Pública, Barranquilla, Colombia

² Universidad Simón Bolívar, Facultad de Ciencias de la Salud, Barranquilla, Colombia

Introducción. Las parasitosis intestinales constituyen un problema de salud pública por sus efectos crónicos sobre la salud y la nutrición; cada año pueden presentarse hasta 135.000 muertes por su causa. Están asociados a factores socioeconómicos y culturales. La población infantil constituye uno de los principales grupos en riesgo. El objetivo del presente trabajo fue determinar la prevalencia, los factores de riesgo y el grado de desnutrición asociados con los parásitos intestinales en escolares de 5 a 14 años, en siete municipios del departamento del Atlántico con un alto índice de necesidades básicas insatisfechas.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio descriptivo y transversal. Se aplicó una encuesta epidemiológica y se hizo el diagnóstico parasitario por técnicas directa, concentración y tinción de Ziehl-Neelsen.

Resultados. Se analizaron 323 escolares. El 56,4 % eran mujeres (IC_{95%} 50,9-61,7), con edad promedio de 8,9±2,5 años, el 54,5 % vivía en zona rural (IC_{95%} 49,0-59,8), el 71,5 % tenía primaria básica (IC_{95%} 66,4-76,2), el 67,8 % pertenecía al régimen subsidiado (IC_{95%}: 62,5-72,7), el 92,3 % convivía con sus padres (IC_{95%} 88,8-94,7) y el 71,8 % con animales domésticos (IC_{95%} 66,7-76,5). El índice de masa corporal promedio era de 16,9±3,3; el 65,9 % de los niños se encontraban con peso normal y, el 17 %, con bajo peso. El parasitismo global fue de 69,66 %. Hubo poliparasitismo en el 37,33 %, con una prevalencia de patógenos de 33,13 % y en los parasitados, de 47,55 %; helmintos (15,11 %) y protozoos de 65,33 %. Entre estos últimos, se destacan:

Giardia lamblia (23,56 %) y *Entamoeba histolítica/dispar* (14,22 %). No lavarse las manos antes de comer, fue estadísticamente significativo en los parasitados ($p=0,01$).

Conclusión. La parasitosis intestinal y la desnutrición tuvieron una alta prevalencia y no lavarse las manos antes de comer fue un factor de riesgo.

..... X

A19 - Incidence of ancylostomiasis in dogs diagnosed in a veterinary clinic in Florencia, Caquetá, 2009-2019

Juan J. García-Bustos^{1,2}, D. Katterine Bonilla-Aldana^{3,4,5}, Janeth Lucía Santacruz-Barrera¹, Alfonso J. Rodríguez-Morales^{5,*}

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Animales Macagual, Universidad de La Amazonia, Florencia, Colombia

² Grupo de Investigación en Patología e Inmunología, Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

³ Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

⁴ Semillero de Zoonosis, Grupo de Investigación BIOECOS, Fundación Universitaria de las Américas, Pereira, Colombia

⁵ Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

* arodriguez@utp.edu.co

Introduction: Canine hookworm disease is caused by *Ancylostoma caninum*, *A. braziliense*, *A. ceylanicum* and *Uncinaria stenocephala*. This zoonotic disease is neglected, and in humans and dogs is not under surveillance in Colombia and other countries.

Methods: We performed an observational retrospective study in a private veterinary clinic in the city of Florencia, Caquetá department, Colombia, in a 11-year period (2008-2019-mid). Cases were diagnosed with the parasite detection on flotation of fresh feces microscopy (characteristic thin-shelled, oval eggs identification) with trained laboratory professionals.

Results: During the study period, 130 dogs were diagnosed with ancylostomiasis (1.63%). Most cases occurred in 2016, 32 (24.6%), for a median of 8 cases/year (IQR 6-14). From the total, 36.9% were mix breed, followed by 18.5% pinscher, 16.2% schnauzer, among others. Sex, 62.3% male and 37.7% female. Mean age 81.1 months-old (6.8 y-old) \pm 52.7 m-old (4.4 y-old), with no differences by sex ($p=0.9714$). Seven of the diagnosed cases died for a case fatality rate (CFR%) of 5.4%, being higher in 2009, 28.6% ($p=0.031$). The fatal cases were older (mean 171.1 m-old) compared to those cured (75.9 m-old) ($p<0.001$). Deaths were higher in those ≥ 2 episodes (10.9%) compared to those with only 1 (0.0%) ($p=0.0176$). The Odds Ratio (OR) for deaths of those >2 episodes was 10.3 (95%CI 1.885-56.415) (Ref: ≤ 2), but age predicted the number of episodes at the non-linear regression model ($r^2=0.7448$; $p<0.001$).

Discussion: Ancylostomiasis etiological agents are widely distributed in the world, *A. caninum*, the main one, in tropical and subtropical areas. *A. braziliense* is in the Americas, and *A. ceylanicum* is present in South America. As seen herein, canine ancylostomiasis can cause high morbidity, and although consider uncommon, even lead to deaths. Furthermore, the infective larvae of those hookworms, particularly *A. braziliense*, may penetrate and wander under the skin of people and cause cutaneous larva migrans.

..... X

A20 - Prevalencia de *Giardia duodenalis* en cuatro asentamientos arhuacos en la zona oriental de la Sierra Nevada de Santa Marta, Cesar, Colombia

Ramón Gamarra-Rueda¹, Alfonso Campo-Carey², Juan Carlos Dib- Diazgranados^{1,3}, Karen Florez-Lozano¹

¹ Universidad del Norte, División Ciencias de la Salud, Barranquilla, Colombia

² Wintukwa I.P.S.I., Valledupar, Colombia

³ Fundación Salud para el Trópico, Santa Marta, Colombia

Antecedentes. La giardiasis constituye un problema de salud pública global. Es considerada en la lista de las enfermedades tropicales desatendidas por la Organización Mundial de la Salud. Las condiciones de vivienda sin acceso a los servicios públicos para los pueblos indígenas en Colombia, facilita la aparición de estas enfermedades. El objetivo del estudio fue determinar la prevalencia de giardiasis humana y algunos factores de riesgo asociados a la enfermedad en cuatro asentamientos de la etnia arhuaca de la Sierra Nevada de Santa Marta, al norte de Colombia.

Métodos. Los asentamientos estudiados fueron: Arwamake (A), Donachui (D), Gun Aruwun (G) y Timaka (T). Se estimó la prevalencia de *Giardia duodenalis* por edad, sexo y asentamiento, mediante el análisis de muestras fecales ($n=1519$). Las muestras fueron analizadas inmediatamente *in situ* mediante el método directo más lugol. Se calculó la prevalencia general y para cada asentamiento de QGD, con un intervalo de confianza (IC) de 95 %. Además, se usó un modelo de regresión logística binomial para estudiar los factores de riesgo (edad, sexo, asentamiento) asociados a la presencia de *G. duodenalis*.

Resultados. El 43,7 % ($n=663$) de la muestra eran hombres. Los grupos etarios con más individuos fueron de 19-65 años y los menores de 5 años, con 38,4 % ($n=583$) y 20,5 % ($n=312$), respectivamente. La prevalencia general de *G. duodenalis* fue del 12,1 % (IC_{95%} 10,5-13,8). La prevalencia por asentamientos fue D=17,2 % (IC_{95%} 14,3-20,6), seguido por T=16,4 % (IC_{95%} 10,5-21,4) y G=10,5 % (IC_{95%} 8-13,7), A=4,1 % (IC_{95%} 2,4-6,8). Los resultados demostraron una asociación significativa ($p<0,05$) entre *G. duodenalis*, y grupo etario y asentamiento.

Conclusión. A excepción del grupo de mayores de 65 años, todos los grupos etarios y todos los asentamientos presentaron, al menos, un caso de *G. duodenalis*. Se deben realizar estudios que profundicen sobre otros factores de riesgos asociados y posibles intervenciones en las áreas de mayor prevalencia.

..... ✕

A21 - Importancia de la transmisión de *Giardia* spp. y *Cryptosporidium* spp. en agua

Introducción. Los brotes de protozoos parásitos son una de las principales causas de 1,7 billones de casos de diarrea y contribuyen a 502.000 muertes al año, siendo la segunda causa de muerte en niños menores de cinco años. *Giardia* spp. y *Cryptosporidium* spp. son protozoos parásitos que constituyen las principales causas de brotes de enfermedades entéricas transmitidas por el agua en todo el mundo; al ser patógenos humanos de distribución mundial, poseen presencia significativa en el agua de la superficie ambiental y tienen el potencial de ser transmitidos de huéspedes no humanos a humanos.

Objetivo. Evaluar sistemáticamente lo referente a brotes e informes a nivel de Suramérica sobre estos dos patógenos.

Materiales y métodos. Se hizo una búsqueda sistemática relacionada con *Giardia* spp. y *Cryptosporidium* spp. en agua.

Resultados. Suramérica encabeza la lista con Brasil (30,3 %) de casos de brotes reportados, seguido de Argentina (15,1 %), Colombia (10,6 %), Venezuela (7,6 %), Perú (4,5 %), Ecuador y Chile (1,5 %). En Centroamérica y el Caribe, México es el responsable de la mayoría de los reportes (12,1 %), continuando con Cuba y Puerto Rico (3 %). Brasil y Colombia han establecido leyes para el control y la vigilancia de la calidad del agua para consumo humano.

Conclusiones. El vínculo entre los protozoos parásitos y el cambio climático va más allá del nivel de desarrollo de cada país. Las personas, independientemente de su lugar de vida, están expuestas a una amplia gama de patógenos sensibles al clima, que incluyen bacterias, hongos, virus, parásitos y algas por medio de los alimentos, el consumo de agua potable y el uso recreativo del agua. De acuerdo con esto, sería importante extender las medidas preventivas e impulsar las investigaciones en el campo del medio ambiente, aplicando tecnologías de acuerdo con la fortaleza económica de cada país.

..... ✕

A22 - Papel del ARN largo no codificante TERRA (*Telomeric Repeat Containing RNA*) durante el ciclo de desarrollo de *Leishmania*

Edna Gicela Ortiz-Morea¹, Elton José Rosa-Vasconcelos², Selma Giorgio³, Peter Myler⁴, Helio Langoni¹, Claus María Azzalin⁵, María Isabel Nogueira-Cano¹

¹ Universidad del Estado de São Paulo, UNESP, Brasil

² Leeds Omics, Universidad de Leeds, Reino Unido

³ Universidad Estadual de Campinas, Brasil

⁴ Universidad de Washington, Seattle, Estados Unidos de América

⁵ Instituto de Medicina Molecular, Portugal

Antecedentes. La leishmaniasis es una enfermedad tropical desatendida, y es de gran importancia el descubrimiento de nuevas dianas terapéuticas, como son los telómeros. Los telómeros tienen como principal función mantener la estabilidad del genoma que, si se afecta, puede perjudicar directamente la proliferación y la vida del parásito. Los telómeros son transcritos en TERRA, que desempeñan un papel esencial en la manutención de los telómeros.

Métodos. Se analizan las bibliotecas de SL-RNA-Seq, se validan los resultados utilizando *Northern blot*, RT-qPCR, *Southern blot* telomérico y R-loop ChIP, en tres fases de desarrollo de *Leishmania* (amastigote, procíclica y metacíclica) y durante diferentes fases de duplicación de la población.

Resultados. Identificamos mediante SL-RNA-Seq que transcritos de TERRA son originados de varias extremidades cromosómicas, validamos estos resultados utilizando northern blot e RT-qPCR. Los análisis confirmaron que los transcritos TERRA poseen tamaño variable mostrando también diferentes niveles de expresión dependiendo de la forma de desarrollo y duplicación de la población de cada fase, sugiriendo que la expresión de TERRA es regulada durante el desarrollo del parásito. Adicionalmente, la cantidad de transcritos TERRA es mayor en la fase amastigote y metacíclica cuando comparada con procíclica. Los niveles de transcritos TERRA aumentan en procíclica con el aumento de la duplicación de la población siendo inversamente proporcional al encortamiento telomérico progresivo. TERRA R-loops fueron más abundantes en todas las extremidades que transcribe TERRA en amastigota.

Conclusiones. En *Leishmania*, los transcritos TERRA están presentes en los tres estadios de desarrollo. La fase metacíclica es similar a la fase amastigote, que puede ser debido a la pre-adaptación de la maquinaria de los metacíclicos en el hospedero invertebrado, a los cambios necesarios para sobrevivencia en su próximo hospedero (mamífero). TERRA presenta características únicas en *Leishmania*, abriendo nuevas posibilidades para entender la regulación telomérica asociadas a la *Leishmania*, que futuramente podrá ser utilizado como herramienta para su erradicación.

A23 - Estrés térmico a corto plazo no impacta la somía pero causa perfiles transcripcionales notables en promastigotes de *Leishmania braziliensis in vitro*

Nathalia Ballesteros, Nubia M. Vásquez, Luz H. Patiño, Lissa Cruz-Saavedra, Juan David Ramírez
Grupo de Investigaciones Microbiológicas, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes. Las leishmaniasis son enfermedades complejas y desatendidas, causadas por parásitos protozoarios del género *Leishmania*, de las cuales leishmaniasis cutánea es la manifestación clínica más común a nivel global; su principal agente etiológico en el Nuevo Mundo es *Leishmania braziliensis*. En recientes estudios, se ha resaltado que cambios genómicos, como variaciones en el número de copias (VNC) a nivel cromosómico y de genes, y cambios transcripcionales, son algunos de los mecanismos usados por las especies de *Leishmania* para adaptarse a los cambios ambientales. Sin embargo, en pocos estudios se ha descrito el impacto de las variaciones de temperatura por medio del genoma y el transcriptoma de promastigotes de *Leishmania*.

Métodos. Se determinó el efecto de las variaciones en la temperatura en promastigotes de *L. braziliensis in vitro*, a

partir de la secuenciación de nueva generación (DNA-Seq y RNA-Seq) y el desarrollo de curvas de crecimiento de promastigotes sometidos a tres diferentes temperaturas (24 °C, 28 °C y 30 °C).

Resultados. Se demostró el impacto del cambio de temperatura en los promastigotes en cuanto a su proliferación, especialmente en la temperatura más alta (30 °C), en la variación en el número de copias, alrededor de 3 % de los genes tuvieron un aumento significativo de sus copias en todos los tratamientos, y el impacto en sus perfiles transcripcionales. En estos últimos, se encontró una reacción rápida frente al estrés térmico con una expresión diferencial de genes que codifican para amastinas (proteínas de superficie), proteínas de transporte y proteínas de choque térmico.

Conclusiones. Los hallazgos de este estudio permiten evidenciar la reacción a corto plazo de promastigotes de *L. braziliensis* frente a un estrés térmico, en el cual se resalta el cambio en el número de copias de genes y la sobrerregulación y subregulación de genes asociados con procesos fundamentales, los cuales pueden ser importantes en la adaptación y la supervivencia al cambio de temperatura.

..... x

B - CASOS CLÍNICOS

B1 - Miasis en pacientes con cáncer en el Instituto Nacional de Cancerología entre 2008 y 2018: serie de casos

Samuel de Jesús González-Vélez¹, Ligia Rosa Olivera-Monroy², Sonia Isabel Cuervo-Maldonado^{3,4,5}, Ligia Inés Moncada-Álvarez^{3,6}, Ricardo Sánchez-Pedraza^{3,7}, Julio César Gómez-Rincón^{4,5}, Martha Galindo⁸

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

² Grupo de Medicina Interna, Instituto Nacional de Cancerología ESE, Bogotá, D.C., Colombia

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

⁴ Grupo de Infectología, Instituto Nacional de Cancerología ESE, Bogotá, D.C., Colombia

⁵ Grupo de Investigación en Enfermedades Infecciosas en Cáncer y Alteraciones Hematológicas, Bogotá, D.C., Colombia

⁶ Grupo de Investigación en Entomología, Bogotá, D.C., Colombia

⁷ Grupo de Epidemiología Clínica, Instituto Nacional de Cancerología ESE, Bogotá, D.C., Colombia

⁸ Grupo de Enfermería, Instituto Nacional de Cancerología ESE, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La miasis puede ser considerada una enfermedad desatendida. Corresponde a la infestación de larvas de dípteros en piel, heridas o cavidades naturales. La literatura científica sobre pacientes oncológicos con infestación en Colombia, es muy limitada.

Métodos. Se estudió una serie de casos de miasis en pacientes atendidos en el Instituto Nacional de Cancerología de 2008 a 2018. Se obtuvieron datos de las historias clínicas, con el fin de caracterizar variables sociodemográficas y oncológicas, y el tratamiento recibido.

Resultados. Se encontraron 32 registros, 27 de los cuales cumplieron con los criterios de inclusión. La mediana de edad fue de 69 años; 74 % fueron hombres; 48 % procedían de área rural y, 33,3 %, de áreas con alturas superiores a 2.000 msnm. El 70 % presentaba cáncer de cabeza y cuello, seguidos por el 14 % con cáncer de mama. El 40 % tuvo un puntaje de 2 o 3 en la escala ECOG (*Eastern Cooperative Oncology Group*). El 77% de los pacientes visualizaron larvas antes de consultar; ninguno presentaba sepsis al momento de consultar y el 29 % presentaban secreción en la zona infestada. El 85 % recibió ivermectina y curaciones por parte de enfermería, el 80 %, antibióticos sistémicos y, el 60 %, otros tratamientos, además de la remoción mecánica y la ivermectina. La mediana de leucocitos al ingreso fue de 10.280 y, la de eosinófilos, de 110.

..... ✕

Conclusión. Esta es la primera serie de casos informada de miasis en pacientes oncológicos de América. Es más frecuente en pacientes con neoplasias en áreas expuestas, aunque se puede presentar en zonas no expuestas; la infestación por larvas tiende a no ser purulenta. Se deben hacer estudios sobre el uso de la ivermectina, otros antibióticos y las implicaciones pronósticas de esta enfermedad, en los pacientes con cáncer avanzado.

..... ✕

B2 - Aspergilosis extrapulmonar invasiva: reporte de un paciente receptor de trasplante renal

Daniela Elena Calvache¹, José Joaquín Alvarado², Daniel Echeverri³

¹ Departamento de Medicina Interna, Universidad del Valle, Cali, Colombia

² Área de nefrología, DIME Clínica Neuro-Cardio-Vascular, Cali, Colombia

³ Área de Epidemiología Hospitalaria, DIME Clínica Neuro-Cardio-Vascular, Cali, Colombia

Introducción. La aspergilosis invasiva es la forma más grave de infección por *Aspergillus* spp. Generalmente, compromete el sistema respiratorio, aunque puede extenderse hacia otras partes del cuerpo. Su mortalidad puede alcanzar entre el 59 % y el 100 %, según los órganos comprometidos.

Presentación del caso. Se trata de una mujer afrodescendiente de 67 años de edad, con historia de 16 años de hipertensión arterial sistémica no controlada y enfermedad renal crónica en estadio 5 manejada durante siete años con diálisis y, finalmente, trasplante renal de donante cadavérico. Ingresó por un cuadro confusional 44 días después del trasplante. En los estudios imagenológicos se encontraron múltiples lesiones nodulares supratentoriales e infratentoriales, en la unión de la sustancia gris con la blanca, con realce periférico del medio de contraste y edema perilesional en el cerebro; en el hígado, se encontraron múltiples lesiones quísticas y escasa captación, indicativos de un proceso infeccioso. Se tomaron muestras por punción para cultivo de las lesiones quísticas hepáticas, y se obtuvo *Aspergillus fumigatus*. Se inició tratamiento con voriconazol más anidulofungina, pero la paciente finalmente falleció.

Discusión. La aspergilosis invasiva es la segunda causa de enfermedad fúngica invasiva después de aquella por *Candida* spp. El agente etiológico más frecuente en la aspergilosis invasiva es el *A. fumigatus* y los más vulnerables ante esta enfermedad son los pacientes neutropénicos, con terapias inmunosupresoras o con trasplante de órgano blanco, entre otros.

El tratamiento de primera línea es el voriconazol. En casos de infecciones que no mejoran con monoterapia, se sugiere voriconazol más caspofungina. La consideración de tratamiento quirúrgico debe ser individualizada en cada caso.

..... ✕

B3 - Infección invasiva por *Lasiodiplodia theobromae* en un receptor de trasplante renal: reporte de un caso

Daniela Elena Calvache¹, José Joaquín Alvarado², Daniel Echeverri³

¹ Departamento de Medicina Interna, Universidad del Valle, Cali, Colombia

² Área de Nefrología, DIME Clínica Neuro-Cardio-Vascular, Cali, Colombia

³ Área de Epidemiología Hospitalaria, DIME Clínica Neuro-Cardio-Vascular, Cali, Colombia

Resumen. *Lasiodiplodia theobromae* es un hongo con taxonomía compleja. Se ha descrito como agente etiológico de infecciones oftálmicas asociadas a trauma ocular con material orgánico y, menos comúnmente, de infecciones dermatológicas. Las infecciones invasivas en humanos por este hongo son extremadamente infrecuentes, describiéndose un solo caso de infección sistémica previamente a este.

Caso clínico. Se trata de una mujer de 53 años, con enfermedad renal crónica en estadio 5. Fue sometida a trasplante renal de donante cadavérico, siguiendo el protocolo de inducción inmunosupresora con timoglobulina. A los 37 días postrasplante, volvió a consultar por disnea de inicio súbito, asociada con dolor torácico opresivo que se iniciaba en reposo, sin fiebre ni tos. La tomografía axial de tórax evidenció un conglomerado ganglionar mediastinal con patrón micronodular generalizado y bilateral, y áreas consolidadas con focos de necrosis en el pulmón izquierdo. El látex para *Cryptococcus* en sangre, la baciloscopia seriada en esputo y la antigenuria para histoplasma fueron negativos, así como la coloración de Gram y el GeneXpert™ MTB/RIF de la secreción ganglionar. El examen con KOH de esta secreción mostró hifas tabicadas y el galactomanán en sangre fue positivo (1.082). El reporte histopatológico del ganglio mediastinal reveló un hongo hialohifomiceto en medio de un proceso inflamatorio y necrótico. La tipificación del microorganismo se obtuvo por medio de la amplificación de la región ITS1-ITS4 del genoma fúngico, se encontró una coincidencia del 99 % con *L. theobromae*. La paciente presentó una buena evolución clínica al tratarla con voriconazol.

Conclusiones. No se dispone de perfiles de sensibilidad ni de guías de tratamiento para esta entidad, debido a la atipicidad de esta infección. En este caso, se obtiene una reacción favorable a la terapia con voriconazol sistémico.

..... ✕

B4 - Síndromes clínicos asociados al envenenamiento por serpientes de la familia Viperidae en el suroccidente colombiano

Carlos A. Cañas¹, Santiago Castaño-Valencia², Fernando Castro-Herrera²

¹ Facultad de Medicina, Universidad Icesi, Cali, Colombia

² Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Valle, Cali, Colombia

Antecedentes. En el suroccidente colombiano, hay una variedad importante de serpientes pertenecientes a la familia Viperidae (víboras), cuyo envenenamiento ocasiona diversos síndromes clínicos no bien reconocidos.

Métodos. Se revisaron los casos de envenenamiento por víboras desde 2011 hasta 2019 en la Fundación Valle del Lili, Cali, Colombia. Se catalogaron como síndromes clínicos: edematoso, necrosante, inductor de flictenas, procoagulante, anticoagulante o miotóxico, y se relacionaron con la especie que ocasionó el envenenamiento. La identificación de la serpiente fue hecha por biólogos expertos en el tema.

Resultados. Se presentaron 53 casos de envenenamiento por víboras, 22 de los cuales cumplieron los criterios de inclusión. Fueron 16 (72,7 %) hombres y la edad promedio fue de 35 años (rango 3-69). Las serpientes causantes y los síndromes relacionados se distribuyeron así: *Bothrops asper*, 5 (22,7 %) pacientes (necrosante, procoagulante, fase inicial; anticoagulante, fase tardía); *Bothrops rhombeatus*, 5 (22,7 %) pacientes (edematoso, inductor de flictenas, anticoagulante); *Bothriechis schlegelii*, 5 (22,7 %) pacientes (edematoso, anticoagulante); *Bothrops punctatus*, 3 (13,6 %) pacientes (anticoagulante); *Bothrocophias colombianus*, 1 (4,5 %) paciente (edematoso, miotóxico, anticoagulante); *Bothrocophias myersi*, 1 (4,5 %) paciente (edematoso, miotóxico), y *Porthidium nasutum*, 1 (4,5 %) paciente (edematoso).

Conclusiones. Los envenenamientos por víboras en el suroccidente colombiano cursan con efectos procoagulantes o anticoagulantes y necrotizante en *Bothrops asper*, inductor de flictenas y anticoagulante en *Bothrops rhombeatus*, anticoagulante en *Bothrops punctatus*, edematoso y anticoagulante en *Bothriechis schlegelii*, edematoso y miopático en *Bothrocophias* y solo edematoso en *Porthidium nasutum*. Estos hallazgos deben confirmarse con estudios prospectivos y correlacionarse con proteómica del veneno.

..... ✕

B5 - Miasis escrotal: reporte de caso

Edwin Fabián Paz¹, Luis Reinel Vásquez², Joan Sebastián Vásquez³, Harold J. Bolaños-Bravo⁴

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

² Centro de Estudios de Microbiología y Parasitología, Departamento de Medicina Interna, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

³ Programa de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁴ Grupo de Investigación en Inmunología y Enfermedades Infecciosas, Departamento de Patología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

* edwinpaz@unicauca.edu.co

Introducción. La miasis es el parasitismo producido por el estadio larvario de algunas especies de moscas, que se depositan en tejidos blandos y cavidades como parte de su ciclo vital. La infestación afecta a algunos mamíferos, incluido el ser humano. Las larvas se alimentan del tejido del huésped, produciendo una lesión con sensación de movimiento. El objetivo es describir un caso clínico de miasis escrotal.

Métodos. Se trata de un hombre de 56 años, de la zona rural de un municipio de Timbío (Cauca), que consultó por un cuadro clínico inflamatorio y supurativo de un mes de evolución, en los genitales. Dos semanas antes, había sido tratado como un caso de herpes genital, sin mejoría de los síntomas. El servicio de urología indicó tratamiento quirúrgico, antibiótico y analgésico. Se obtuvo una muestra de tejido y en el estudio de histopatología se encontraron cuatro larvas correspondientes a *Dermatobia hominis* según su morfología.

Resultados. Se presenta un caso clínico ocasionado por *D. hominis*, que se encuentra distribuido hasta los 1.400 msnm y es endémica en América Central y Suramérica. La inoculación de los huevos se hace por forénesis, y se cuenta con cerca de 50 especies de foréticos. Es una parasitosis rara o subregistrada, asociada con la ganadería. Produce una miasis forunculoide, confundible con celulitis, forunculosis o, en este caso, con una infección por virus del herpes, lo cual lleva a un diagnóstico y tratamiento equivocados. Es frecuentemente reportado en los casos de miasis, y se presenta especialmente en brazos, piernas, muslos y cuero cabelludo. Este caso es llamativo por ubicarse en la región genital, ubicación con pocos casos reportados.

Conclusión. Este es primer caso clínico de miasis escrotal descrito en el departamento del Cauca. Se recomienda hacer una buena historia clínica de este tipo de lesiones y tener siempre en mente la miasis como diagnóstico diferencial.

..... ✕

B6 - Reporte de un caso humano de *Rickettsia parkeri* por la cepa Atlantic Rainforest en Turbo, Colombia

Leidy Y. Acevedo-Gutiérrez¹, Margarita Arboleda², Dayro Ospina³, Alejandra M. Ávila⁴, Andrés F. Londoño¹, Francisco J. Díaz⁵, Juan D. Rodas¹

¹ Grupo Centauro, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Apartadó, Colombia

³ Clínica Chinita, Apartadó, Colombia

⁴ Universidad Pontificia Bolivariana, Medellín, Colombia

⁵ Grupo de Inmunovirología. Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

* leidy.acevedo@udea.edu.co

Introducción. Las rickettsiosis causadas por agentes del grupo de las fiebres manchadas son zoonosis desatendidas en Colombia. A pesar de que se han demostrado (serológica y molecularmente) casos letales aislados y brotes relacionados con *Rickettsia rickettsii* en los departamentos de Antioquia, Cundinamarca y Córdoba, se sospecha la circulación de otras rickettsias patógenas aún sin descubrir.

Objetivo. Describir los hallazgos clínicos, serológicos, moleculares y filogenéticos de un caso humano de rickettsiosis causado por una nueva especie del grupo de las fiebres manchadas de las Montañas Rocosas, en el Urabá Antioqueño.

Descripción del caso. Se trata de un agricultor de 47 años, previamente sano y residente en área rural del municipio de Turbo (Antioquia), que consultó por fiebre, escalofríos, desaliento, náuseas e hiporexia, después de una picadura de garrapata en el lado izquierdo de su abdomen. Al examen físico, se encontró una escara de inoculación acompañada de adenomegalias en la región inguinal ipsilateral. Por sospecha de rickettsiosis, se solicitaron pruebas hematológicas y bioquímicas (en fase aguda), y además, pruebas moleculares y serológicas (en fase aguda y convaleciente), y se inició tratamiento con 200 mg diarios de doxiciclina. La única prueba bioquímica levemente elevada fue la creatina-fosfoquinasa. También, por inmunofluorescencia indirecta, se detectó seroconversión para el GFM, utilizando seis especies de *Rickettsia* con títulos entre 128 y 1.024, sin diferencia cuádruple entre los diferentes antígenos. Por PCR de la escara, se lograron amplificar los genes *gltA*, *sca0*, *sca4* y *sca5* para *Rickettsia* spp., los cuales, por *Blast* y análisis filogenético, mostraron similitud con la cepa Atlantic Rainforest de *Rickettsia parkeri*.

Conclusión. Estos hallazgos evidencian la presentación de un nuevo agente causante de rickettsiosis de menor virulencia en Colombia, lo cual amplía el panorama de las enfermedades transmitidas por garrapatas en el país.

Proyecto financiado por el Comité para el Desarrollo de la Investigación (CODI), Universidad de Antioquia, Código 2014-321.

..... ✕

B7 - Anemia ferropénica grave causada por uncinarias: reporte de caso y revisión de la literatura

Julio César Giraldo-Forero^{1,2*}, Laura Andrea Muñoz-Niño³, Karen Viviana Coronado-Castiblanco³

¹ Grupo de Investigación en Parasitología y Microbiología Tropical, Programa de Biología, Universidad INCCA de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

² Facultad de Medicina, Universidad Militar Nueva Granada, Bogotá, D.C., Colombia

³ Semillero de Investigación en Enfermedades Infecciosas, Facultad de Medicina, Universidad Militar Nueva Granada, Bogotá, D.C., Colombia

* jcesargiraldo@gmail.com

Introducción. La uncinariasis, geohelmintiasis cosmopolita por *Ancylostoma duodenale* y *Necator americanus*, infecta más de 1.000 millones de personas.

Objetivo. Presentación de un caso clínico de anemia ferropénica grave y revisión de la literatura científica.

Materiales y métodos. Es un estudio descriptivo, con revisión de la historia clínica y de la literatura.

Resultados. Se trata de un paciente de 19 años de edad, remitido al Hospital Militar Central con exámenes paraclínicos que documentaban una anemia grave. Refirió dolor abdominal de tres semanas de evolución, con emesis y deposiciones líquidas fétidas, con moco y sin sangre, astenia, adinamia y sensación de desvanecimiento. En el examen físico, estaba con palidez generalizada, taquicárdico y con presencia de soplo sistólico de baja intensidad en el foco aórtico. Se diagnosticó anemia grave microcítica, hipocrómica y heterogénea, de probable origen ferropénico. Se practicó una transfusión de glóbulos rojos y se trató con omeprazol, sulfato ferroso y albendazol.

Conclusión. En la población escolar, la prevalencia de uncinariasis en Colombia es del 13 %, la deficiencia de hierro de 4,9 % y la anemia ferropénica de 0,6 %,.

..... ✕

B8 - Reporte de caso de una paciente del pacífico caucano con PET/HAM que mejoró tratando retrovirus y roseolovirus

Julio César Klinger

Facultad de Medicina, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

Antecedentes. La paraparesia espástica tropical asociada al retrovirus HTLV-1 (PET/HAM) es una mielopatía incurable.

Metodos. Se trata de una maestra de Guapi, Cauca, en silla de ruedas desde el 2016 por paraparesia espástica

tropical asociada al retrovirus HTLV-1, diagnosticada por neurología. Consultó el 5 de abril de 2018. La enfermedad se inició en el 2014, con fatiga crónica y ulterior parálisis; al examen físico, se observaron manchas cutáneas oscuras sugestivas de virus del herpes 6 (HHV 6). Se prescribió valaciclovir, lamivudina, abacavir, vitamina D y una inyección de 40 mg de metilprednisolona. Con fotos y videos, se evidenció su mejoría paulatina.

Resultados. En el control del 18 de julio de 2018, se vio la mejoría: cambió la silla de ruedas por un caminador; refirió presentar resequead oral y dolor del ojo izquierdo, y que era difícil conseguir sus medicinas. Las fotos evidenciaron reducción de las manchas cutáneas. El 26 de noviembre de 2018, asistió caminando con bordón, menos espástica, y había mejorado su sintomatología ocular y oral. Se agregó 12.5 mg interdiarios de prednisona, para prevenir reacciones inmunológicas paradójicas. El 2 de julio de 2019 cumplió 14 meses del tratamiento; ella filmó un video mostrando su evolución paulatina desde la silla de ruedas al caminador, a las muletas, al bastón y, finalmente, caminando sola; es autónoma. **Conclusiones.** Este reporte es disruptivo porque rompe el paradigma de la progresión inexorable de la PET/HAM. El HHV 6-7 es neurotrófico y activo en el viroma humano: sus productos “ensucian”, inflaman tejidos y desregulan el sistema inmunitario. Muchas causas reactivan el HHV-6 y, asombrosamente, este reactiva los retrovirus. Creemos que las asociaciones virales, como beta-herpesvirus, ayudan a entender enfermedades complejas como la PET/HAM. Existen nuevas alternativas efectivas, atóxicas y económicas para tratar los beta-herpesvirus. Esta es una de las muchas observaciones clínicas sobre el HHV-6-7 hechas por inmunovirología Unicauca, mejorando enfermedades enigmáticas.

..... ✕

B9 - Esporotricosis linfagítica, reporte de caso

María Fernanda López^{1*}, Andrés Camilo Contreras¹, Luis Reinel Vásquez², Fabiola Eugenia González², Julio César Klinger³, Harold Jofre Bolaños³

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

² Centro de estudios de Microbiología y Parasitología, Departamento de Medicina Interna, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

³ Grupo de Investigación en Inmunología y Enfermedades Infecciosas, Departamento de Patología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

* marilolo@unicauca.edu.co

Introducción. La esporotricosis es una enfermedad micótica subaguda a crónica, que se presenta en el tejido celular subcutáneo, debido al ingreso directo de material contaminado con conidios del hongo del complejo *Sporothrix*, con formación de nódulos cutáneos

o subcutáneos polimorfos de tipo úlceras o lesiones verrugosas. Es una micosis ocupacional muy frecuente en regiones tropicales y subtropicales. Su diagnóstico definitivo se basa en el cultivo para hongos, para lo cual se debe recolectar material de las lesiones por aspirado o biopsia. El objetivo es describir un caso clínico de esporotricosis confirmado por laboratorio.

Métodos. Se trata de un paciente de sexo masculino de 21 años de edad, procedente de la vereda Sachamates (El Bordo, Patía, Cauca), dedicado a la agricultura. Refirió no haber salido de la zona. Consultó por presentar úlceras en el miembro superior izquierdo que se iniciaron tres meses antes como pápulas que evolucionaron a nódulos indoloros, los cuales aumentaron progresivamente de tamaño siguiendo el trayecto linfático. En un primer nivel de atención, se sospechó una leishmaniasis cutánea, pero el diagnóstico parasitológico arrojó resultados negativos para amastigotes

de *Leishmania* spp., por lo que se decidió remitir al paciente al laboratorio de Microbiología y Parasitología de la Facultad Ciencias de la Salud de la Universidad del Cauca, en donde se recolectó una muestra hemopurulenta por aspirado del último nódulo en aparecer y se hizo el cultivo para hongos.

Resultados. En el cultivo para hongos, a los cinco días, se aísla un hongo del complejo *Sporothrix*, causando una esporotricosis linfangítica. Este cuadro clínico puede confundirse clínicamente con otras entidades infecciosas frecuentes en este medio, como la leishmaniasis, entidad muy frecuente en las áreas rurales tropicales.

Conclusión. Se debe conocer la epidemiología de las enfermedades infecciosas en la región y tener apoyo de laboratorio, ya que el diagnóstico definitivo de las micosis se basa fundamentalmente en el aislamiento del agente etiológico.

..... ✕

C - DESARROLLO DE MEDICAMENTOS Y RESISTENCIA

C1 - Efecto inmunomodulador y genotóxico de terpenos de aceites de *Lippia alba* sobre células infectadas por *Trypanosoma cruzi*

Wendy Quintero¹, Sandra Leal^{1,2}, Erika Moreno¹, Sandra Sanabria³, Elena Stashenko⁴, Liliana Torcoroma García¹

¹ Maestría en Investigación en Enfermedades Infecciosas, Universidad de Santander, Bucaramanga, Colombia

² Programa de Bacteriología y Laboratorio Clínico, Universidad de Santander, Bucaramanga, Colombia

³ Fundación Cardiovascular de Colombia, Bucaramanga, Colombia

⁴ Centro Nacional de Investigaciones para la Agroindustrialización de Especies Vegetales Aromáticas y Medicinales Tropicales, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

Introducción. La enfermedad de Chagas es de curso generalmente crónico y silencioso, caracterizada principalmente por cardiomegalia con gran riesgo de muerte, sin que haya una intervención terapéutica eficiente para el control de su progresión. Actualmente, es pertinente la búsqueda de nuevos fármacos, más eficientes y selectivos, que permitan la eliminación del parásito y modulen la reacción inmunitaria del huésped. Así, fármacos extraídos de plantas aromáticas se presentan como candidatos promisorios, al ser antimicrobianos de amplio espectro y actuar como antioxidantes e inmunomoduladores.

Métodos. Se llevó a cabo un estudio experimental *in vitro* para evaluar la efectividad tripanocida e inmunomoduladora de dos terpenos de aceites esenciales de *Lippia alba*. Se trataron macrófagos J774A.1, infectados o no con amastigotes de *Trypanosoma cruzi*, con compuestos individuales o combinados, para determinar la concentración inhibitoria 50 (CI₅₀), la concentración citotóxica 50 (CC₅₀) y la genotoxicidad mediante ensayo cometa. Se determinaron los niveles de citocinas proinflamatorias y antiinflamatorias, y marcadores de estrés oxidativo.

Resultados. Aceites esenciales de *L. alba*, enriquecidos en limoneno y óxido de cariofileno, fueron tripanocidas selectivos significativos contra amastigotes (limoneno, CC₅₀: 458 ± 4,2; CI₅₀, amastigotes: 45 ± 1,7; IS=10,1; p<0,0001; óxido de cariofileno, CC₅₀: 213 ± 1,2; CI₅₀ amastigotes: 80 ± 1,9; IS=2,6; p=0,009). El limoneno fue sinérgico con el benznidazol, incrementando 3,8 veces su acción tripanocida y disminuyendo significativamente el daño genómico generado por el tratamiento individual con el benznidazol, sobre los macrófagos (p<0,0001). La mezcla de limoneno más óxido de cariofileno potenció 8,3 veces la actividad tripanocida del limoneno sobre los amastigotes y disminuyó la relación de las citocinas Th1/

Th2, con reducción de los marcadores de estrés oxidativo. Sobre los macrófagos no infectados, el limoneno más el óxido de cariofileno redujeron 2,5 veces la citotoxicidad del óxido de cariofileno.

Conclusión. La interacción del limoneno con el benznidazol y con el óxido de cariofileno, potencializó la acción tripanocida de los compuestos, con reducción de su citotoxicidad. La mezcla de limoneno y óxido de cariofileno mostró propiedades antioxidantes e inmunomoduladoras en el modelo infeccioso.

..... X

C2 - Grandes cambios en la somía cromosómica, expresión génica y dosis genética que facilitan la resistencia frente al antimonio trivalente en *Leishmania braziliensis* y *Leishmania panamensis*

Luz H. Patiño¹, Hideo Imamura², Lissa Cruz-Saavedra¹, Paula Pavia³, Carlos Muskus⁴, Claudia Méndez⁵, Jean Claude Dujardin^{2,6}, Juan David Ramírez¹

¹ Grupo de Investigaciones Microbiológicas, Programa de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

² Molecular Parasitology Unit, Department of Biomedical Sciences, Institute of Tropical Medicine, Antwerp, Belgium

³ Unidad de Investigación Científica, Subdirección de Docencia e Investigación, Hospital Militar Central, Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁵ Dirección de Sanidad Militar, Ejército Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

⁶ Department of Biomedical Sciences, University of Antwerp, Belgium

Introducción. *Leishmania braziliensis* y *Leishmania panamensis* son los agentes etiológicos más comunes de la leishmaniasis cutánea y mucocutánea en Latinoamérica. Estas especies se caracterizan por su amplio interés clínico y epidemiológico, y por su baja sensibilidad frente al antimonial estibogluconato de sodio. Hasta el momento, la secuenciación de última generación (DNA-seq y RNA-seq) ha permitido establecer la relación entre las especies de *Leishmania* del Viejo Mundo (*L. donovani*, *L. tropica* y *L. infantum*) y los mecanismos asociados con la resistencia a los antimoniales; sin embargo, en las especies de *Leishmania* del Nuevo Mundo (principalmente del sugénero *Viannia*), estos mecanismos aún son desconocidos.

Materiales and métodos. En este estudio, se hace una comparación entre la secuenciación de ADN y la del ARN, para identificar alteraciones genómicas y transcriptómicas en cepas de referencia de *L. braziliensis* (MHOM/BR75/

M2904) y *L. panamensis* (MHOM/COL/81L13), las cuales fueron inducidas experimentalmente a presión frente al antimonio trivalente (Sb^{III}). Al final de la inducción, el ADN y el ARN de las líneas resistentes (Sb^{III} R) y las líneas sin inducción (Sb^{III} S), fueron obtenidos y analizados.

Resultados. Los resultados permitieron identificar, en las líneas resistentes respecto a las líneas sin inducción: (i) diferencias en la somía; (ii) variación en el número de copias en algunos genes relacionados con la resistencia al antimonio, así como deleciones y duplicaciones en cromosomas sin cambio en la somía; (iii) relación directa (*L. braziliensis*) entre la variaciones en el número de copias locales o cromosomas y la expresión génica, y, finalmente, (iv) genes expresados diferencialmente entre ambas líneas, involucrados en la resistencia al antimonio, la virulencia y los procesos biológicos vitales para el parásito.

Conclusiones. Este estudio permite caracterizar los mecanismos genéticos usados por estas especies de *Leishmania* bajo la presión al antimonio, y aclarar por qué estos parásitos son resistentes a los tratamientos farmacológicos de primera línea.

..... ✕

C3 - Alta prevalencia de mutaciones puntuales en los genes *dhfr*, *dhps* y *mdr1* en *Plasmodium vivax* de Colombia

Diego F. Echeverry^{1,2,3}, María F. Yasnot⁴, Liliana Martínez⁵, Alberto Tobón⁶, Zuleima Pava⁷

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

² Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad Icesi, Cali, Colombia

³ Departamento de Microbiología, Universidad del Valle, Cali, Colombia

⁴ Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

⁵ Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica del Chocó Diego Luis Córdoba, Quibdó, Colombia

⁶ Grupo de Malaria, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁷ Global and Tropical Health Division, Menzies School of Health Research, Charles Darwin University, Darwin, Australia

Introducción. La resistencia de *Plasmodium* spp. a los antipalúdicos es un factor que limita el control de la malaria. En Colombia, la presencia de mutaciones asociadas con la resistencia a diferentes antimaláricos en *Plasmodium falciparum* ha sido documentada y caracterizada. Sin embargo, el mismo tipo de información para *Plasmodium vivax* es limitada. Mutaciones no sinónimas en los genes *dhfr*, *dhps* y *mdr1* de *P. vivax* se han asociado con resistencia a sulfadoxina, pirimetamina y cloroquina, respectivamente. En este estudio, se determinó la prevalencia de mutaciones en estos genes en muestras de *P. vivax* de Colombia, recolectadas en diferentes tiempos y lugares como estrategia para estimar el riesgo de falla terapéutica a los antimaláricos.

Metodología. Se recolectaron muestras de sangre de 220 individuos diagnosticados por gota gruesa en Quibdó (Chocó), Tierralta (Córdoba) y Turbo (Antioquia), entre los años 2001 y 2015. El gADN se extrajo usando el QIAmp DNA minikit™ (Qiagen). La plataforma Sequenom Mass Array se utilizó para la genotipificación de seis mutaciones en los codones F57L, S58R y T61M del gen *pvdhfr*, A383G y A553G del *pvdhps* y Y976F del *pvmdr1*.

Resultados. Todas las muestras presentaron alelos silvestres en los codones 61 y 553. Las prevalencias de mutantes fueron de 0 a 3 %, y mayores del 26 %, 76 % y 69% para F57L, S58R, A383G y Y976F, respectivamente. Dichas mutaciones se encontraron en los grupos de muestras recolectadas en 2001, 2003, 2005-6, 2010 y 2012-15, en los diferentes sitios geográficos, sin tendencia a aumentar las frecuencias a lo largo del tiempo.

Conclusión. La evidente fijación de mutaciones en los genes *pvdhfr* y *pvdhps*, sugiere que, en Colombia, la sulfadoxina-pirimetamina ha ejercido selección sobre este parásito y podría incrementar el riesgo de falla terapéutica a este tratamiento en caso de ser usado. La alta frecuencia de mutantes en *pvmdr1* es coherente con el prolongado uso de cloroquina y podría señalar una pérdida de sensibilidad del parásito a este antimalárico.

..... ✕

C4 - Inmunogenicidad en ratones BALB/c y actividad funcional de la proteína recombinante Pvs48/45 de *Plasmodium vivax* formulada en diferentes adyuvantes para uso en humanos

Eduardo Solano¹, Nora Céspedes², Ángela Valencia², Daniela Gutiérrez¹, Jessica Gómez³, Michelle Pardo², Juan Sebastián Ramírez², Sócrates Herrera¹, Myriam Arévalo-Herrera²

¹ Centro de Investigación Científica Cauceseco, Cali, Colombia

² Centro Internacional de Vacunas, Cali, Colombia

³ Asoclinic Ltda., Cali, Colombia

Antecedentes. La malaria es una de las enfermedades infecciosas con mayor carga para los sistemas de salud pública del mundo. En el 2018, se reportaron globalmente más de 200 millones de casos, siendo *Plasmodium vivax* la infección más prevalente en Latinoamérica. La proteína Pvs48/45, presente en las etapas sexuales del parásito, ha demostrado ser antigénica en los individuos expuestos a la malaria en las zonas endémicas.

Método. Una proteína recombinante fue expresada en células de ovario de hámster chino (CHO) y se evaluó su inmunogenicidad en tres formulaciones diferentes usando los adyuvantes: GLA-SE, Montanide ISA-51™ y Alhydrogel™. Cuarenta y cinco (n=45) ratones hembras BALB/c de 4 a 6 semanas (n=10, adyuvante; n=5, control) fueron inmunizados con 20 µg de la proteína CHO-Pvs48/45, en los días 0, 20 y 40. Los títulos de anticuerpos

producidos se evaluaron por ELISA y se determinó su capacidad para bloquear la transmisión del parásito al mosquito mediante estudios de alimentación artificial de mosquitos *Anopheles*.

Resultados. Todos los ratones inmunizados presentaron seroconversión y alcanzaron títulos de anticuerpos de 1:10⁵ a 1:10⁷ que duraron hasta 120 días después de la vacunación. El grupo inmunizado con Montanide ISA-51™ presentó niveles altos y constantes de anticuerpos durante el estudio, mientras que, los grupos de GLA-SE y Alhydrogel™, presentaron un efecto de refuerzo (*boosting*) después de cada inmunización, seguido de un descenso de los anticuerpos en el día 80. En los estudios de alimentación artificial con sueros después de la tercera inmunización, se observó una alta TBA: GLA-SE (60 %) y Montanide ISA-51™ (100 %).

Conclusiones. La inmunización de ratones BALB/c con la proteína CHO-Pvs48/45 formulada en diferentes adyuvantes para uso humano, induce una reacción inmunológica humoral importante con la transmisión del parásito, lo que demuestra su gran potencial como candidato a vacuna bloqueadora de la transmisión de infecciones por *P. vivax*.

..... ✕

C5 - Otras alternativas de tratamiento para leishmaniasis cutánea no complicada, Apartadó, 2019

Margarita Arboleda¹, Paola Ríos¹, Luz Yaned Úsuga¹, Sara M. Robledo²

¹ Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Universidad CES, Medellín, Colombia

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

Introducción. Urabá es una región endémica para la leishmaniasis. El tratamiento estandarizado en Colombia como primera línea de elección para leishmaniasis, es la N-metil-glucamina (Glucantime™) que, administrada por vía intramuscular a dosis de 20 mg/kg durante 20 días, puede generar efectos colaterales, como nefrotoxicidad, hepatotoxicidad, pancreatitis aguda y alteraciones cardíacas, entre otros. La Organización Panamericana de la Salud y las directrices del 2018 sobre leishmaniasis en Colombia recomiendan opciones terapéuticas poco invasivas para algunos casos de leishmaniasis cutánea. El presente trabajo describe 34 casos de leishmaniasis cutánea, tratados con alternativas diferentes al glucantime sistémico.

Materiales y métodos. Se describen 34 casos de leishmaniasis cutánea no complicada (7 mujeres, 27 hombres), con edad promedio de 38,6 años (rango, 2 a 89 años), manejados con alyeyuba (21), alyeyuba más *Artemisia annua* (9) y alyeyuba más glucantime

intralesional (4). La alyeyuba se administró en aerosol y crema tres veces día, por un mínimo de 30 días, y la *A. annua*, tres veces al día durante 30 días. El glucantime intralesional se administró, en promedio, en cuatro sesiones, oscilando entre 2 y 5, con intervalos de 4 a 15 días. Los medicamentos *A. annua* y alyeyuba fueron proporcionados por el PECET mediante un trabajo en forma colaborativa.

Resultados. Se obtuvo una reacción terapéutica satisfactoria en 23 de los 34 casos (67,3 %), 15 de los cuales con alyeyuba, 4 con alyeyuba más *A. annua* y 4 con alyeyuba más glucantime intralesional. Los criterios de curación se alcanzaron en 78,3 días como media, oscilando entre 15 y 138 días. Todos los medicamentos fueron bien tolerados y los pacientes solo manifestaron reacciones adversas leves como eritema, sensación urente después de la aplicación de alyeyuba y dolor en el sitio de la inyección intralesional.

Conclusiones. Se documentan alternativas exitosas de tratamiento con glucantime intralesional, *A. annua* y alyeyuba, para el manejo de la leishmaniasis cutánea no complicada.

..... ✕

C6 - Eficacia protectora de la radiación atenuada de esporozoítos irradiados de *Plasmodium vivax* en voluntarios en Colombia: ensayo clínico controlado

Karen Molina Gómez^{1,8}, M. Arévalo-Herrera^{1,2}, J. M. Vásquez-Jiménez¹, M. López-Pérez¹, A. F. Vallejo¹, A. B. Amado-Garavito¹, N. Céspedes¹, A. Castellanos¹, J. Trejos³, J. Oñate⁴, J. E. Epstein⁵, T. L. Richie⁶, Sócrates Herrera^{1,7}

¹ Malaria Vaccine and Drug Development Center, Cali, Colombia

² Facultad de Salud, Universidad del Valle, Cali, Colombia

³ Asoclinic Inmunología Ltda., Cali, Colombia

⁴ Centro Médico Imbanaco, Cali, Colombia

⁵ Naval Medical Research Center, Malaria Department, Silver Spring, MA, United States of America

⁶ Sanaria Inc., Rockville, MA, United States of America

⁷ Centro Científico para la Investigación Caucaseco, Cali, Colombia

⁸ Departamento de Pediatría, Universidad ICESI, Cali, Colombia

Introducción. Se ha encontrado que la inmunización en humanos con esporozoítos irradiados de *Plasmodium falciparum* genera protección contra la infección. Solamente dos voluntarios han sido inmunizados de manera similar con esporozoítos irradiados de *P. vivax* y ambos generaron protección contra la malaria. Se desarrolló un estudio clínico controlado de fase 2 para evaluar la seguridad y la eficacia protectora de la inmunización con esporozoítos irradiados de *P. falciparum*.

Metodología. Se trata de un estudio clínico, aleatorio y ciego. Se incluyeron pacientes positivos para el antígeno Duffy (Fy+; vulnerables ante *P. vivax*): 14 recibieron picaduras

de mosquitos *Anopheles* irradiados infectados con *P. vivax* y 7 con mosquitos no irradiados y no infectados (grupo control). Un grupo adicional de 7 voluntarios negativos para el antígeno Duffy (resistentes a infección por *P. vivax*) fueron inmunizados con picaduras de mosquitos no irradiados, pero infectados por *P. vivax*. Un total de siete inmunizaciones se realizaron en cada grupo. Ocho semanas después de la última inmunización, se hizo una prueba reto con mosquitos infectados por *P. vivax*.

Resultados. Diecinueve voluntarios completaron las siete inmunizaciones (12 del grupo experimental, 2 del grupo control y 5 del grupo Fy-). Cinco de 12 (42 %) voluntarios del grupo experimental tuvieron protección (con una media de 434 picaduras infectivas), en comparación con ninguno en el grupo control. Ningún voluntario en el grupo Fy- desarrolló infección. Los voluntarios no protegidos desarrollaron síntomas en un lapso de 8 a 13 días después de la prueba reto con un período prepatente de 12,8 días. No hubo eventos adversos serios asociados con las inmunizaciones. El cambio de los niveles específicos de IgG1 anti-PvCS se asoció con protección.

Conclusión. La inmunización con esporozoítos irradiados de mosquitos infectados con *P. vivax* fue segura, inmunogénica e indujo inmunidad estéril en el 42 % de los voluntarios Fy+. Además, los voluntarios del grupo Fy- fueron resistentes a la infección por *P. vivax*.

..... ✕

C7 - Vigilancia de enterobacterias, *Pseudomonas aeruginosa* y *Acinetobacter baumannii* productoras de carbapenemasas aisladas en instituciones de salud de Barranquilla (Colombia), 2012-2017

Fernando Ruiz-Martín Leyes¹, Laura Arzuza-Ortega¹, Marlene Guerra-Sarmiento¹, Ronald Maestre-Serrano²

¹ Secretaría de Salud del Atlántico, Laboratorio de Salud Pública, Barranquilla, Colombia

² Universidad Simón Bolívar, Facultad de Ciencias de la Salud, Barranquilla, Colombia

Introducción. El surgimiento de enterobacterias resistentes a los carbapenémicos, se ha convertido en un problema de salud pública a nivel mundial, debido a que se asocia con altas tasas de mortalidad, aumento en los niveles de resistencia a otros antimicrobianos, elevación del potencial de diseminación e incremento de los costos de la atención en salud.

Objetivo. Realizar vigilancia por el laboratorio de enterobacterias a *Pseudomonas aeruginosa* y *Acinetobacter baumannii* multirresistentes, productoras de carbapenemasas, en pacientes hospitalizados en instituciones de salud del distrito de Barranquilla (Colombia), durante los años 2012 a 2017.

Materiales y métodos. Se llevó a cabo un estudio descriptivo, retrospectivo y transversal, de la caracterización fenotípica y genotípica de la resistencia bacteriana en las infecciones asociadas a la atención en salud, mediada por carbapenemasas en los aislamientos bacterianos enviados por los laboratorios pertenecientes a la red de laboratorios del departamento del Atlántico y confirmadas por el Laboratorio de Salud Pública y el Instituto Nacional de Salud.

Resultados. Durante el periodo de estudio, se recibieron 279 aislamientos, de los cuales la mayor frecuencia correspondió a *P. aeruginosa* (34,77 %), seguido de *Klebsiella pneumoniae* (29,39 %), *A. baumannii* (13,62 %), *Escherichia coli* (9,68 %) y *Enterobacter cloacae* (6,45 %). Se practicó PCR al 35,48 % (99/279) de las cepas estudiadas, de las cuales 76 (76,76 %) cepas fueron confirmadas para alguna de las diferentes betalactamasas. La KPC fue la carbapenemasa más frecuente en las enterobacterias (27,6 %), predominando en *K. pneumoniae* (13,1 %) sola y asociada a otras carbapenemasas. En *P. aeruginosa*, predominó la carbapenemasa VIM (32,8 %) y, en *A. baumannii*, las OXAS (17,1 %). El 23,23 % (23/99) de las cepas PCR negativas se consideraron resistentes por otros mecanismos que no involucran la producción de carbapenemasas. La mayoría de las bacterias productoras de carbapenemasas se aislaron a partir de muestras de orina, sangre y del sistema respiratorio. No se encontró asociación entre las bacterias productoras de carbapenemasas con el sexo y su fuente de aislamiento ($p > 0,05$).

Conclusión. Se encontró una amplia distribución de cepas multirresistentes productoras de carbapenemasas en instituciones de salud del Atlántico, las cuales expresaron los siguientes mecanismos de resistencia: KPC, VIM, NDM, OXAS.

..... ✕

C8 - Perfil de resistencia de *Mycobacterium tuberculosis* a fármacos antituberculosos de primera línea y sus combinaciones en el departamento del Atlántico (Colombia), 2011-2016

Fernando Ruiz-Martín Leyes¹, Laura Arzuza-Ortega¹, Marlene Guerra-Sarmiento¹, Ronald Maestre-Serrano²

¹ Secretaría de Salud del Atlántico, Laboratorio de Salud Pública, Barranquilla, Colombia

² Universidad Simón Bolívar, Facultad de Ciencias de la Salud, Barranquilla, Colombia

Introducción. En Colombia, así como en otros países a nivel mundial, el control de la tuberculosis se ve amenazado por la resistencia a los fármacos antituberculosos y, especialmente, la tuberculosis multirresistente; por lo tanto, es necesario adoptar estrategias para prevenir su diseminación.

Objetivo. Determinar la resistencia global y los perfiles de resistencia de *Mycobacterium tuberculosis* a fármacos antituberculosos de primera línea y combinaciones, en el departamento del Atlántico, durante los años 2011 a 2016.

Materiales y métodos. Se trata de un estudio descriptivo, transversal y retrospectivo. Se evaluaron 2.701 pacientes con tuberculosis con pruebas de sensibilidad mediante el método de proporciones y la prueba molecular Geno Type MTBDR plus™, versión 2. Se valoraron aspectos sociodemográficos y clínicos, y condiciones de riesgo. Se analizaron frecuencias relativas y absolutas, diferencia de proporciones (χ^2) y razón de prevalencias.

Resultados. El 66,5 % de los pacientes eran hombres, el 53 % entre 15 y 44 años de edad. En 47,34 % hubo pérdida en el seguimiento y el 11,62 % fueron resistentes solo a la isoniacida. La resistencia en casos nuevos fue de 7,30 % (IC_{95%} 6,3-8,5) y la multirresistencia fue de 1,1 %; en pacientes previamente tratados, fue de 18,27 % (IC_{95%} 15,6- 22,4) y, la multirresistencia, de 5,7 %. Los factores asociados con la resistencia fueron: presencia de HIV más TB (RP=2,6; p=0,000), otros factores inmunosupresores (RP=3,5; p=0,009), contacto del paciente con tuberculosis multirresistente (RP=16; p=0,000) y casos previamente tratados (RP=2,24; p=0,00).

Conclusión. La multirresistencia en el departamento del Atlántico fue inferior a lo reportado en la literatura científica. Se encontró una alta tasa de pérdida del seguimiento, con importante proporción de monorresistencia a la isoniacida.

Asociados con la resistencia, se encontró coinfección HIV más TB, otros factores inmunosupresores, contacto de tuberculosis multirresistente y tratamiento previo.

..... ✕

C9 - Resistencia de *Staphylococcus coagulasa* positivo aislado de pescados y manipuladores de expendios de plaza pública, Cartagena, Colombia

Piedad Franco-Anaya, María C. Ospino-Lanziano, Ricardo Morales-Castro, Jhovinson Vega-Ipuchima

Grupo de Investigación en Microbiología y Ambiente, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad de San Buenaventura, Cartagena, Colombia

Antecedentes. *Staphylococcus aureus* se ha convertido en Cartagena, para el año 2018, en el segundo agente causal de enfermedades transmitidas por alimentos y, los productos de la pesca, en los alimentos más propensos a la contaminación. La nocividad de los alimentos representa un problema de salud por el riesgo de la propagación de cepas resistentes por medio de ellos.

Objetivo. Establecer el perfil de resistencia antimicrobiana de cepas de *Staphylococcus coagulasa* positiva aisladas de pescados y manipuladores, en expendios del mercado de Bazurto, Cartagena.

Método. Se llevó a cabo un estudio descriptivo con una fase analítica experimental de aislamientos de *Staphylococcus* provenientes de muestras de pescados y manos de personal manipulador, cuya principal función era la preparación y comercialización de pescados, durante la Semana Santa del año 2019. Se aislaron 24 cepas de *Staphylococcus coagulasa* positiva, identificadas todas como *S. aureus*, y se realizó la prueba antimicrobiana por el método de concentración mínima inhibitoria turbidimétrica mediante el sistema MicroScan™.

Resultados. Las 24 cepas aisladas correspondieron a *S. aureus*; de ellas, el 62,5 % expresó betalactamasas para ampicilina y penicilina, el 29,1 % fue resistente a la clindamicina, y el 20,83 % resultó resistente a la eritromicina. El 16,6 % de las cepas fueron resistentes a la oxacilina (SAMR) y también expresaron resistencia a otros antibióticos probados, entre ellos, ampicilina, penicilina, amoxicilina-ácido clavulánico, ampicilina-sulbactam y cefazolina.

Conclusiones. *Staphylococcus aureus* fue la especie identificada en todos los aislamientos bacterianos. El manipulador fue la principal fuente y se caracterizó por un alto porcentaje de aislamientos con multirresistencia, lo que representa un riesgo potencial para la salud del consumidor, por ser este microorganismo el causante de infecciones tratadas con estos fármacos de uso común.

..... ✕

C10 - Identificación de resistencia fenotípica y genotípica de bacterias aisladas a partir de fómites en Quindío, Colombia, junio a julio de 2018

Natali Alfonso-Ortiz¹, Michael Farley Fuentes-Quimbayo¹, Valeria Ángel-Hernández¹, Jesús Fabricio Medina-Manrique², Carlos Andrés Rodríguez¹, Delia Piedad Recalde-Reyes¹

¹ Corporación Universitaria Empresarial Alexander von Humboldt, Armenia, Colombia

² Universidad de Guadalajara, Guadalajara, México

Antecedentes. La resistencia a los antibióticos es un fenómeno por el cual las bacterias son capaces de sobrevivir al tratamiento con antimicrobianos a los que previamente eran sensibles. Es un fenómeno de distribución mundial que se presenta tanto a nivel intrahospitalario como en la comunidad.

Objetivo. Este trabajo tuvo como objetivo identificar la resistencia fenotípica y genotípica de las bacterias aisladas a partir de fómites en Quindío, Colombia.

Metodología. Se hizo un muestreo sobre fómites de uso comunitario, mediante frotis con medio BHI 1X. Posteriormente, se hizo la identificación bacteriana y se estableció la sensibilidad fenotípica mediante Vitek2™. En cada uno de los aislamientos, se practicó una PCR de las colonias para determinar la presencia de genes de

betalactamasas, como *blaSHV* (930 pb), *blaOXA* (810 pb) y *blaTEM* (936 pb). Los productos de PCR fueron corridos en gel de agarosa al 1 % 80 V por 45 minutos y teñidos con bromuro de etidio al 10 %, en solución tampón TBE 1X.

Resultados. Se identificaron: *Acitenobacter baumannii*, *Klebsiella pneumoniae* ssp. *Streptococcus pneumoniae*, *Staphylococcus pseudintermedius*, *S. lentus*, *Enterococcus faecium*, *E. faecalis*, *Pseudomonas putida*, *P. stutzeri* y *P. aeruginosa*.

Se observó resistencia a gentamicina, piperacilina-tazobactam, ceftriaxona, quinupristina y dalfopristina, eritromicina, minociclina, tetraciclina, ceftazidima, tigeciclina, colistina, oxacilina, teicoplanina, vancomicina, nitrofurantoína, clindamicina y trimetoprim-sulfametoxazol.

De los genes de betalactamasas evaluados, se observó que el de mayor prevalencia fue *blaSHV*, presente en 50 % de los aislamientos. Las combinaciones observadas fueron las siguientes: *blaSHV* + *blaOXA-3* + *blaTEM*, *blaSHV* + *blaOXA-3*, *blaSHV*, *blaSHV* + *blaTEM* y *blaOXA-3* + *blaTEM*, correspondientes a 31,25 %, 31,25 %, 25 %, 6,25 % y 6,25 % de los aislamientos, respectivamente.

Conclusión. Es importante destacar que se logró detectar genes codificadores de betalactamasas en el 50 % de los aislamientos, además de resistencia fenotípica a antibióticos de uso intrahospitalario (vancomicina, piperacilina-tazobactam). La vigilancia de estos microorganismos requiere especial atención a nivel ambiental y de salud pública.

..... ✕

C11 - Mediación de la reacción del huésped en la supervivencia y la sensibilidad de *Leishmania (V.) panamensis* ante el antimonio y la miltefosina

Diana María Girón-Cerón¹, Olga Lucía Fernández^{1,2}, Nancy Gore-Saravia^{1,2}

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Universidad Icesi, Cali, Colombia

² Universidad Icesi, Cali, Colombia

Introducción. La actividad microbicida de los antibióticos contra patógenos intracelulares está influenciada por el tipo de célula huésped. La sensibilidad de *Leishmania* spp. a los fármacos es evaluada convencionalmente en líneas celulares de macrófagos o macrófagos primarios de ratón; se desconoce su actividad y potencia microbicida en otras células o modelos de infección representativos de la infección en el paciente.

Objetivo. El propósito de estudio fue conocer la contribución de células humanas primarias a la sensibilidad de *Leishmania (V.) panamensis* ante los dos fármacos de mayor uso en Colombia y la potencia de estos en diferentes modelos de infección.

Métodos. La sensibilidad de *L. (V.) panamensis* al antimonio y la miltefosina fue evaluada en macrófagos primarios y células mononucleares de sangre periférica obtenidas de donantes sanos, y en macrófagos de la línea celular U937. Las células fueron infectadas con promastigotes de líneas seleccionadas experimentalmente para resistencia a los dos fármacos y transfectadas con el gen para luciferasa. La supervivencia de los parásitos fue evaluada mediante luminometría.

Resultados. La actividad microbicida del antimonio y la miltefosina para la línea sensible, fue significativamente mayor ($p < 0,005$) en macrófagos primarios y células mononucleares de sangre periférica, en comparación con el modelo convencional de macrófagos U937. Notablemente, la supervivencia del parásito en macrófagos primarios y células mononucleares de sangre periférica después de 48 o 72 horas de cultivo sin fármacos, mostró una mayor disminución ($p < 0,005$), comparada con la del parásito en macrófagos U937, tanto para la línea sensible como para las líneas resistentes.

Conclusión. La actividad microbicida en la infección con *L. (V.) panamensis* es mayor en células primarias, lo cual sugiere la participación de la célula huésped en la reducción de la carga parasitaria, en ausencia y en presencia de los fármacos anti-leishmania. Estos hallazgos y los modelos celulares primarios son relevantes en el entendimiento de la relación entre la sensibilidad del parásito a estos fármacos y la reacción terapéutica.

..... ✕

C12 - Eficacia terapéutica del régimen estándar de cloroquina más primaquina para malaria por *Plasmodium vivax* en Quibdó, Colombia, 2018-2019

V. Sierra, A. Ríos, E. Garzón, A. Holguín-Rocha, A. Tobón-Castaño, T. Lopera-Mesa, L. Zuluaga-Idarraza*

Grupo de Malaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

* lina.zuluaga@udea.edu.co

Introducción. *Plasmodium vivax* causa el 50 % de los casos de malaria en Colombia. El tratamiento actual es cloroquina más primaquina. En estudios previos se reportó 97,1 % de reacción clínica y parasitológica adecuada, al día 28 de seguimiento.

Métodos. Se llevó a cabo un estudio observacional y longitudinal en Quibdó (Colombia) para evaluar la eficacia y la seguridad del tratamiento de cloroquina más primaquina para la malaria por *P. vivax*. Se incluyeron participantes con mono infección por *P. vivax* diagnosticados por microscopía y confirmados por PCR. Se recolectaron los datos sociodemográficos, epidemiológicos y clínicos.

Los participantes recibieron tratamiento supervisado con 25 mg/kg de cloroquina durante tres días más 0,25 mg/kg/día de primaquina durante 14 días iniciando el día cero; y fueron seguidos durante 28 días de acuerdo con la guía de la Organización Mundial de la Salud. Los participantes con peso superior a 60 kg recibieron la dosis máxima de cloroquina (1,5 g) y primaquina (210 mg). Se midió la hemoglobina al ingreso, y en los días 3 y 28.

Resultados. Se incluyeron 207 individuos con infección por *P. vivax* entre febrero de 2018 y junio de 2019, de los cuales, 95 cumplieron con los criterios de inclusión. No se presentaron eventos adversos importantes. Se logró evaluar la reacción terapéutica en 71,6 % (68/95) de los participantes. Se presentaron cuatro (5,9 %; 4/68) posibles casos de falla terapéutica en el día 28, todos con PCR positiva para género y negativos por microscopía. Solo en un caso se logró identificar *P. vivax*. La anemia se redujo en 50 % en el día 28, con respecto al día de ingreso.

Conclusión. El tratamiento con cloroquina más primaquina sigue siendo efectivo y seguro para las infecciones por *P. vivax* en Quibdó. Sin embargo, la baja frecuencia de fallas terapéuticas sugiere la necesidad de continuar vigilando la eficacia y complementar con otras herramientas para confirmar la resistencia de *P. vivax* a cloroquina.

..... ✕

..... ✕

C13 - Utilidad de Cromaleish, un tratamiento tópico a base de una hidrazida de cromano y sapogeninas de *Sapindus saponaria* para el manejo de la leishmaniasis cutánea no complicada

Sara M. Robledo¹, Sandra Piragauta¹, Fernando Echeverri², Rosendo Archbold², Gustavo Escobar², Yulieth Upegui¹, Javier Murillo¹, Iván D. Vélez¹, Wiston Quiñones²

¹ PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Química Orgánica de Productos Naturales, Instituto de Química, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La leishmaniasis es una enfermedad desatendida porque no es del interés de la industria de farmacéutica, su desinterés en el excesivo costo y en el alto riesgo de invertir en enfermedades de bajos réditos económicos. Por ello, el desarrollo de estos medicamentos recae en la academia y en entidades no gubernamentales.

Métodos. Una mezcla de la hidrazida de cromano, hidracida de ácido benzoico 2-(2,3-dihidro-4H-1-benzopiran-4-ylidene), y una sapogenina triterpénica aislada de *Sapindus saponaria*, denominada Cromaleish, se formuló en ungüento.

Se evaluó la actividad citotóxica y anti-leishmania de los compuestos por separado y en combinación, en células humanas de diferentes orígenes y en amastigotes

de *Leishmania braziliensis*. Por su parte, la reacción terapéutica se evaluó en hámsteres con leishmaniasis cutánea experimental causada por *L. braziliensis*. Se hizo una evaluación preliminar del potencial terapéutico de la formulación, en perros con leishmaniasis cutánea.

Resultados. Tanto los componentes por separado como su combinación, mostraron actividad *in vitro* contra los amastigotes de *L. braziliensis* y no fueron citotóxicos en macrófagos, células epiteliales y hepatocitos. Los ocho hámsteres infectados y tratados con el ungüento Cromaleish, administrado una vez al día durante 28 días, mostraron curación completa al final del estudio, tres meses después de terminado el tratamiento. Asimismo, todos los perros tratados con el ungüento tres veces al día durante 28 días, mostraron una cura completa 45 días después del final del tratamiento, sin reacciones adversas.

Conclusiones. Cromaleish se vislumbra como una opción efectiva, de gran aceptación y económica, para tratar la leishmaniasis cutánea no complicada. Los resultados obtenidos sustentan la realización de estudios clínicos controlados que permitan validar la utilidad de este medicamento y, con ello, disponer de una alternativa para el tratamiento de la leishmaniasis cutánea no complicada.

C14 - Antigenicidad y mapeo de epítomos funcionales de anticuerpos específicos contra la proteína Pvs48/45 de *Plasmodium vivax* en individuos previamente expuestos a la malaria en una zona endémica

Eduardo Solano¹, Nora Céspedes², Ángela Valencia², Daniela Gutiérrez¹, Jessica Gómez³, Michelle Pardo², Juan Sebastián Ramírez², Sócrates Herrera¹, Myriam Arévalo-Herrera²

¹ Centro de Investigación Científica Cauceseco, Cali, Colombia

² Centro Internacional de Vacunas, Cali, Colombia

³ Asoclinic Ltda., Cali, Colombia

Antecedentes. Debido a la complejidad del ciclo de vida de *Plasmodium* spp., la creación de una vacuna eficaz contra la malaria enfrenta grandes obstáculos. No obstante, existen, por lo menos, tres puntos del ciclo que se consideran estratégicos para el ataque al parásito, uno de ellos es el paso del humano al vector. Recientemente, clonamos y expresamos la Pvs48/45, tanto en un modelo procarionta (*Escherichia coli*) como en un modelo mamífero (células CHO), una proteína altamente conservada en el genoma del género *Plasmodium* y, presente en gametocitos de *P. vivax*. Los anticuerpos anti-Pvs48/45 inducidos natural y experimentalmente, bloquean la fertilización del parásito en el mosquito y bloquean la transmisión de la malaria.

Método. En este estudio, se expresaron, además, cinco subfragmentos de la Pvs48/45 con el objetivo de identificar

las regiones funcionales de la proteína. Usando la técnica ELISA, se evaluó la antigenicidad de la Pvs48/45 completa en 1.100 sueros de individuos de zonas endémicas, y se usó un *pool* de sueros con altos índices de reactividad (IR>5) para determinar la antigenicidad de los subfragmentos de la Pvs48/45.

Resultados. Los subfragmentos correspondientes a la región del terminal carboxilo (C- terminal) y el correspondiente a la región central y la C-terminal (Central+C), presentaron la mayor serorreactividad. Posteriormente, por medio de estudios de competencia con ELISA, se logró identificar epítomos B dominantes en dichos subfragmentos.

Conclusiones. La alta prevalencia de anticuerpos naturalmente inducidos a la proteína Pvs48/45 y sus subfragmentos, sumada al posible papel funcional de epítomos presentes en la región carboxílica de la proteína, indican el gran potencial de la Pvs48/45 como antígeno candidato para el desarrollo de vacunas contra la malaria.

..... X

C15 - Determinación de la actividad tripanosomicida *in vitro* de péptidos de defensa de escarabajos coprófagos del paisaje cafetero

Yuly Andrea Ramírez-Tabares¹, Lily Johana Toro-Segovia¹, Diana Carolina Henao¹, Germán Alberto Téllez-Ramírez², Jhon Carlos Castaño-Osorio²

¹ Facultad de Ciencias Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

² Grupo de Inmunología Molecular, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

Introducción. Las tripanosomiasis humanas son producidas por protozoarios flagelados de la familia Trypanosomatidae y transmitidas por artrópodos hematófagos. En Latinoamérica, se presenta la enfermedad de Chagas, la cual es una enfermedad potencialmente mortal causada por el parásito protozoo *Trypanosoma cruzi*, transmitida por insectos de la familia Reduviidae.

Según las estimaciones de la Organización Mundial de la Salud, se calcula que hay entre 6 y 7 millones de personas infectadas por *T. cruzi*. Esta se considera una de las enfermedades desatendidas y su tratamiento se ha constituido en un problema, dado que los medicamentos actualmente disponibles son muy tóxicos para los pacientes, por lo que se hace necesaria la búsqueda de nuevas fuentes de tratamiento, por lo que nos propusimos determinar la actividad tripanosomicida *in vitro* de los péptidos de defensa de escarabajos coprófagos del paisaje cafetero.

Metodología. A partir del análisis bioinformático del transcriptoma de los escarabajos coprófagos *Oxysternon*

conspicilatum, *Onthophagus curvicornis* y *Dichotomius satanas*, se obtuvo una serie de secuencias de los péptidos de defensa del huésped, los cuales se sintetizaron químicamente.

Su actividad biológica se va a evaluar *in vitro* frente a tripomastigotes de *T. cruzi*, utilizando diferentes concentraciones de dichos péptidos de defensa del huésped para determinar su CIM, mediante estudios en microplacas de cultivo celular de 96 pozos con el resazurin como indicador metabólico. Las placas se leerán en un espectrofotómetro (*Epoch*TM) y se determinarán los índices de inhibición de crecimiento de cada uno de los péptidos de defensa del huésped evaluado.

Resultados. Se espera obtener, al menos, un péptido con actividad biológica contra tripomastigotes de *T. cruzi*, para aportar un candidato terapéutico para esta enfermedad desatendida.

Conclusión. Se cuenta con una serie de péptidos de defensa de huésped, obtenidos a partir de los transcriptomas de tres escarabajos coprófagos de la zona cafetera, para evaluarlos frente a tripomastigotes de *T. cruzi*.

..... X

C16 - Evaluación de la sensibilidad a la anfotericina B de cepas de *Leishmania (V.) braziliensis* expuestas previamente a miltefosina

Marcela Castaño¹, Clemencia Ovalle-Bracho², María Clara Echeverry^{3*}

¹ Maestría de Infecciones y Salud en el Trópico, Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

² Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta, Bogotá, D.C., Colombia

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

* mcecheverryg@unal.edu.co

Introducción. En Colombia, la leishmaniasis cutánea producida por *L. (V.) braziliensis* es de gran relevancia. Entre los fármacos usados para tratar la leishmaniasis, están la anfotericina B y la miltefosina. La última no es efectiva contra *L. braziliensis* y, debido a que en el momento del diagnóstico no se hace identificación de la especie, existe la posibilidad de que algunos casos de leishmaniasis cutánea por *L. braziliensis* sean tratado con este fármaco. Los dos medicamentos interfieren con la composición de lípidos en la membrana y, en la India, existe evidencia de resistencia cruzada entre ellos, tanto en aislamientos resistentes inducidos *in vitro* como en aislamientos clínicos.

Metodos. Se trata de un estudio experimental exploratorio. Incluye la inducción de resistencia *in vitro* en promastigotes de la cepa de referencia MHOM/BR/75/M2903 a

miltefosina y la determinación de la concentración efectiva media (EC_{50}) a la anfotericina B por medio de un estudio con resazurina. Se determinó la EC_{50} de la miltefosina y la anfotericina B en aislamientos clínicos de *L. (V.) braziliensis* expuestos *in vivo* a miltefosina. El crecimiento se evaluó *in vitro*.

Resultados. La EC_{50} para la anfotericina B y el crecimiento de los aislamientos clínicos, se compararon con los de una cepa de referencia no expuesta a la miltefosina. De los cuatro aislamientos evaluados, se observó uno que es, aproximadamente, 2,2 veces menos sensible a la anfotericina B que el aislamiento de referencia y que tiene una duplicación poblacional cada 12,34 horas Vs. cada 8,3 horas en la cepa de referencia.

Conclusiones. Aunque el número del presente estudio es reducido, la baja sensibilidad a la anfotericina B hallada en uno de los aislamientos clínicos previamente expuesto a la miltefosina que, a su vez, presenta una reducción en su crecimiento con respecto a un control, sugiere que se debe ampliar el tamaño de la muestra con aislamientos clínicos para evaluar la circulación de cepas con 'resistencia' cruzada entre estos dos fármacos.

Agradecimientos: a la Universidad Nacional de Colombia; al Laboratorio de Parasitología de la Facultad de Medicina de la Universidad Nacional de Colombia; al Hospital Universitario Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta y a Colciencias por la financiación del proyecto 212074455505

.....X.....

D - ENFERMEDADES TROPICALES Y VECTORES

D2 - Presencia de *Aedes aegypti* (L.) (Diptera: Culicidae) e infección natural por virus del dengue y casos probables de esta enfermedad en municipios por encima de 1.800 msnm, Cundinamarca, Colombia

Víctor Alberto Olano¹, Juan Sebastián Mantilla¹, Alexandra Porras², Carolina Coronel-Ruiz³, Juan Felipe Jaramillo¹, Laura Cabezas¹, María Angélica Calderón-Peláez³, Myriam L. Velandia-Romero³

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

² Grupo de Medicina Comunitaria, Maestría en Epidemiología, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C., Colombia

³ Grupo de Virología, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. En Colombia, la transmisión del virus del dengue (DENV) se presenta principalmente en municipios por debajo de los 1.800 msnm; sin embargo, en algunas zonas del país se ha encontrado el vector *Aedes aegypti* (Linnaeus, 1762) a mayores alturas.

El objetivo del estudio fue evaluar la presencia de *A. aegypti*, su infección natural con DENV y su relación con casos probables de esta enfermedad, en altitudes por encima de 1.800 msnm en áreas urbanas de ocho municipios de Cundinamarca, Colombia.

Metodología. Se evaluaron los municipios de Ubaque (1.850 msnm), Pacho (1.900 msnm), Choachí (1.960 msnm), Machetá (2.100 msnm), Fosca (2.100 msnm), Pasca (2.200 msnm), Junín (2.300 msnm) y Chipaque (2.400 msnm), durante los meses de julio a septiembre de 2017. Se buscó el vector en las casas seleccionadas aleatoriamente. Las formas adultas recolectadas se procesaron para determinar la presencia de ARN del DENV. Se revisaron las historias clínicas en los centros de salud, en busca de probables casos de dengue.

Resultados. *Aedes aegypti* se encontró en tres municipios: Choachí, con un índice de infestación de viviendas (IV) de 1,6 %, índice de Breteau (IB) de 1,6 y densidad de hembras (DH) de 0,16; Pacho, con un IV de 6,9 %, IB de 8,6 y DH de 0,32; y Ubaque, con un IV de 22,2 %, IB de 33,3 y DH de 0,16. Se detectó DENV-2 en hembras recolectadas en Choachí y Ubaque. El mayor registro altitudinal para la presencia del vector fue de 1.950 msnm en Choachí. Se registraron seis casos probables de dengue en Pacho y cinco en Choachí.

Conclusiones. Se registró la presencia del *A. aegypti* y su infección natural con virus DENV-2 por encima de los 1.800 msnm en Cundinamarca. Estos resultados resaltan

los cambios de la bionomía del vector en el departamento, lo cual implicaría aumentar el rango altitudinal para la vigilancia del vector y la transmisión del DENV y otros arbovirus, y evaluar su capacidad vectorial en estas zonas.

..... X

D3 - Distribución de la malaria en Colombia, 2010-2012 y 2016-2018

Pablo Enrique Chaparro-Narváez

Observatorio Nacional de Salud, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia
pechaparro@yahoo.es

Introducción. La malaria en Colombia sigue siendo un grave problema de salud pública. En el mundo entre 2010 y 2017, no se observaron avances significativos en la reducción de los casos de malaria. A pesar de este panorama, el país afrontó el reto de la eliminación, por lo que es necesario describir los cambios en la distribución de la malaria en Colombia, entre 2010-2012 y 2016-2018.

Metodología. Se realizó un estudio ecológico con la información de casos confirmados de malaria reportados al sistema de vigilancia epidemiológica y de muertes registradas por el Departamento Administrativo Nacional de Estadística, para los periodos 2010-2012 y 2016-2018. Se estimaron: número absoluto de casos y muertes, índice parasitario trianual (IPT), razones y diferencias del IPT, tasas crudas de mortalidad, curvas de Lorenz y coeficientes de Gini.

Resultados. De 2010-2012 a 2016-2018 se redujo el índice parasitario trianual (7,7 casos por 1.000 habitantes Vs. 6,5 casos), la mortalidad (0,33 muertes por 100.000 habitantes Vs. 0,28 muertes), el coeficiente de Gini (57,4 % Vs. 56,7 %), el aumento del porcentaje de municipios que quedaron libres de malaria (26,8 % Vs. 37,8 %) y la alta concentración de malaria, al comparar los municipios del cuarto cuartil (más alto número de casos) con los del segundo cuartil (RR de 346,9 Vs. 711,8). El 10 % de los municipios con el índice parasitario trianual más alto, acumularon el 78,9 % de todos los casos de malaria en 2010-2012 Vs. el 80,2 % en 2016-2018.

Conclusiones. Se evidenció una disminución general en la transmisión de la malaria en Colombia, entre los periodos considerados. La disparidad de los resultados indica que, en el camino hacia la eliminación, se deben considerar diversas intervenciones que variarán en tiempo y lugar.

D4 - Detección y cuantificación de neuraminidasa liberada por epimastigotes de cultivo de las subpoblaciones A, B, C y D de *Trypanosoma rangeli*

Carlos Mario Ospina¹, Julio César Carranza¹, Olimpo José García², Gustavo Adolfo Vallejo¹

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

²Grupo de Investigación QBOSMO, Universidad de Ibagué, Ibagué, Colombia

Antecedentes. La neuraminidasa o sialidasa es una enzima hidrolítica presente en microorganismos, desde virus a eucariotas, la cual cataliza la eliminación del ácido siálico de los glucoconjugados. Participa en los procesos infecciosos de algunos tripanosomátidos. Sin embargo, la mayoría de las propiedades biológicas de la sialidasa de *Trypanosoma rangeli* aún no se han dilucidado. Tal información podría ayudar a la comprensión de los efectos de dicha sialidasa en el intestino del vector, por lo cual se hace necesario determinar y caracterizar la neuraminidasa liberada por epimastigotes de cultivo de cuatro genotipos de *T. rangeli* (A-D).

Metodología. Se utilizó una cepa por cada genotipo de *T. rangeli*: A (Medina), B (Tra12-saimiri), C (Rcol089) y D (Tra23/SC-58). Estas se masificaron durante 15 días con medio bifásico BACTOBEEF-LIT. Posteriormente, se hicieron recuentos celulares en cámara de Neubauer y se cuantificó la neuraminidasa liberada a partir de la producción de 4-metilumbeliferona, generada por la neuraminidasa al actuar sobre el ácido 2'(4-metilumbeliferil- α -D-neuraminico), mediante un fluorímetro Cary eclipse-Agilent.

Resultados. Se encontró que el genotipo A presentó los valores más altos de fluorescencia (673,90 unidades de fluorescencia, UF), seguido del genotipo C (475,49 UF), el genotipo B (434,96 UF) y, finalmente, el genotipo D (197,33 UF). Estos resultados se correlacionaron con estudios previos realizados en el Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical, en los cuales el genotipo A demostró tener una gran capacidad patógena contra *R. prolixus* y, el genotipo C, no tener ninguna.

Conclusiones. El genotipo A presentó mayor fluorescencia que los C, B y D. Esto sugiere que, a mayor producción de neuraminidasa, es mayor la capacidad patógena contra el vector. Se está adelantando la cuantificación de la neuraminidasa de 15 cepas más de *T. rangeli*, correspondientes a los genotipos A y C.

..... ✕

D5 - Primer hallazgo de *Leishmania infantum* en bovinos de Colombia

Matilde Rivero-Rodríguez^{1,2}, Sindy Ordóñez³, Alveiro Pérez-Doria¹, Eduar Elías Bejarano¹

¹ Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre

² SUE Caribe, Universidad de Cartagena

³ Maestría en Microbiología Tropical, Universidad de Córdoba

Introducción. la búsqueda de vertebrados involucrados en el ciclo de transmisión de *Leishmania* spp. es importante para comprender la epidemiología de la parasitosis. Considerando que los bovinos son una de las principales fuentes de ingestión sanguínea para los flebotómicos en focos de leishmaniasis del Caribe colombiano, nos propusimos se decidió detectar la infección natural con *Leishmania* spp. y la seroprevalencia de la parasitosis en bovinos del municipio de Ovejas, Colombia.

Métodos. Se recolectaron muestras de sangre de 195 bovinos, 153 provenientes de predios del área periurbana y 42 provenientes de predios rurales. Para estimar la seroprevalencia, se practicó la prueba de inmunofluorescencia indirecta (IFI), para detectar los parásitos, se amplificó un segmento de 300-350 pb de la región ITS y, para genotipificarlos, se secuenció una región de 1.088 pb de la región ITS1-5.8s-ITS2.

Resultados. La seroprevalencia global de leishmaniasis fue de 17,4 % (n:34/195); en el área periurbana, fue de 15 % (n:23/153) y, en la zona rural, de 16,7 % (n:7/42). La frecuencia de infección con tripanosomátidos, estimada mediante la PCR-ITS1, fue de 2,0 % (n:4/195). Además, en dos de las cuatro muestras positivas, se amplificó la región ITS1-5.8s-ITS2, cuya secuenciación arrojó que una pertenecía a *Le. infantum* y la otra a *Trypanosoma theileri*, lo que corresponde a una frecuencia de infección de 0,51 % (n:1/195) para cada uno de estos parásitos en los bovinos.

Conclusión. la prevalencia de anticuerpos anti-*Leishmania* spp. en bovinos de la zona periurbana y rural del municipio de Ovejas, demuestra el contacto de estos animales con parásitos del género *Leishmania*. La detección molecular de *Le. infantum* constituye el primer informe de infección por este parásito en bovinos de Colombia y uno de los pocos reportes existentes a nivel global.

..... ✕

D6 - Identificación molecular de *Leishmania (Viannia) braziliensis* en muestras clínicas de la región Caribe colombiana

Suljei Cochero-Bustamante^{1,2}, Matilde Rivero-Rodríguez^{1,2}, Luis Paternina-Tuirán², Óscar Pérez-Vargas², Wilmer Mejía-Chimá², Eduar Elías Bejarano²

¹ Universidad de Cartagena, SUE-Caribe, Cartagena, Colombia

² Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. El éxito del abordaje terapéutico de la leishmaniasis depende, en gran parte, de la especie del parásito causante de la enfermedad, aunque la identificación de especie no es un requisito para instaurar el tratamiento en Colombia. Entre las especies asociadas a fallas terapéuticas, se destaca *Leishmania braziliensis*. El objetivo de este estudio fue identificar molecularmente la especie del parásito en aislamientos clínicos de pacientes con leishmaniasis cutánea (LC) en la región Caribe colombiana.

Métodos. Se realizó un estudio de tipo descriptivo, la población estuvo representada por personas con lesiones ulceradas en la piel, compatibles con LC, que incluyó personas con lesiones ulceradas en la piel consideradas leishmaniasis cutánea, que acudieron a centros de salud de los departamentos de Sucre y Bolívar. Previo consentimiento informado, se tomaron muestras por raspado de las lesiones en 21 pacientes, uno de los cuales había presentado falla terapéutica. Además, se tomó una biopsia por aspiración con aguja fina (BACAF) para el aislamiento del patógeno. La especie del parásito se identificó usando el gen ribosómico *18S*, la región subtelomérica y el gen *HSP70*, como marcadores moleculares.

Resultados. Se aislaron siete cepas de *Leishmania* a partir de la biopsia BACAF (7/18). Se amplificó un fragmento del gen ribosómico *18S* en cinco muestras. Ocho muestras fueron positivas por el *Hsp70*, cinco de estas correspondieron a aislamientos y mostraron un fragmento único, mientras que las tres muestras restantes fueron tomadas mediante raspado y presentaron múltiples amplicones (8/21). La repetición subtelomérica fue amplificada en 17 muestras clínicas (17/21). Con la caracterización molecular, se identificó *L. braziliensis* como la especie infectiva en estos pacientes, incluido el que había recibido un esquema de tratamiento previo.

Conclusión. *Leishmania braziliensis* es el agente causal de los casos de leishmaniasis cutánea analizados en el área de estudio, lo que debería ser tenido en cuenta al seleccionar el esquema terapéutico en pacientes de esta región.

..... ✕

D7 - Resistencia a permetrina en poblaciones colombianas de *Aedes aegypti* es asociada a la mutación f1558c en el gen del canal de sodio
Resistencia a permetrina asociada con la mutación f1558c en el gen del canal de sodio, en poblaciones colombianas de *Aedes aegypti*

Yurany Granada, Ana Mejía-Jaramillo, Omar Triana-Chávez
 Grupo de Biología y Control de Enfermedades Infecciosas, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. El uso de insecticidas como los piretroides, es una de las principales medidas de control para prevenir

e interrumpir la transmisión de arbovirus por *Aedes aegypti*. Sin embargo, el uso constante y masivo de estos químicos han conllevado a conlleva la expresión de resistencia en las poblaciones de estos mosquitos. En el presente estudio, se evalúa la sensibilidad a la permetrina en poblaciones de *Ae. aegypti* de diferentes ciudades de Colombia y se genotifican tres mutaciones previamente reportadas en el gen del canal de sodio, con el fin de correlacionar estas mutaciones con el perfil de resistencia a este insecticida.

Materiales y métodos. El perfil de resistencia al piretroide permetrina fue determinado en diez poblaciones de *Ae. aegypti* de diferentes ciudades de Colombia. Para genotificar las mutaciones V419L, V1016I y F1558C, las cuales se han asociado a la ganancia de resistencia en poblaciones de *Ae. aegypti*, se implementó una PCR alelo específica. Las frecuencias alélicas y genotípicas de estas mutaciones se compararon en cada una de las poblaciones.

Resultados. Las poblaciones colombianas de *Ae. aegypti* evaluadas presentaron un perfil de resistencia al insecticida piretroide permetrina, con grados de resistencia desde 12,62 en la población de Puerto Bogotá hasta 152,97 en la población de Cúcuta. La frecuencia del alelo mutado 1558C en estas poblaciones fue superior a 0,78, siendo de 1 en la población de Cúcuta, la cual fue la más resistente. Las otras dos mutaciones, 419L y 1016I, presentaron frecuencias de 0,05 hasta 0,68, y de 0,04 hasta 0,68, respectivamente

Conclusiones. En este trabajo se encontró que las poblaciones de mosquitos *Ae. aegypti* evaluadas fueron resistentes al insecticida permetrina, y que uno de los mecanismos que pueden estar jugando un rol importante en el fenotipo de resistencia es la presencia de la mutación 1558C. Estos resultados son alarmantes y se recomienda el uso racional y alternado de este insecticida.

..... ✕

D8 - Primer registro del parásito *Leishmania infantum* en poblaciones urbanas del ratón *Mus musculus* en Colombia

Alveiro Pérez-Doria, Matilde Rivero-Rodríguez, Jorge Rodríguez-Jiménez, Lilibeth Canchila, María José Conteras, Karol Rueda-Concha, Eduar Elías Bejarano
 Grupo Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia.

Introducción. En el Caribe colombiano, se registran casos autóctonos urbanos de leishmaniasis y se ha incriminado a *Lutzomyia evansi* como vector; sin embargo, se desconoce el papel que desempeñan los roedores en el ciclo epidemiológico de la enfermedad. Por lo tanto, se hizo una tamización serológica y molecular para

estimar la seroprevalencia y la frecuencia de infección por *Leishmania* spp. en roedores sinantrópicos.

Materiales y métodos. Los roedores fueron capturados entre marzo y julio de 2014, usando 48 trampas de encierro de tipo Sherman, ubicadas en 36 barrios del municipio de Ovejas. A partir de cada roedor, se extrajo una muestra de sangre por punción cardiaca, de la cual se obtuvo el suero para la búsqueda de anticuerpos IgG anti-*Leishmania* spp. por inmunofluorescencia indirecta y, sangre total, para detectar e identificar el parásito por secuenciación del gen mitocondrial *citocromo b*.

Resultados. Con un esfuerzo de muestreo de 1.152/trampas/noche, se capturaron 401 roedores. *Mus musculus* fue la especie dominante, con el 94 % (n=378), seguida por *Rattus rattus*, con el 6 % (n=23). La prevalencia de anticuerpos frente a *Leishmania* spp. fue de 16,46 %. En relación con la edad y el estado reproductivo de los roedores, la seroprevalencia fue de 24,70 % en animales adultos ($X^2=13,85$; $p<0,001$) y de 19,16 % en los activos reproductivamente ($X^2=1,61$; $p<0,001$). En *M. musculus*, la seroprevalencia estuvo asociada con viviendas que presentaron grietas y cuevas ($X^2=4,035$; $p<0,0440$). Los análisis filogenéticos indicaron la presencia de *Leishmania infantum* en el 1 % (n=4/401) de los roedores.

Conclusiones. Los roedores podrían actuar como potenciales reservorios de *Leishmania* en la zona urbana del municipio de Ovejas. El hallazgo de *L. infantum* en *M. musculus* constituye el primer registro en Colombia.

..... ✕

D9 - Prevalencia constante de infecciones asintomáticas en poblaciones endémicas de malaria en Colombia a lo largo del tiempo

Karen Molina-Gómez¹, Juan M. Vásquez-Jiménez¹, Myriam Arévalo-Herrera^{1,3}, Juliana Henao-Giraldo¹, María Arce-Plata¹, Andrés F. Vallejo¹, Sócrates Herrera^{1,2}

¹ Centro para la investigación científica Cauceseco, Cali, Colombia

² Centro Internacional de Vacunas, Cali, Colombia

³ Asoclinic-laboratorio clínico, Cali, Colombia

⁴ Departamento de Pediatría, Universidad ICESI, Cali, Colombia

Introducción. El diagnóstico de malaria se realiza principalmente mediante microscopía o prueba de diagnóstico rápido (RDT). Aunque estos métodos contribuyen significativamente al control y eliminación del paludismo, no son adecuados para detectar la proporción significativa de sujetos asintomáticos que albergan bajos niveles de parasitemia, que usualmente no se tratan y pueden significar un reservorio para la transmisión. Se hizo un estudio de prevalencia en regiones endémicas de Colombia durante cuatro años.

Métodos. Entre 2011 y 2014, se realizó una serie de estudios transversales en Colombia en los municipios de Tumaco, Buenaventura y Tierralta. Se hizo un censo y se seleccionó una muestra aleatoria de casas de cada sitio centinela (SC). Se pidió a los habitantes que respondieran a un cuestionario sobre aspectos clínicos, epidemiológicos y demográficos, y se tomaron muestras de sangre para el diagnóstico de malaria mediante microscopía y reacción cuantitativa en cadena de la polimerasa en tiempo real (qPCR).

Resultados. Se obtuvo un total de 3.059 muestras sanguíneas de todos los sitios centinela, la mayoría, de mujeres. Durante los cuatro años de estudio, hubo una prevalencia del 4 % (IC_{95%} 3-5 %) al 10 % (IC_{95%} 8-12 %). Casi todos los casos de paludismo (n=220; 97 %) fueron detectados submicroscópicamente por qPCR; el 90 % de los casos eran asintomáticos en el momento de la recolección de sangre. Mientras que Buenaventura y Tierralta tuvieron una tendencia decreciente durante el seguimiento, Tumaco tuvo un aumento en el 2013 y luego una disminución en el 2014. *Plasmodium vivax* representó la mayoría (66-100 %) de los casos en Tierralta y Buenaventura, y en Tumaco, el 25 a 50 % de los casos.

Conclusiones. Este estudio demuestra una importante prevalencia de casos asintomáticos de paludismo no detectables por microscopía que, por lo tanto, no se tratan y representan un grupo de parásitos que favorecen la transmisión del paludismo. Esto exige la introducción de estrategias alternativas de diagnóstico y tratamiento, especialmente para las áreas de baja transmisión.

..... ✕

D10 - Physical growth and neurodevelopment of a cohort of children after 3.5 years of follow-up from mothers with Zika infection during pregnancy: Third report of the ZIKERNCOL study in Risaralda, Colombia

María Fernanda Zapata¹, Manuela Grajales¹, María Alejandra Arias¹, Jennifer Grajales¹, Héctor D. Bedoya-Rendón², Gloria M. González-Moreno³, Julián Grajales-Rojas⁴, Alfonso J. Rodríguez-Morales^{5,6*}, Jaime A. Cardona-Ospina^{1,5,6}

¹ Grupo de Investigación Biomedicina, Facultad de Medicina, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² ESE Hospital San Pedro y San Pablo, La Virginia, Colombia

³ ESE Hospital Santa Mónica, Dosquebradas, Colombia

⁴ Departamento de Pediatría, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

⁵ Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

⁶ Grupo de Investigación en Enfermedades Infecciosas Emergentes y Medicina Tropical, Instituto para la Investigación en Ciencias Biomédicas, Pereira, Colombia

* arodriguez@utp.edu.co

Introduction: After ZIKV epidemics, microcephaly and other structural neurologic abnormalities were the main concern after gestational exposure. However, data suggest that neurodevelopment and growth could also be impaired.

Objective: To assess the physical growth and neurodevelopment of a cohort of children after 3.5 years of follow-up from mothers with Zika infection during pregnancy in Risaralda, Colombia.

Methods: Follow-up study of children from mothers with ZIKV infection during pregnancy, assessing anthropometric measures according to WHO-standards and neurodevelopment through the routine validated neurodevelopmental abbreviated scale in two hospitals in Risaralda, Colombia.

Results: Sixteen cases were followed up to 11 times during 3.5 years of life. The interquartile range of ZIKV diagnosis on mothers was 13-31 gestational weeks. During follow-up, two of them born with Head Circumference (HC) <33 cm (13%), and one of them stayed with HC <-2SD in the next two controls. Three of them (19%) fell into post-natal microcephaly. Only one (6%) remained with microcephaly until the follow-up end-point. Surprisingly, six presented HC >+2SD (macrocephaly) during follow-up (38%), and two of them remained with macrocephaly until the follow-up end-point. Weight-for-age (WFA), or length/height-for-age (LHFA) were above +2SD in four and in six patients respectively. LHFA was below -2SD in two patients. We found two patients with macrocephaly and high BMI-for-age, two with macrocephaly plus high WFA and LHFA, and two with macrocephaly and high BMI-for-age and WFA. Neurodevelopment was appropriate for the age of each patient according the abbreviated scale.

Conclusions: As expected congenital and postnatal microcephaly was present. Remarkably, an important proportion of children presented macrocephaly without other apparent etiologies and no significant neurodevelopment impairment. Although this requires further analyses, the full spectrum of the head structure and growth alterations would be broader than reported.

..... ✕

D11 - Measles in children and adolescents in Colombia and its relationship with the outbreak and migration crisis from Venezuela – Implications in public health and travel medicine

Dayanne Rodríguez¹, Alfonso J. Rodríguez-Morales^{2*}, Alberto E. Paniz-Mondolfi³, José Antonio Suárez⁴

¹ Subred Integrada de Servicios de Salud Norte, Secretaría de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Direction of Microbiology, Department of Pathology, Molecular and Cell-based Medicine, The Mount Sinai Hospital-Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, USA

⁴ Departamento de Investigación Clínica, Instituto Conmemorativo

Gorgas de Estudios de la Salud, Ciudad de Panamá, Panamá

* arodriguez@utp.edu.co

Introduction: In mid-2017 large measles outbreak begun in Venezuela (genotype D8), 10,329 confirmed cases (August 2019). This has implicated, considering the forced migration that has been increasing in there, especially since 2018, a significant spillover in border and neighbor countries, particularly Brazil and Colombia.

Objective: To assess the incidence of measles in children and adolescents in Colombia and its relationship with the outbreak and migration crisis from Venezuela.

Methods: An observational study assessing the measles incidence (from the surveillance system SIVIGILA), by age-groups, Colombia, 2018-2019. Using age-specific-population estimates, incidence rates were estimated (cases/pop.). An analysis of the outbreak in Venezuela has been also included (from reported cases to PAHO/WHO).

Results: In March 2018 (EW10) the first case in Colombia was detected, then reaching 10,336 notified cases (suspected, 6,701 [2018], 3,274 [2019]), 391 (3.9%) were confirmed (209 [2018], 183 [2019]). From that, 88.9% occurred in children and adolescents (<25 y-old) (60.9% <5 y-old), 49.8% were Venezuelans diagnosed in Colombia, and 50.2% were Colombians. For the Colombian children and adolescents, this represents an incidence/attack rates of 7.5 cases/100,000 children <1 y-old, 0.9 cases/100,000 aged 1-4 y-old and 0.3 cases/100,000 in those 5-14 y-old. In 2018, 27.3% were imported from Venezuela and 67.5% were importation-related. In 2019, 29.6% were from Venezuela and 57.1% were importation-related. Border departments Norte de Santander, Cesar, La Guajira and Arauca have cases (also Magdalena, Atlántico, Bolívar, Sucre, Santander, Cundinamarca, Antioquia, Risaralda, and Cauca). According to PAHO/WHO, vaccine coverage 2014-2017 was <60% in Venezuela and <90% in Colombia. Venezuela outbreak spread to Brazil (11,371 confirmed cases) and beyond.

Conclusions: Measles situation in the Americas, and globally, has been a major setback, being a multifactorial threat. Declining vaccination-coverage, traveling and growing antivaccination movements contributed as key-drivers, but also the current crisis and migration in Venezuela.

..... ✕

D12 - Factores asociados a la enfermedad congénita de Chagas en embarazadas infectadas con *Trypanosoma cruzi*

Jesús Barrera, Yoshua Seidner, Javier Celis, Pedro Benavides, Juris Pérez, Ever Solano, Jorge Acosta, Juan Dib

Introducción. La enfermedad de Chagas hace parte, según la Organización Mundial de la Salud, del grupo de enfermedades tropicales desatendidas, constituyéndose hoy en día como un problema de salud pública internacional. En América, se han registrado prevalencias maternas de la enfermedad de 2 al 29 % y, de incidencia de la enfermedad congénita, de 0 al 13 %, mientras que en Colombia se han observado del 2 al 4 % y de %, respectivamente. Las etnias indígenas colombianas de la Sierra Nevada de Santa Marta han reportado prevalencias generales de la enfermedad de hasta 47 %. Debido a esto, se busca determinar cuáles son los factores asociados a la enfermedad congénita de Chagas en embarazadas infectadas con *Trypanosoma cruzi* de una comunidad indígena de la Sierra Nevada de Santa Marta

Metodología. Se está realizando un estudio observacional y analítico, de tipo cohorte prospectiva. La población escogida incluyó todo recién nacido hijo de madre con serología positiva para *T. cruzi* durante su embarazo, perteneciente al asentamiento indígena Gunaruwun de la Sierra Nevada de Santa Marta, durante los años 2019 y 2020.

Resultados. Se han tamizado hasta el momento 102 gestantes, encontrándose una prevalencia del 12 % de la enfermedad en este grupo. Los recién nacidos aún no cumplen la edad para hacerles el diagnóstico serológico.

Conclusiones. En la población indígena estudiada, hay subregistros de la enfermedad debido al difícil acceso geográfico y a otras barreras para el seguimiento, pero con la búsqueda activa, se están encontrando prevalencias por encima del promedio latinoamericano. Esto que facilitaría obtener una mayor frecuencia de la enfermedad congénita, lo cual permitiría aclarar cuáles son los factores asociados con la transmisión vertical de la enfermedad en esta población.

..... ✕

D13 - Analysis of the spatial and temporal distribution of the dengue (2006-2017), Zika (2015-2017) and chikungunya (2014-2017) viruses in Colombia

Luz Elena Triana-Vidal¹, Mónica Andrea Morales-García¹, María Janeth Arango-Cárdenas¹, Marisol Badiel-Ocampo¹, Daniel Elías Cuartas²

¹ Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Libre de Colombia, Sede Santiago de Cali, Cali, Colombia

² Grupo de Epidemiología y Salud de la Población, Universidad del Valle, Cali, Colombia

* elehi@yahoo.es

Objective: To describe the spatial and temporal distribution of dengue, Zika and chikungunya viruses in Colombia and to identify clusters at spatial, temporal and space-temporal levels.

Methods: A descriptive study was developed about the space and time distribution of the Dengue (2006-2017), Zika (2015-2017) and Chikungunya (2014-2017) viruses in Colombia, using principles of spatial statistics, namely the spatial data exploratory analysis.

Results: Areas of Colombia were identified where there is a higher density and prevalence of cases and were analyzed 1,124 municipalities for each event (cases of dengue, Zika and chikungunya). Significant clusters ($p < 0.05$) were proven in spatial, temporal and space-temporal analysis, in the south-western zone of the Andean region and in the Orinoquia region.

Conclusions: Two conglomerates were confirmed for the dengue, Zika and chikungunya events, that could be established as areas of higher risk of co-infection.

Keywords: Dengue, Zika and chikungunya; analysis by conglomerates; risk areas.

..... ✕

D14 - Evidencia de baja diversidad genética y poblaciones estructuradas de *Plasmodium vivax*: consideraciones para control y eliminación de la malaria en Colombia

Diego F. Echeverry^{1,2,3}, Juan D. Escobar¹, María F. Yasnot⁴, Alexandra Ríos-Orrego⁵, Liliana Martínez⁶, Zuleima Pava⁷

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

² Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad Icesi, Cali, Colombia

³ Departamento de Microbiología, Universidad del Valle, Cali, Colombia

⁴ Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

⁵ Grupo Malaria, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁶ Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica del Chocó Diego Luis Córdoba, Quibdó, Colombia

⁷ Global and Tropical Health Division, Menzies School of Health Research, Charles Darwin University, Darwin, Australia

Introducción. La genética de poblaciones de *Plasmodium* spp. es necesaria para ayudar a entender la distribución y la dinámica de las poblaciones naturales, epidemiología, diversidad y evolución de resistencia a antimaláricos, entre otros. Estos factores deben ser considerados al momento de proponer estrategias para el control y la eliminación de la malaria.

Objetivo. El presente estudio busca caracterizar parámetros de la genética de poblaciones y de diversidad genética de *P. vivax*, para informar y guiar eventuales estrategias de eliminación de la malaria en Colombia.

Metodología. Un grupo de 38 SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) neutrales, empleados para estudios globales de diversidad en *Plasmodium vivax*, fueron adaptados para genotipificación con la metodología de Sequenom Mass Array, en 220 muestras de parásitos recolectados entre 2001 y 2015 en Tierralta (Córdoba), Turbo (Antioquia) y Quibdó (Chocó). Usando diferentes programas informáticos, se estimaron la clonalidad, la persistencia y la estructura poblacional.

Resultados. Después del proceso de filtración de datos y exclusión de infecciones policlonales (18 %), se analizaron 167 muestras y 36 SNP informativos, demostrando que estos SNP pueden usarse localmente para el análisis de la genética de poblaciones. Se identificaron 104 haplotipos presentes en 80 clones únicos y 24 haplotipos en grupos clonales, cada uno con un rango de 2 a 12 parásitos idénticos. En los grupos clonales, la persistencia entre los sitios de estudio estuvo entre 0 y 4.088 días (>14 años). Se identificaron, al menos, cinco subpoblaciones con evidencia de entrecruzamiento. Los valores del índice de fijación (F_{ST}) entre sitios de origen por año, estuvieron en un rango entre 0,009 y 0,113.

Conclusiones. La extensa persistencia clonal de *P. vivax* entre los sitios de estudio (separados hasta por 709 km) y la ausencia de panmixia asociada con entrecruzamiento, sugieren eventos migratorios frecuentes, principalmente, entre Quibdó y Tierralta. A pesar de encontrar al menos cinco subpoblaciones naturales de parásitos, la diversidad genética encontrada fue baja, lo cual podría favorecer eventos de emergencia y diseminación de resistencia a la cloroquina.

..... ✕

D15 - Diversidad genética de *Plasmodium falciparum* y presentación clínica de la infección en tres regiones endémicas de Colombia, 2016-2018

Juan Camilo Pérez-Pérez^{1*}, Gabriel Jaime Vélez¹, Ana María Vásquez¹, Diego Fernando Echeverry^{2,3}, Alberto Tobón-Castaño¹

¹ Grupo Malaria, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Departamento de Microbiología, Universidad del Valle, Cali, Colombia

³ Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad Icesi, Cali, Colombia

* juan.perez11@udea.edu.co

Introducción. En Latinoamérica, la diversidad genética de *P. falciparum* ha mostrado ser reducida. La mayoría de investigaciones en Colombia informan la diversidad genética por frecuencias de familias alélicas y muestran un panorama limitado estudiando genes codificadores para las proteínas 1 y 2 de superficie del merozoito -MSP1-(familia-MAD20) y -MSP2-(familia-3D7), las cuales han mostrado frecuencias mayores de 80 %. Este

estudio caracterizó la diversidad genética de *P. falciparum*, empleando MSP1, MSP2, GLURP y EMP1, y su relación con la presentación clínica de la enfermedad en residentes de tres regiones endémicas de Colombia.

Metodología. Es un estudio descriptivo y transversal, realizado en Turbo y El Bagre (Antioquia) y Tumaco (Nariño). Los participantes tenían infección por *P. falciparum* diagnosticada por gota gruesa y nPCR; se clasificaron por el perfil clínico (sintomático o asintomático). En las muestras, se practicaron PCR y secuenciación para los genes *pfmsp1*, *pfmsp2*, *pfglurp* y *pfemp1*; estos últimos codifican por para la proteína rica en glutamato y proteína de superficie eritrocitaria-1, respectivamente. Se determinaron frecuencias alélicas, heterocigocidad y diversidad nucleotídica. Finalmente, se compararon con los diferentes perfiles clínicos mediante el índice de fijación F_{st} .

Resultados. Se incluyeron 149 participantes, 78 (52,3 %) de Tumaco, 22 (14,8 %) de El Bagre y 49 (32,9 %) de Turbo; 25 participantes positivos (16,8 %) eran asintomáticos. La frecuencia de bandas ausentes, bandas únicas o múltiples para cada marcador, fue: 1) MSP1, 11 (7,7 %), 103 (72,0 %), 29 (20,3 %); 2) MSP2, 11 (7,7 %), 128 (89,5 %), 4 (2,8 %); 3) GLURP, 16 (11,2 %), 110 (76,9 %), 17 (11,9 %); 4) VAR 18 (12,6 %), 125 (87,4 %), no se hallaron bandas múltiples.

Los participantes asintomáticos presentaron bandas múltiples únicamente en MSP1 (12 %), siendo menor que en los participantes sintomáticos (22 %).

Conclusiones. Se observó una mayor proporción de infecciones con bandas únicas; MSP1 presentó la mayor frecuencia de bandas múltiples. Las infecciones asintomáticas se caracterizaron por tener bandas únicas, excepto para el marcador MSP1 con bandas múltiples, pero con menor frecuencia que en los sintomáticos.

..... ✕

D16 - Evaluación de cuatro pruebas rápidas para tamización de leishmaniasis visceral canina y humana

Giovanny Herrera¹, Adriana Castillo², Carolina Flórez², Martha Ayala², Omar Cantillo-Barraza³, Juan David Ramírez^{1*}

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

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

³ Biología y Control de Enfermedades Infecciosas, Universidad de Antioquia, Medellín Colombia

* juand.ramirez@urosario.edu.co

Introducción. La leishmaniasis visceral (LV) causa la muerte a más del 90 % de los pacientes que la padecen y no reciben tratamiento oportuno. Su diagnóstico requiere procedimientos complejos por lo cual se restringe a centros

especializados. Las pruebas inmunocromatográficas (ICT) son una alternativa de fácil realización y permiten un diagnóstico presuntivo de la enfermedad, tanto en humanos como en caninos, los cuales desempeñan un papel fundamental en el circuito epidemiológico de transmisión. Sin embargo, se ha demostrado la variabilidad que pueden presentar las pruebas de acuerdo con la zona geográfica donde se utilizan.

Materiales y métodos. En este estudio se evaluó el desempeño diagnóstico de cuatro pruebas inmunocromatográficas para leishmaniasis visceral (Kalazar *Detect*TM y ad-bio *Leishmania* IgG/IgM Combo Rapid Test, para humanos, y las pruebas rápidas DPP® CVL y Kalazar *Detect*TM, para caninos) en sueros positivos (humanos=82, caninos=70) y negativos (humanos=74, caninos=54), provenientes de zonas endémicas y confirmados por inmunofluorescencia indirecta (IFI). Las muestras negativas por ambas pruebas rápidas y positivas por IFI, se sometieron a extracción de ADN y amplificación del gen *HSP70*.

Resultados. Las pruebas evaluadas en muestras humanas no mostraron diferencias en cuanto a sensibilidad (91,5 %), mientras que, con la prueba ad-bio *Leishmania* IgG/IgM Combo Rapid Test, se observó mayor especificidad (93,2 %), valores predictivos (VPP=93,8 %; VPN=90,8 %) y razones de verosimilitud (RVP=13,54; RVN=0,09) frente a Kalazar *Detect*TM (E=89,19 %; VPP=90,4 %; VPN=90,4 %; RVP=8,46; RVN=0,09). La prueba rápida DPP® CVL aplicada empleada en muestras de caninos, evidenció un mayor valor de sensibilidad (85,7 % frente a 82,9 %); sin embargo, los demás parámetros evaluados fueron inferiores (E=79,6 %; VPP=84,5 %; VPN=81,1 %; RVP=4,2; RVN=0,18) comparados con la prueba rápida Kalazar *Detect*TM rapid test, Canine para caninos (E=92,6 %; VPP=93,6 %; VPN=80,6 %; RVP=11,2; RVN=0,18). No se evidenciaron diferencias estadísticamente significativas en las áreas bajo la curva de las pruebas evaluadas (humanos, p=0,6596; caninos, p=0,3219). En los caninos, las muestras en las que se obtuvo amplificación fueron identificadas como *Leishmania infantum* (n=2) y *L. amazonensis* (n=1). En humanos, tres muestras fueron identificadas como *L. infantum*.

Conclusión. Las pruebas rápidas representan una herramienta de gran utilidad para la tamización de la leishmaniasis visceral, siempre y cuando se acompañen de un cuadro clínico sugestivo de la enfermedad, sin que se descarte totalmente la necesidad de la confirmación mediante técnicas tradicionales. Se recomienda desarrollar pruebas rápidas basadas en las cepas del parásito circulantes en el país.

..... ✘

D17 - Epidemiología de la infección por rickettsias en el municipio de Uramita, Colombia: un estudio posterior a un brote letal de rickettsiosis

Juan C Quintero-Vélez¹, Astrid Vanessa Cienfuegos-G.², Lisardo Osorio-Q.³, Andrés F. Úsuga-R.¹, Sebastián Cifuentes⁴, Sergio Solari⁴, Juan D. Rodas-G.¹, Francisco J. Díaz⁵, Carlos Rojas-A.⁶

¹ Grupo de Investigación Ciencias Veterinarias Centauro, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Grupo de Investigación Microbiología Básica y Aplicada, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³ Grupo de Investigación Salud y Ambiente, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁴ Grupo de Mastozoología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁵ Grupo de Investigación Inmunovirología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁶ Grupo de Epidemiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. Entre los años 2014 y 2015, se presentó un brote letal de rickettsiosis en el municipio de Uramita, Colombia. Este brote afectó a cuatro personas y se caracterizó por la falta de un diagnóstico y un tratamiento oportunos.

Objetivo. Analizar indicadores epidemiológicos asociados a la infección por agentes del género *Rickettsia* en el municipio de Uramita, Colombia.

Materiales y métodos. Se realizó un diseño transversal para estudiar la seroprevalencia, la infestación por garrapatas y sus factores asociados, y un diseño prospectivo para estudiar la incidencia de infección por rickettsias.

Resultados. La seroprevalencia contra rickettsias fue de 19,35 % (IC_{95%} 13,66-27,02). La edad y el sexo masculino fueron marcadores de riesgo para la seropositividad (RP_{edad en años}=1,01; IC_{95%} 1,01-1,02; RP_{sexo}=1,66; IC_{95%} 1,19-2,32). Así mismo, la seropositividad se asoció a habitar en zonas con viviendas dispersas (RP_{viviendas dispersas}=3,87; IC_{95%} 1,12-8,66). La frecuencia de caninos y zangüeyas seropositivas fue de 35,62 % (26/73) y 100 % (6/6), respectivamente. La incidencia acumulada de infección por rickettsias en humanos fue de 7,32 % (IC_{95%} 5,10-10,40) y los factores asociados a los casos incidentes fueron la presencia de animales silvestres (RR=2,46; IC_{95%} 1,06-4,72) y la presencia de árboles en el peridomicilio (RR=0,47; IC_{95%} 0,23-0,94). Finalmente, se estimó la prevalencia de infestación por garrapatas en las viviendas, de 27,78 % (IC_{95%} 22,31-34,80) y los factores que se asociaron a la infestación fueron el piso de tierra (RP=5,88; IC_{95%} 2,29-10,30), el techo de fibrocemento (RP=1,77; IC_{95%} 2,05-2,83) y la presencia de caninos en el intradomicilio y el peridomicilio (RP=5,05; IC_{95%} 3,32-7,19).

Conclusiones. Se evidenció que las personas que residen en el municipio han entrado en contacto con agentes del género *Rickettsia*. Además, existen condiciones que se

asocian a la seropositividad y a la infección incidente. Finalmente, se estimó una gran frecuencia exposición a rickettsias de caninos y zarigüeyas.

Palabras clave: regresión mixta, infestación por garrapatas, seroprevalencia, incidencia de infección.

..... ✕

D18 - Dinámica de transmisión en un foco de leishmaniasis cutánea en Norte de Santander: patrones de diversidad, especies de *Leishmania* y preferencias alimenticias de los flebotominos

Carolina Hernández¹, Claudia M. Sandoval-Ramírez², Aníbal A. Teherán³, Reinaldo Gutiérrez-Marín⁴, Ruth A. Martínez-Vega⁵, Duvan Morales¹, Astrid Araque-Mogollón⁶, Juan David-Ramírez¹

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

² Grupo de Investigación en Ciencias Básica y Aplicadas para la Sostenibilidad (CIBAS), Universidad de Santander, Bucaramanga, Colombia

³ Grupo de Investigación COMPLEXUS, Universidad Juan N. Corpas, Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales e Infecciosas (GIEPATI), Universidad de Pamplona, Pamplona, Colombia

⁵ Grupo de Investigación Salud Comunitaria-UEDES, Universidad de Santander, Bucaramanga, Colombia

⁶ Instituto Departamental de Salud, Laboratorio Departamental de Salud, Norte de Santander, Cúcuta, Colombia

* laboratorios@ids.gov.co

Introducción. Colombia es el país con mayor número (10) de especies de *Leishmania* y con más de 150 especies de Phlebotominae. El municipio Arboledas reportó 428 casos de leishmaniasis cutánea entre 2014 y 2018. El objetivo de este estudio fue analizar patrones de diversidad, preferencias alimenticias y especies de *Leishmania* en flebotominos, para dilucidar la dinámica de transmisión en este foco.

Métodos. Los flebotominos fueron capturados utilizando trampas (CDC/Shannon), en dos localidades (Siravita/Cinera) y cinco ambientes (cafetal/cítricos/caña/bosque/pastizal). Se calcularon los índices de diversidad de especies de flebotominos (Riqueza/Shannon/Simpson). Las hembras con ingestión de sangre fueron seleccionadas para extracción de ADN, PCR y secuenciación de genes (*COI/12S/HSP-70*), lo cual permitió la identificación de especies (flebotominos/*Leishmania*/preferencias alimenticias), redes de haplotipos y análisis circus. Los datos se analizaron mediante prueba_Z, prueba de ji al cuadrado (X^2) y modelo bayesiano.

Resultados. Se recolectaron 1.728 flebotominos (62,3 % Siravita y 37,7 % Cinera) de 18 especies, entre las que *Pi. Pintomyia? Lutzomyia? ovallesi* (29,8 %), *Ps. davisii* (20,3 %), *Pi. Lutzomyia? spinicrassa* (18,5 %) y *Lu. gomezi* (15,8 %) presentaron mayor abundancia. En cuanto a la diversidad: la Riqueza no mostró diferencias entre

localidades y ambientes. Los índices de Shannon y Simpson fueron mayores en Cinera, y menores en pastizales. Se seleccionaron 144 hembras con ingestión de sangre. Se detectó ADN de *Leishmania* en 44,4 % (80/144): 63.1% (*L. braziliensis*), 18.5% (*L. panamensis*), 13.2% (*L. infantum*) y 6.1% (*L. amazonensis*) 63,1 % de *L. braziliensis*, 18,5 % de *L. panamensis*, 13,2 % de *L. infantum* y 6,1 % de *L. amazonensis*. La mayor frecuencia de flebotominos con ADN de *Leishmania* correspondió a *Pi. ovallesi* (27,2 %), *Lu. gomezi* (21,3 %) y *Pi. spinicrassa* (13,8 %). Las preferencias más frecuentes fueron *Homo sapiens* (50 %), *Bos taurus* (13.8 %) y *Canis lupus* (10,3 %). Se encontró mayor asociación entre las especies de flebotominos (*Lu. gomezi*, *Pi. spinicrassa*), la preferencia alimenticia *H. sapiens* y las especies (*L. braziliensis/L. panamensis*). Se encontró mayor asociación entre las especies de flebotominos (*Lu. gomezi*, *Pi. spinicrassa*), la preferencia alimenticia (*H. sapiens*) y las especies (*L. braziliensis/L. panamensis*). Se detectaron 18 haplotipos de *L. braziliensis* y 5 de *L. panamensis*.

Conclusión. Este foco de leishmaniasis cutánea presenta una gran diversidad de flebotominos, especies de *Leishmania* y preferencias alimenticias de origen doméstico circulantes; la dinámica de transmisión es compleja y asociada principalmente con *L. gomezi*, *Pi. spinicrassa* y *L. braziliensis*.

..... ✕

D19 - Detección genética de dípteros de importancia productiva en pequeños rumiantes del departamento de Boyacá

Adriana María Díaz-Anaya¹, Martín Orlando Pulido-Medellín¹, Jimmy Jolman Vargas-Duarte²

¹ Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Tunja, Colombia

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

Antecedentes. Las miasis son infestaciones causadas por larvas de dípteros que ocasionan pérdidas económicas y generan signos clínicos graves según su localización en pequeños rumiantes (cavidad nasal, piel o tejidos en descomposición). Se evaluó la utilidad de la secuencia del gen mitocondrial *COI* como herramienta de detección genética de larvas de dípteros de importancia productiva en el moco nasal de pequeños rumiantes del departamento de Boyacá.

Métodos. Se hizo un estudio transversal para la identificación de ADN de dípteros en 367 muestras de moco nasal (171 de ovinos y 196 de caprinos). Se emplearon los cebadores universales para dípteros UEA7, UAE9 y UAE10, los cuales, mediante PCR semi-anidada, permiten amplificar una porción del gen mitocondrial *COI*.

Las secuencias de nucleótidos fueron editadas en Bioedit® y alineadas en MEGA 7 ®. Posteriormente, se hizo el análisis filogenético con la metodología de distancias de *Neighbor-joining*.

Resultados. Se detectó ADN de dípteros en 3 % (11/367) de las muestras. Las secuencias obtenidas en el 2,5 % (9/367) de los casos correspondieron a *Oestrus ovis* y, el 0,5 % (2/367), a *Cochliomyia hominivorax*. El 64 % de los animales positivos fueron ovinos y, el 36 %, caprinos. Las infestaciones predominaron en animales menores de 3 años de edad (90 %). Los animales mayores de 5 años no presentaron positividad, considerándose este rango de edad como un factor de protección ($p=0,003$).

Conclusiones. Se logró establecer la presencia de los dípteros: *O. ovis* en los municipios de La Uvita y Susacón, y de *C. hominivorax* en Boavita, en muestras de moco nasal de pequeños rumiantes. Las secuencias de *O. ovis* de ovinos y caprinos se agruparon en clados diferentes, lo cual sugiere la circulación de variantes genéticas asociadas con la especie animal afectada. La identificación molecular de dípteros es una alternativa para estudios eco-epidemiológicos *in vivo* en infestaciones, donde los estudios se realizan, tradicionalmente, durante el examen *post mortem*.

..... ✕

D20 - Infección natural por *Trypanosoma cruzi* (Trypanosomatidae) en triatominos (Hemiptera: Reduviidae) recolectados en el Departamento de Guainía, Colombia

Cesil Solís-Medina¹, Sara Zuluaga-Aguirre², Omar Triana², Omar Cantillo-Barraza²

¹ Unidad de Entomología, Secretaría de Salud del Guainía, Puerto Inírida, Colombia

² Grupo BCEI, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La búsqueda activa y continua de triatominos hace parte de los programas de vigilancia entomológica para la enfermedad de Chagas en zonas con características ecológicas apropiadas para la presencia del vector, con el propósito de priorizar y definir las acciones de intervención.

Objetivo. El objetivo del presente trabajo fue determinar la presencia de triatominos y su estado de infección en la zona urbana de Inírida, así como en corregimientos ubicados en el río Guainía en el departamento del Guainía.

Materiales y métodos. El estudio se desarrolló activando los programas de búsqueda y reporte de triatominos por Vigilancia Comunitaria, en dos puntos del departamento: (i) Municipio de Inírida, Barrio Las Américas y sector periférico al casco urbano cercano al aeropuerto. (ii) Comunidad de Guarinuma ubicada sobre el río Guainía,

corregimiento de Campo Alegre. Los vectores fueron identificados morfológicamente y evaluados mediante PCR para los marcadores ADN satélite y minixión.

Resultados. Un total de cinco triatominos se recolectó entre febrero y junio de 2019, uno de ellos perteneciente a la especie *Panstrongylus lignarius* y, cuatro, a *P. geniculatus*, *P. lignarius* y *P. geniculatus* (2/5) fueron capturados en Inírida, mientras que en la zona de Guaniruma solo se encontró *P. geniculatus* (3/5). Los dos individuos recolectados en Inírida fueron positivos para *T. cruzi*, al igual que dos de los tres individuos recolectados en Guaniruma. Todos los individuos positivos se infectaron con el linaje I de *Trypanosoma cruzi*.

Conclusión. En el presente estudio, se reporta la presencia de *P. lignarius* en el departamento del Guainía. De igual forma, se actualiza la infección de este vector y de *P. geniculatus* para Inírida. Debido a la presencia de vectores y población migrante, debe mantener la vigilancia en la zona.

..... ✕

D21 - La malaria y coinfecciones en una región endémica de Venezuela

David A. Forero-Peña^{1,2}, Marisol Sandoval-De Mora^{1,2}, Iván Amaya³, Cariagne Arenas¹, Ángel Gamardo¹, Melynar Chavero^{1,2}, Luisamy Figuera¹, María Fernanda Pedreros⁴, Myriam Arévalo-Herrera⁴, Sócrates Herrera⁴

¹ Instituto de Investigación Biomédica y Vacunas Terapéuticas "Vacter", Ciudad Bolívar, Venezuela

² Departamento de Medicina Interna, Escuela de Ciencias de la Salud "Dr Francisco Battistini Casalta", Universidad de Oriente, Núcleo Bolívar, Venezuela

³ Departamento de Parasitología y Microbiología, Escuela de Ciencias de la Salud "Dr Francisco Battistini Casalta", Universidad de Oriente, Núcleo Bolívar, Venezuela

⁴ Centro de Investigación científica Caucaseco, Cali, Colombia

Antecedentes. A pesar de una notable reducción en las dos últimas décadas, la malaria es un importante problema de salud pública en el mundo. En América, Venezuela, Brasil, Perú y Colombia son los países más endémicos, en donde las coinfecciones incrementan la morbilidad y el riesgo de mortalidad. En el marco de estudios cooperativos entre centros de investigación en Venezuela y Colombia, se estudió la malaria y sus coinfecciones en regiones altamente endémicas para malaria en cada país. En este estudio, se describen las características clínicas, epidemiológicas y las coinfecciones en pacientes maláricos de Ciudad Bolívar (Bolívar) Venezuela.

Métodos. Se realizó un estudio descriptivo, correlacional y transversal en 161 pacientes con malaria confirmada por pruebas rápidas, microscopía o ambas, que consultaron en tres centros médicos entre junio y noviembre de 2018. Se hizo una evaluación clínica y de laboratorio de las

coinfecciones con virus del dengue (DENV), virus de hepatitis (HAV, HBV y HCV) y virus chikunguña (CHIKV), además de leptospirosis (LP), mediante la técnica ELISA.

Resultados. De los 161 pacientes estudiados, 65,8 % presentaron infección por *P. vivax*, 26,7 % por *P. falciparum* y 7,4 % malaria mixta (*Pf/Pv*). La media de edad fue de 33,8 años; 63,9 % fueron hombres, 94,4 % mestizos y 37,3 % practicaban minería ilegal. Los síntomas más frecuentes fueron fiebre, escalofríos y cefalea; los hallazgos de laboratorio más relevantes fueron anemia leve, trombocitopenia moderada y compromiso de la función hepática. En 34,2 % de los pacientes, se encontraron las siguientes infecciones: DENV (14,9 %), HAV (11,8 %) HBV (6,2 %), CHIKV(5,5 %) y leptospirosis (3,7 %), las cuales estuvieron asociadas con malaria complicada (56,36 %).

Conclusión. La alta prevalencia de coinfecciones y su asociación con la gravedad de la malaria, indican la necesidad de mejorar el manejo clínico para reducir la morbilidad y el riesgo de mortalidad.

..... ✕

D22 - Avances en la caracterización de *Lutzomyia evansi* como vector de *Leishmania braziliensis*

Luis Romero-Ricardo^{1,2}, Dina Guevara-Canole², Eduar Elías Bejarano²

¹ Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia

² Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. Contrario a lo observado en la mayoría de focos de leishmaniasis de Colombia, *Leishmania braziliensis* es el patógeno más frecuente en casos de leishmaniasis cutánea en el principal foco de leishmaniasis del Caribe colombiano. En estudios previos se ha demostrado que *Lutzomyia evansi* se infecta naturalmente con el patógeno en esta región.

Objetivo. El objetivo de este estudio fue determinar si *Lu. evansi* es capaz de soportar el desarrollo de *L. braziliensis* en su sistema digestivo.

Metodología. Se realizaron tres estudios de infección experimental, cada uno con 280 hembras de *Lu. evansi*, que fueron separadas en cuatro grupos de 70 individuos y, posteriormente, alimentadas durante dos horas con una mezcla de sangre y parásitos de la especie *L. braziliensis*, a concentraciones de 2×10^6 y 5×10^6 parásitos por ml. Siete días después de la ingestión, los insectos fueron disecados para la búsqueda microscópica de parásitos.

Resultados. Con una concentración de 2×10^6 /ml de parásitos, se obtuvo un porcentaje de infección del 40 % en hembras de *Lu. evansi*, las cuales presentaron infecciones

restringidas al triángulo pilórico en el 90 % de los casos, con presencia de parásitos procíclicos y nectomonados. Por otro lado, con 5×10^6 / ml, el porcentaje de infección fue superior al 50 %, con promastigotes leptomonados obstruyendo la luz del intestino medio abdominal y medio torácico.

Conclusiones. Los resultados indican un desarrollo lento del parásito en el vector, por lo que, hipotéticamente, podría ser necesaria una segunda ingestión sanguínea para lograr las formas infectivas, como se ha descrito en otras especies.

..... ✕

D23 - Presencia de *Leishmania (Viannia) spp.* en roedores de un área rural del departamento de Atlántico, sin registro de casos humanos de leishmaniasis

Alexander Bedoya-Polo¹, Wendy Zabala-Monterroza¹, Oswaldo Pérez-Doria¹, Eduar Bejarano-Martínez¹, Alveiro Pérez-Doria^{1,2}

¹ Universidad de Sucre, Investigaciones Biomédicas, Sincelejo, Colombia

² Universidad Metropolitana, Grupo Caribe de Investigación en Enfermedades de tipo infeccioso y Resistencia Microbiana, Barranquilla, Colombia

Antecedentes. Dentro del ciclo epidemiológico de la leishmaniasis, los roedores han sido señalados como reservorios de varias especies de parásitos del género *Leishmania*, por lo cual podrían constituir una pieza clave en la aparición de nuevos ciclos domésticos de transmisión, por sus hábitos sinantrópicos. En el presente estudio, se evaluaron roedores de un área rural del departamento del Atlántico, sin registro de casos humanos de leishmaniasis, con el objetivo de detectar infección natural con parásitos del género *Leishmania*.

Metodología. Los roedores fueron capturados en octubre de 2018, mediante trampas de tipo Sherman con cebo universal, en el área rural del corregimiento El Morro, municipio de Tubará, Atlántico. Fueron anestesiados para la toma de una muestra de sangre por punción cardiaca, la cual fue inoculada en medio bifásico (NNN/RPMI) para el aislamiento de los parásitos. Los animales fueron liberados y marcados con el chip RFID. Los parásitos fueron tipificados con base en la secuencia nucleotídica del gen de la subunidad pequeña del ARN ribosómico 18S (SSU de ARN ribosómico) y el gen glucosómico gliceraldehído -3-fosfato deshidrogenasa (*gGAPDH*).

Resultados. Dos roedores pertenecientes a los géneros *Proechimys* y *Rattus* fueron capturados. A partir del espécimen del género *Proechimys*, se aislaron parásitos tripanosomátidos que fueron filogenéticamente identificados, mediante la secuencia de los genes SSU de ARN ribosómico y *gGAPDH*, como pertenecientes al subgénero *Leishmania (Viannia) spp.*, en el que se

agrupan las especies causantes de leishmaniasis cutánea en la costa Caribe colombiana.

Conclusiones. Se registra por primera vez la presencia de parásitos del subgénero *Leishmania* (*Viannia*) en roedores del departamento del Atlántico, hallazgo que, sumado a la ocurrencia de vectores, evidencia un riesgo potencial de infección para los habitantes de la región. Se recomienda reforzar la vigilancia epidemiológica en la zona por la posibilidad de aparición de ciclos de transmisión del parásito que involucren humanos.

..... X

D24 - Brote de enfermedad aguda de Chagas en la subregión del Magdalena medio antioqueño: caracterización clínica y molecular de *Trypanosoma cruzi*

Omar Cantillo-Barraza¹, Catalina Arango-Ferreira^{2,4}, Edwin Uriel Suárez³, Sara Zuluaga¹, Omar Triana¹

¹ Grupo BCEI, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Departamento de Pediatría, Hospital San Vicente Fundación, Medellín, Colombia

³ Departamento de Medicina Interna, IPS Universitaria, Clínica León XIII, Medellín, Colombia

⁴ Departamento de Pediatría, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La ocurrencia de casos de la enfermedad de Chagas en zonas sin antecedentes o domiciliación de vectores, es un fenómeno que se ha incrementado en Colombia. En Antioquia, los cambios ambientales como consecuencia de la intervención antrópica han afectado el comportamiento de vectores y reservorios, facilitando la ocurrencia de brotes de transmisión oral de *Trypanosoma cruzi*. En el presente trabajo, se reportan dos casos de enfermedad aguda de Chagas en el contexto de un brote epidemiológico en el municipio de Puerto Triunfo y la caracterización molecular de *T. cruzi*.

Materiales y métodos. Tres pacientes de un mismo grupo familiar del municipio de Puerto Triunfo, de 10, 23 y 57 años de edad, consultaron por fiebre prolongada, dolor abdominal, exantema morbiliforme y síntomas generales inespecíficos. Se hicieron diferentes estudios microbiológicos, desestimando esencialmente brucelosis y fiebre entérica. Debido a la presentación en el brote epidemiológico, al bloqueo fascicular anterior izquierdo en el electrocardiograma y al pequeño derrame pericárdico aislado que reveló la ecocardiografía en uno de los adultos, se solicitó serología para *T. cruzi* al niño y al otro adulto, por nexo epidemiológico. Para confirmar una enfermedad aguda de Chagas, se hicieron estudios parasitológicos y moleculares a los tres pacientes.

Resultados. Los tres pacientes tuvieron serología positiva (IgG). Sin embargo, los exámenes directos seriados en

sangre no mostraron formas parasitarias. El diagnóstico de enfermedad aguda de Chagas se confirmó mediante PCR de ADN satélite de *T. cruzi* y aislamiento de *T. cruzi* en dos de los tres pacientes. La genotipificación del parásito mostró la presencia del DTU I.

Conclusiones. La presencia de parasitemia corroborada por métodos moleculares y el aislamiento del parásito por hemocultivos, confirma la presencia de enfermedad aguda de Chagas, posiblemente por transmisión oral, así como la circulación *Tcl*. Es necesario introducir el diagnóstico diferencial de la enfermedad de Chagas para esta subregión en casos de fiebre prolongada y, especialmente, cuando se presentan en un brote epidemiológico.

..... X

D25 - Desempeño analítico de la PCR-gen miniexón para la identificación de especies de *Leishmania* a partir de muestras clínicas no invasivas

C. J. Villalba-Guerrero, A.C. González-Gómez, Clemencia Ovalle-Bracho

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

Antecedentes. La identificación de especies de *Leishmania* en pacientes con leishmaniasis cutánea es de gran valor en los casos causados por *Leishmania* (*V.*) *braziliensis*, especie principalmente asociada a leishmaniasis mucosa, falla terapéutica y portadora de *Leishmania* virus. La amplificación del gen miniexón permite la identificación de complejos de *Leishmania* que, seguida por la RFLP-Hae III, identifica *L. (V.) braziliensis*. Sin embargo, la aplicación de esta metodología a partir de muestras no invasivas no ha sido objeto de validación analítica, objetivo de este estudio.

Métodos. Se determinó: el límite de detección (sensibilidad analítica), la repetibilidad del ensayo realizada por dos analistas independientes, la especificidad analítica mediante la selectividad en muestras de pacientes positivas para el parásito, la inclusividad con las especies de *Leishmania* circulantes en Colombia y la exclusividad en microorganismos asociados a las úlceras de *Leishmania* y la microbiota de la piel. Así mismo, se evaluaron otras características de desempeño analítico, como exactitud, sensibilidad, especificidad, tasa de falsos positivos y tasa de falsos negativos.

Resultados. Se obtuvo un límite de detección de 0,5 ng/μl y un índice de kappa de 1 para el ensayo de repetibilidad. Por otra parte, la prueba solo amplificó la secuencia genómica de interés, no mostró reacción cruzada con ninguno de los microorganismos incluidos y amplificó en todas las especies de *Leishmania* evaluadas. Se obtuvo sensibilidad de 86,6 %, especificidad de 100 %, exactitud

de 93,3 %, tasa de falsos positivos de 0 y tasa de falsos negativos de 0,3.

Conclusiones. Las características de desempeño analítico obtenidas en la prueba permiten, de una parte, la identificación de complejos y la especie *L. (V.) braziliensis*, y de otra, proponer un estudio de validación diagnóstica a partir de muestras no invasivas para pacientes con sospecha clínica de leishmaniasis cutánea.

D26 - Caracterización genética de microfilarias circulantes en perros detectadas en Cali

Ángelo Rosero¹, Nathaly Espinosa¹, Claudia Lucía Villegas², Isabel Cristina García², Andrea Perea-Giraldo³, Leidy Lorena Díaz-Ordóñez³, Beatriz E. Ferro-R.³, Tania Cristina Gaviria¹, Luisa María Nieto-Ramírez¹

¹ Universidad Santiago de Cali, Cali, Colombia

² Laboratorio Clínico Veterinario Zoolavet, Cali, Colombia

³ Universidad Icesi, Cali, Colombia

Introducción. Desde el 2016, se ha registrado un súbito incremento de la microfilariasis canina en Cali. Estas microfilarias pueden ser transmitidas mediante vectores a otros animales domésticos y al humano. Los métodos convencionales de diagnóstico no permiten la identificación de especies infectivas, y la prueba inmunológica es la única capaz de identificar *Dirofilaria immitis*.

Nuestro objetivo fue determinar las especies de microfilarias presentes en perros diagnosticados en Cali.

Metodología. Se examinaron microscópicamente (tinción de Wright y microcapilar) en búsqueda de microfilarias, las muestras de sangre con EDTA de perros que acudieron al Laboratorio Veterinario Zoolavet entre 2018 y 2019.

En las muestras que resultaron positivas, se realizó la detección del antígeno de *D. immitis* y PCR 'pan-filaria' que amplifica la región ITS2 del ADN ribosómico. Posteriormente, se diseñó un estudio basado en el polimorfismo de los fragmentos de restricción (RFLP), para discriminar las tres especies de microfilarias más prevalentes a nivel mundial (*D. immitis*, *D. repens* y *Acantachelionema reconditum*). Algunos casos se confirmaron por secuenciación.

Resultados. Entre agosto de 2018 y agosto de 2019, se encontraron mediante microscopía 101 casos de microfilariasis. De estos, 81 se incluyeron en el estudio, de los cuales únicamente tres resultaron positivos para el antígeno de *D. immitis* (3,7 %). Los perros machos y los 'mestizos' fueron los más prevalentes entre los infestados (79 % y 58 %, respectivamente; n=81), seguidos de la raza Poodle (9,9 %); la mediana de edad fue de 5 años (rango intercuartil: 2 a 9 años). El 48,1 % de los 81 casos presentó anemia y el 40,7 % tenía pulgas, garrapatas o ambas. A la fecha, se han confirmado 43 casos por PCR, y el 44 % de estos (19/43) correspondieron a *A. reconditum*, según el análisis de RFLP,

y 11 fueron confirmados por secuenciación.

Conclusiones. Es la primera vez que se detecta esta elevada proporción de *A. reconditum* en Colombia. La significancia clínica y ambiental de la distribución de este parásito en el suroccidente colombiano está aún por determinarse.

..... X

D27 - Assessment of long-term follow-up patients with post-chikungunya chronic disease (pCHIK-CD) using the DAS-28 modified Clinical Disease Activity Index (CDAI), the Western Ontario and McMaster Universities Arthritis Index (WOMAC) and related validated scores: Preliminary results of a 4-year cohort in La Virginia, Risaralda, Colombia

Alfonso J. Rodríguez-Morales¹, Francisco Javier Arredondo¹, Brandon Steven Gómez¹, Daniella Ramírez¹, Marcelo Trujillo¹, Jaime A. Cardona-Ospina^{1,2,3}, Guillermo J. Lagos-Grisales^{1,3}

¹ Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

² Grupo de Investigación en Biomedicina, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

³ Grupo de Investigación en Enfermedades Infecciosas Emergentes y Medicina Tropical, Instituto para la Investigación en Ciencias Biomédicas, Pereira, Colombia

Introduction: Long-term chikungunya (CHIK) consequences and its chronic disease (pCHIK-CD) are not fully understood and embrace an increasing number of rheumatological and non-rheumatological effects, needing further characterization.

Methods: An 18 serologically diagnosed cases-cohort study in La Virginia, Risaralda, Colombia, followed-up by 4-years was carried out. Demographic and clinical characteristics were collected at baseline. Clinical Disease Activity Index (CDAI), the Western Ontario and McMaster Universities Arthritis Index (WOMAC), Visual Analogue Scale for pain (VAS) and Fatigue Intensity Score (FI), validated in Spanish and for Colombia, were applied to patients with pCHIK-CD (+) and without (-), classified according to WHO 2015 criteria. Score comparisons (Wilcoxon signed-rank test) significances were calculated using Stata IC 14.0™ licensed, p significant <0.05.

Results: We compared 9 patients with persistent rheumatological symptoms (pCHIK-CD+) and 9 without it (pCHIK-CD-). Median age was 37 years (RIQ: 25-40), 72% female, no significant differences between pCHIK-CD+ and pCHIK-CD-. At the DAS-28 we found that 89% of the pCHIK-CD+ patients have continuous/recurrent pain at the both index fingers proximal interphalangeal joints (IPJ), followed by the rest of fingers IPJ at 78%, 67% knees and wrists, among others. For inflammation, a similar pattern of 67%, 56%, 33% and 22%, respectively, was seen. At VAS,

22% had 100 points, 33% 80 points, 11% 60 points, among others. Patients with pCHIK-CD- have no pain/inflammation at joints. The median CDAl scores for patients with pCHIK-CD+ were 36 (RIQ 26-40) (100% high activity), versus 0 at those pCHIK-CD- ($p < 0.001$). FI median scores in pCHIK-CD+ were 62 (RIQ 46-63, max 63), versus 9 in pCHIK-CD- ($p < 0.001$). The WOMAC median standardized score in those pCHIK-CD+ was 6.98, compared to 0 in those pCHIK-CD- ($p < 0.001$).

Discussion: Findings have significant implications in areas affected by chikungunya epidemics, as well later endemic areas with chronic disease. There is globally a lack of previous studies about it.

..... ✕

D28 - Monitoreo de la fauna de flebotómicos de importancia médica en San Francisco (Antioquia) y Salamina (Caldas)

Manuela Velásquez¹, Eduar E. Bejarano², Carlos E. Muskus¹, Daniel R. Matute³, Rafael J. Vivero¹

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

² Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

³ Biology Department, University of North Carolina, Chapel Hill, NC, USA

Introducción. La leishmaniasis en Colombia es una enfermedad endémica, y Antioquia es uno de los departamentos con mayor número de casos, y también Caldas, en menor proporción, pero con gran expansión de la frontera agrícola que puede propiciar condiciones para el establecimiento de insectos vectores.

En estas regiones, se han registrado diferentes especies de flebotómicos. Sin embargo, es necesario la vigilancia constante de la riqueza de especies vectores y no vectores, para contribuir con la vigilancia epidemiológica de estas zonas de interés turístico, productivo y de conservación.

Metodología. Los muestreos se hicieron en la reserva natural Cañón del Río Claro, Antioquia, y en la vereda Buenos Aires, Salamina, Caldas. Para la captura de flebotómicos, se instalaron trampas CDC y Shannon, ubicadas estratégicamente durante tres días consecutivos, entre las 18:00 y las 6:00 horas. Para su identificación, se utilizaron las claves taxonómicas de Young y Duncan (1994) y las de Galati (2019).

Resultados. Se recolectaron 676 individuos, 362 en Río Claro y 314 en Salamina. Los resultados preliminares de la identificación taxonómica arrojan que la especie predominante en la reserva natural fue *Lutzomyia panamensis* (35,19 %), seguida de *Lu. yuilli yuilli* (34,63 %) y *Lu. micropyga* (12,29 %). Además, se resalta la presencia nuevamente de *Lu. caprina*, la cual no era reportada desde

1996. En Salamina, la especie que dominó fue *Lu. pia* (28 %), seguida de *Lu. colombiana* (26 %), *Lu. youngi* (22 %) y *Lu. nuneztovari* (9 %).

Conclusiones. En las dos localidades de estudio, se encontraron especies de importancia vectorial, como *Lu. panamensis*, *Lu. yuilli yuilli*, *Lu. harmanni* y *Lu. gomezi*; también, especies del grupo Verrucarum, tales como *Lu. pia*, *Lu. colombiana*, *Lu. youngi* y *Lu. nuneztovari*. Esto sugiere la importancia de continuar con las medidas de control y la vigilancia epidemiológica, sobre todo en estos lugares que son considerados sitios turísticos a nivel nacional.

..... ✕

D29 - Delimitación de especies dentro del género *Rhodnius*: ¿es *R. taquarussuensis* una nueva especie?

Juliana Damieli Nascimento¹, João Aristeu da Rosa², Fabián C. Salgado-Roa³, Carolina Hernández⁴, Carolina Pardo-Díaz³, Kaio César Chaboli-Alevi², Amanda Ravazi⁵, Jader de Oliveira², Maria Tercília Vilela de Azeredo Oliveira⁵, Camilo Salazar³, Juan David Ramírez⁴

¹ Instituto de Biología, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP, Brasil

² Laboratorio de Parasitología, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Farmacéuticas, Universidad Estadual Paulista "Julio de Mesquita Filho", Araraquara, SP, Brasil

³ Grupo de Genética Evolutiva, Filogeografía y Ecología de Biodiversidad Neotropical, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Grupo de Investigaciones Microbiológicas, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

⁵ Laboratorio de Biología Celular, Departamento de Biología, Instituto de Biociencias, Letras e Ciências Exactas, Universidad Estadual Paulista "Julio de Mesquita Filho", São Jose do Rio Preto, SP, Brasil

Introducción. En los estudios taxonómicos del género *Rhodnius*, se han descrito 21 especies y se evidencian incongruencias en su agrupación y delimitación. *Rhodnius taquarussuensis* es una nueva especie reportada utilizando características morfológicas y citogenéticas.

El objetivo de este estudio fue verificar la identidad de esta especie, mediante marcadores moleculares y cruces interespecíficos.

Métodos. Se realizaron cruces (interespecíficos o conespecíficos) entre *R. taquarussuensis* y *R. neglectus*, y se calculó el éxito de eclosión como medida de viabilidad del huevo. Se recolectaron 25 ejemplares de *R. taquarussuensis* en Taquarussu (Brasil), 25 *R. neglectus* en Formoso (Brasil) y 25 *R. prolixus* en Arauca (Colombia). Se secuenciaron cuatro marcadores nucleares (ZNF, URO, TOPO y PCB) y dos mitocondriales (CYTB y ND4). Se construyeron árboles de máxima verosimilitud (MV) y de inferencia bayesiana (IB). Se delimitaron especies con análisis PTP (*Poisson Tree Process*). Un análisis discriminante de componentes principales (DAPC) y redes de haplotipos fueron realizados. Se calcularon los

valores estadísticos: diversidad nucleotídica (π/θ), sitios segregadores, D de Tajima, D_{xy} y Da.

Resultados. Los cruces interespecíficos tuvieron éxito ($n=6$) y no se detectaron diferencias de tasas de eclosión entre estos y los conespecíficos. Las reconstrucciones filogenéticas (MV/IB) muestran a *R. taquarussuensis* como un grupo monofilético incluido dentro del clado de *R. neglectus*, este último separado de *R. prolixus*. Los haplotipos de *R. prolixus* presentaban 15 mutaciones que los diferencian de los de *R. taquarussuensis* y *R. neglectus*, mientras que estos últimos solo se diferencian por dos mutaciones. La delimitación evidenció dos especies, una corresponde al nodo de *R. prolixus* y la otra al de *R. neglectus*. Los valores estadísticos calculados evidencian una gran diferenciación genética de *R. prolixus* con respecto a *R. taquarussuensis* y *R. neglectus*, mientras que la diferenciación entre estas últimas es muy baja y no se evidencia en el DAPC.

Conclusión. *Rhodnius taquarussuensis* es una forma fenotípica de *R. neglectus*, mas no una especie, lo que resalta la necesidad de diferentes abordajes (morfológicos, citogenéticos, moleculares y biológicos) para delimitar especies de triatomíneos, lo cual es de importancia dado su rol como vectores de la enfermedad de Chagas.

..... ✕

D30 - Factores asociados a la malaria complicada en Apartadó, 2016

Ana María Carvajal-Díaz¹, Luz Yaned Úsuga², Ángela Segura-Cardona³, Piedad Agudelo-Flórez³, Margarita Arboleda²

¹ Universidad Cooperativa de Colombia, Medellín, Colombia

² Instituto Colombiano de Medicina Tropical (ICMT), Universidad CES, Medellín, Colombia

³ Universidad CES, Medellín, Colombia

Introducción. La malaria representa un problema de salud pública en la región de Urabá; se registraron 2.385 casos en 2016, lo que supone una tasa de 352,6 por 100.000 habitantes, tasa superior al promedio departamental; prevalecen los casos de malaria por *Plasmodium vivax* (51,6 %) sobre los casos por *P. falciparum* (47,3 %). A su vez, el 20,7 % de los casos de malaria complicada notificados en Antioquia (28/135) en este mismo año, fueron atendidos en Apartadó. Algunos factores de riesgo para la complicación son: los extremos de la vida, las comorbilidades, y el retraso en el acceso al diagnóstico y tratamiento.

Objetivos. Determinar los factores asociados a la malaria complicada en los pacientes atendidos en las instituciones de salud de Apartadó, durante el año 2016.

Métodos. Se trata de un estudio descriptivo con intención analítica y de corte transversal. Participaron 108 pacientes con malaria del municipio de Apartadó, durante 2016. Se recolectó información sobre variables clínicas y de

laboratorio; se practicaron pruebas hematológicas, y de función renal y hepática, lo mismo que exámenes para dengue, leptospirosis y fiebre tifoidea.

Resultados. De los 108 casos de malaria, 83 (79 %) lo fueron por *P. vivax* y 20 (19 %) por *P. falciparum*. El 37,04 % (40/108) de los pacientes presentó malaria complicada, y el compromiso hepático fue la alteración más frecuentemente encontrada (30 %). Dos pacientes pediátricos fallecieron, uno de los cuales tuvo un hemocultivo positivo para leptospirosis. Las variables clínicas y de laboratorio tuvieron una distribución similar entre los casos de malaria grave y los de malaria no complicada. Hubo una mayor frecuencia de casos de malaria complicada en menores de 15 años (55 % Vs. 35,3 %), lo mismo que en pacientes con otras infecciones (85 %). Se documentó leptospirosis en el 61,7 % de los casos con malaria complicada, siendo estas diferencias estadísticamente significativas.

Conclusiones. Más de una tercera parte (37,04 %) de los casos de malaria fueron graves, y los más comprometidos fueron los niños y las personas que tenían infecciones asociadas. En estos pacientes, las infecciones asociadas requieren una búsqueda rutinaria con exámenes dirigidos hacia otras infecciones endémicas de la región, lo mismo que su tratamiento respectivo en forma simultánea.

..... ✕

D31 - Perfil clínico y epidemiológico de la lepra en menores de 15 años de edad: casos notificados en el año de 2017 en el departamento de Maranhão, Brasil

Larissa Cristina Mendes-Serejo, Karen Johana Ortiz-Morea, Conceição de Maria Pedrozo e Silva De Azevedo

karenortizmorea95@gmail.com

Introducción. La lepra es una condición infecciosa que tiene como agente etiológico a *Mycobacterium leprae*, compromete la piel y el sistema nervioso periférico, después de 2 a 7 años de incubación, y es un grave problema de salud pública en el mundo y, principalmente, en Brasil.

Metodología. Se recolectó información sobre los casos nuevos de lepra en menores de 15 años de edad en el departamento de Maranhão, Brasil, en el 2017. Se usaron los datos registrados en el sistema de información de enfermedades de notificación, disponibles en el departamento de informática del sistema nacional de salud brasileño. Los datos fueron procesados y evaluados en el software Microsoft Excel 2016.

Resultados. Se notificaron 320 casos nuevos, 53 % (171) del sexo masculino, con 64 % (206) de incidencia en menores de 10 a 14 años, seguido de 33 % (106) en menores de 5 a 9 años. Del total de casos notificados, el 38 % (121) se hizo por consulta espontánea, el 34 % (110),

por referencia de hospitales rurales, y el 26 % (84), por exámenes colectivos y de contactos.

En relación con la clasificación operacional, el 64 % (204) eran multibacilares y el 36 % (116) eran paucibacilares. La forma clínica de mayor incidencia fue la dimorfa (53 %), seguida de la indeterminada (18 %), la tuberculoide (16 %), la virchowiana (7 %) y las no clasificadas o ignoradas (6 %). Los casos con afectación neural fueron ignorados en su mayoría (70 %), aun así, prevalecieron los que presentaban entre dos y cinco lesiones (25 %). Hubo reducción de 13 % de casos notificados con relación al 2015.

Conclusión. A pesar de haber una reducción de los casos en menores de 15 años de edad, Maranhão es uno de los departamentos con más incidencia de lepra en Brasil, lo cual muestra la necesidad de un mejor seguimiento y estrategias de adopción de métodos de prevención, así como lo recomienda la Organización Mundial de la Salud para combatir la enfermedad y sus complicaciones.

..... ✕

D32 - Aproximación a la diversidad viral en garrapatas del noroccidente de Colombia

Katterine Molina-Hoyos^{1*}; Luís Enrique Paternina², Alveiro Pérez-Doria², Francisco J. Díaz³, Juan D. Rodas¹

¹ Línea de Zoonosis Emergentes y Reemergentes, Grupo de Investigación en Ciencias Veterinarias, Centauro, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

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

* katterine.molina@udea.edu.co

Introducción. El estudio de virus transmitidos por garrapatas ha venido en aumento en los últimos años, debido a la importancia de estos artrópodos y al desconocimiento de los agentes zoonóticos asociados con ellos en Latinoamérica.

En este trabajo, se exploró la diversidad de virus de ARN presentes en garrapatas del noroccidente de Colombia, mediante secuenciación de nueva generación.

Metodología. Se empleó la secuenciación de ARN (RNA-Seq) en varios grupos (*ools*) de garrapatas en la plataforma NovaSeq™ de Illumina. Solo los *reads* con calidad por encima de 20 fueron seleccionados usando los *software* FastQC, MultiQC y Trimmomatic; estos *reads* fueron mapeados por homología viral con FastViromeExplorer. El mapeo de *reads* y los *contigs* ensamblados fueron visualizados con UGENE y probados en GenBank con la herramienta BLAST. Se construyeron árboles filogenéticos de máxima verosimilitud (ML) con el *software* IQ-Tree y, árboles bayesianos, con los *contigs* de mejor calidad

mediante el programa de búsqueda MrBayes.

Resultados. Se analizaron: un *pool* de tres hembras de *Amblyomma patinoi*, de Turbo (Antioquia), uno de dos hembras de *Rhipicephalus microplus*, de la Costa Caribe, y un tercero conformado por 10 machos de *A. cajennense* s.l, de Apartadó (Antioquia).

En el primer *pool*, la caracterización del metaviroma permitió detectar secuencias similares a las de los virus Guanarito (GTOV, género *Mammarenavirus*) segmento L (1094 nt) y Semliki Forest (SLFV, género *Alphavirus*) (2776 nt). En el segundo, se detectaron los segmentos L (6517 nt) y S (1777 nt) completos de un virus similar a Lihan Tick (LITV, género *Phlebovirus*) y un *contig* de 489 nt similar al virus de la diarrea viral bovina (BVDV, género *Pestivirus*). En el tercer *pool*, se obtuvieron dos *contigs* similares a GTOV segmento L (1094 nt y 181 nt), otro similar al BVDV (486 nt) y 2 *contigs* similares a SLFV (1739 nt y 2770 nt).

Conclusiones. El análisis metaviral nos permitió detectar agentes de los géneros *Mammarenavirus*, *Alphavirus*, *Phlebovirus* y *Pestivirus* en garrapatas colombianas. Se requieren estudios adicionales para establecer las áreas de endemicidad de estos virus y su eventual importancia epidemiológica en la salud pública o en la medicina veterinaria.

..... ✕

D33 - Flebotómíneos asociados a un foco de transmisión de leishmaniasis en la zona rural de la vereda El Alférez, Carmen de Bolívar

Yeisson Cera-Vallejo¹, Marlon Mauricio Ardila^{1,2}, Daisy Lozano-Arias³, Lina Marcela Martínez-Pérez⁴, Roberto García-Alzate¹, Alveiro Doria-Pérez⁴

¹ Ciencia, Educación y Tecnología, Universidad del Atlántico, Puerto Colombia, Colombia

² Grupo Interdisciplinario en Ciencias Marinas y Ambientales, Universidad del Atlántico, Puerto Colombia, Colombia

³ Facultad de Ciencias de la Salud, Fundación Universitaria San Martín, Puerto Colombia, Colombia

⁴ Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. Aunque la subregión de los Montes de María constituye uno de los principales macrofocos de leishmaniasis en Colombia, existen sitios donde se desconocen los vectores responsables de la transmisión.

En este estudio, se estimó la diversidad de flebotómíneos asociada a la transmisión de *Leishmania* spp. en la vereda El Alférez del municipio de Carmen de Bolívar.

Metodología. En una vivienda con presencia de casos autóctonos de leishmaniasis cutánea ubicada en zona rural de la vereda El Alférez, se instalaron tres trampas de luz emitida por diodos en el domicilio, el peridomicilio

y el extradomicilio, operadas entre las 18:00 y las 06:00 horas, entre junio de 2018 y junio de 2019. Las muestras recolectadas fueron identificadas taxonómicamente siguiendo la clave pictórica de Young y Duncan, 1994.

Resultados. A la fecha, se han identificado 630 individuos del género *Lutzomyia*, la especie más abundante fue *Lutzomyia evansi* (79 %), seguida de *L. gomezi* (15 %) y *L. panamensis* (5 %). Los géneros *L. trinidadensis* (0,29 %), *L. dubitans* (0,29 %), *L. aclydifera* (0,29 %) y *L. abonnenci* (0,14 %), presentaron una menor proporción.

Conclusiones. Aunque se desconoce el papel que desempeñan *L. evansi*, *L. gomezi* y *L. panamensis* en la epidemiología de la enfermedad, su presencia representa un riesgo potencial por sus antecedentes epidemiológicos. El hallazgo de *L. aclydifera* constituye el primer registro de esta especie en la región del Caribe colombiano.

..... X

D34 - Detección de transmisión vertical del virus del dengue en *Aedes aegypti* y *Aedes albopictus* en Medellín, Colombia

Guillermo L. Rúa-Urbe¹, Tatiana M. Giraldo-Jaramillo¹, Omar Triana², Raúl A. Rojo³, Enrique A. Henao³, Juliana Pérez-Pérez¹

¹ Grupo de Entomología Médica, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

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

³ Programa de Salud Ambiental, Secretaría de Salud de Medellín, Medellín, Colombia

Introducción. El dengue es la arbovirosis más importante en salud pública a nivel mundial. Este virus se transmite de forma horizontal mediante la picadura de mosquitos hembras de *Aedes* spp., que se infectan al ingerir sangre de una persona virémica. Sin embargo, son numerosos los estudios que identificaron la transmisión vertical como otro mecanismo de infección vectorial. Con el propósito de analizar la ocurrencia de transmisión vertical del virus dengue en mosquitos machos *Aedes* spp., se realizó esta investigación.

Métodos. Se llevó a cabo durante los levantamientos de índices entomológicos realizados por la Secretaría de Salud de Medellín en los años 2016 (epidémico) y 2017 (endémico). Para esto, se recolectaron mosquitos adultos en viviendas e instituciones educativas y de salud, entre otras ubicaciones. Los ejemplares se identificaron taxonómicamente y se conformaron *pools* de 1 a 10 mosquitos para la detección viral por RT-PCR. Los *pools* fueron agrupados por especie, sexo y locación.

Resultados. Se recolectaron 6.708 mosquitos, de los cuales, el 96 % correspondió a *Ae. aegypti* y, el 4%, a *Ae. albopictus*. De los 2.211 *pools* conformados, 294 resultaron positivos para el virus del dengue, y 50 de estos

correspondieron exclusivamente a machos de *Aedes* spp. Tanto durante el año epidémico como durante el endémico, se registró transmisión vertical, pero fue más frecuente en el 2016 (año epidémico). Se observó transmisión vertical en todos los sectores de la ciudad, sin un patrón definido.

Conclusiones. La presencia de machos *Aedes* spp. infectados naturalmente con el virus del dengue, sugiere que la transmisión vertical es un evento más frecuente de lo que se considera, y podría implicar una mayor relevancia epidemiológica. Por esto, es necesario realizar estudios adicionales para verificar la capacidad de infección del virus detectado en mosquitos machos y precisar el papel de la transmisión vertical en la incidencia de dengue.

..... X

D35 - Determinación de la competencia vectorial de *Stegomyia (Aedes) albopicta* S. (Diptera: Culicidae) ante la infección con los virus del dengue-2 y del Zika circulantes en Colombia

Carolina Ramos^{1,2}, Idalba Mildred Serrato², Paola Andrea Caicedo¹, Clara Ocampo³, Dioselina Peláez-Carvajal⁴, Martha Liliana Ahumada²

¹ Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Icesi, Cali, Colombia

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

³ Departamento de Biología y Control de Vectores, Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, ali, Colombia

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

Introducción. En Colombia, *Stegomyia aegypti* se considera un vector principal de los virus del dengue-2 y del Zika. Sin embargo, el ingreso y la dispersión de *St. albopicta* y sus antecedentes, hacen que se le considere vector secundario de estas arbovirosis en el país. Se evaluó la competencia vectorial de una cepa local de *St. albopicta* ante la infección con cepas de virus del dengue-2 y del Zika circulantes en Colombia, para confirmar su contribución en el mantenimiento de la transmisión.

El objetivo de este estudio fue evaluar la competencia vectorial de *Stegomyia albopicta* ante la infección con los virus del dengue-2 (DENV-2) y del Zika circulantes en Colombia.

Metodología. Utilizando ovitrampas en Cali, se recolectaron huevos de *St. albopicta* que fueron llevados al laboratorio para el establecimiento de la colonia. Mosquitos F1-F3 se alimentaron artificialmente con DENV-2 y Zika, procedentes del Meta. Después del período de incubación extrínseco, se disectaron los mosquitos conservando intestinos, patas y cabezas. Se detectó la presencia de los virus por RT-PCR, y se calcularon las tasas de infección, diseminación y transmisión.

Resultados. A partir de tres alimentaciones para cada virus, se obtuvieron 99 mosquitos sobrevivientes al

periodo de incubación extrínseca, 50 para DENV-2 y 49 para virus del Zika. Para DENV-2 las tasas de infección, diseminación y transmisión fueron 0,64, 0,40 y 0,10 y, para virus del Zika, fueron 0,63, 0,53 y 0,14, respectivamente.

Conclusiones. La cepa de *St. albopicta* procedente de Cali es susceptible ante la infección con cepas locales de los virus del dengue-2 y del Zika, lo cual indica que el vector puede estar involucrado en la transmisión de estos virus.

..... ✕

D36 - Caracterización de los genotipos A, B, C y D de *Trypanosoma rangeli* mediante PCR-RFLP del gen citocromo oxidasa II (COII)

Liliana López-Manjarrés, Julio C. Carranza, Gustavo A. Vallejo
Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

Antecedentes. En América, existen dos tripanosomas que infectan al hombre, *Trypanosoma cruzi*, agente etiológico de la enfermedad de Chagas, y *T. rangeli*, agente no patógeno para el humano. Estos presentan una variabilidad genética demostrada mediante diferentes marcadores moleculares. De *T. rangeli* se han descrito cinco genotipos (A-E). Por lo anterior, la correcta identificación de los genotipos de *T. rangeli* es importante en los estudios epidemiológicos.

Metodología. Se caracterizaron, previamente, 5 cepas de *T. rangeli* A, 1 cepa del genotipo B, 12 del genotipo C y una del genotipo D, las cuales hacen parte del cepario del Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical de la Universidad del Tolima, utilizando los iniciadores TraSL1 y TraSL2 del espaciador intergénico del gen miniexón. Se extrajo el ADN del gen citocromo oxidasa II (COII) y después se amplificó por PCR. Finalmente, este producto amplificado fue digerido con la enzima de restricción Alu I. Los fragmentos se visualizaron en un gel de poliacrilamida al 6 % coloreado con nitrato de plata.

Resultados. El fragmento amplificado de 400 pb del gen COII luego de la digestión con Alu I, generó fragmentos de restricción de ~125 pb y ~280 pb para los genotipos A y B. Por otra parte, el fragmento amplificado del gen COII de los doce aislamientos de *T. rangeli* C de *Rhodnius pallescens* y *R. colombiensis*, no presentaron corte de restricción para la enzima Alu I. Sin embargo, se observó variabilidad en el tamaño del producto de amplificación, lo cual indica diferencias moleculares que se explorarán próximamente mediante secuenciación. El COII del genotipo D tampoco presenta sitios de restricción para Alu I.

Conclusiones. Mediante el gen COII se diferencian los genotipos A y B de los genotipos C y D. Además, dentro del genotipo C, se observan diferencias en el tamaño de amplificación entre las cepas aisladas de *R. pallescens* y *R. colombiensis*.

D37 - Efecto de la temperatura sobre la conformación y el tamaño de las alas de *Nyssorhynchus triannulatus* (Diptera: Culicidae: Anophelinae)

Omar Alejandro Marín¹, Heiber Cárdenas-Henao², Ranulfo González-Obando²

¹ Programa de Postgrado en Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad del Valle, Santiago de Cali, Colombia

² Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad del Valle, Santiago de Cali, Colombia

Antecedentes. En Anophelinae, la morfometría geométrica es utilizada en la taxonomía de especies crípticas y en la diferenciación entre poblaciones. En este trabajo, se evaluó el efecto de la temperatura sobre la expresión de la forma de las alas de *Nyssorhynchus triannulatus*.

Métodos. Se analizaron utilizando morfometría geométrica, las alas de 145 progenies hembras y machos, procedentes de 11 isofamilias criadas en tres temperaturas (20, 24 y 28 °C). Se estimaron los aportes de los componentes ambiental (temperatura), genético (familias) y de interacción genotipo-ambiente, sobre la variabilidad en la forma del ala.

Resultados. El tamaño centroide y las varianzas fueron mayores en progenies hembras que en machos. Los factores de temperatura y familia no tuvieron un efecto significativo sobre la varianza fenotípica del tamaño del ala. Los tres primeros componentes principales Procrustes explicaron el 99,5 % y el 77,6 % de la varianza de la conformación del ala en hembras y machos, respectivamente. Los efectos de la temperatura y la procedencia sobre la conformación del ala, variaron según el componente y el sexo. La distancia de Mahalanobis convalidó el efecto de la temperatura sobre la conformación del ala. Las correlaciones significativas entre el tamaño centroide y las variables de conformación (*Partial Warps*) y gráficas creadas usando factores canónicos, mostraron un efecto alométrico residual significativo.

Conclusiones. El tamaño centroide promedio y las varianzas de las progenies hembras son mayores que las de machos, sin importar la temperatura de crianza. Los efectos de temperatura y procedencia (familia) sobre la conformación del ala derecha, variaron según el componente y el sexo. La distancia de Mahalanobis convalidó el efecto de la temperatura sobre la conformación del ala en *N. triannulatus*. Además, existe un efecto alométrico asociado con factores genéticos que afectan la conformación del ala.

..... ✕

D38 - Spatial distribution of dengue in Honduras during 2016-2019 using Geographic Information Systems (GIS) – Implications during epidemic for public health and travel medicine

Lysien I. Zambrano^{1,2,3}, Edith Rodríguez⁴, Iván Alfonso Espinoza-Salvado⁵, Itzel Carolina Fuentes-Barahona^{6,7}, Tales Lyra de Oliveira^{8,9}, Glaucia Luciano da Veiga¹⁰, José Cláudio da Silva^{11,12}, Jorge Alberto Valle-Reconco¹³, Alfonso J. Rodríguez-Morales^{3,14,15,16*}

¹ Departamento de Ciencias Morfológicas, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Tegucigalpa, Honduras

² División Cardiovascular, Departamento de Fisiología, Escola Paulista de Medicina, Universidade Federal de São Paulo, São Paulo, Brasil

³ Red Colombiana de Colaboración en Zika (RECOLZIKA), Pereira, Colombia

⁴ Unidad de Vigilancia de la Salud, Secretaría de Salud, Tegucigalpa, Honduras

⁵ Unidad de Investigación Científica, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Tegucigalpa, Honduras

⁶ Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Tegucigalpa, Honduras

⁷ Departamento de Ginecología y Obstetricia Hospital Escuela, Tegucigalpa, Honduras

⁸ Faculdade de Medicina, Universidade Municipal de São Caetano del Sur, São Paulo, Brasil

⁹ Unidade de Hipertensão, Instituto del Coração, Faculdade of Medicine, Universidad de São Paulo, São Paulo, Brasil

¹⁰ Departamento Análises Clínicas, Faculdade de Medicina do ABC, Santo André, Brasil

¹¹ Centro Universitário CESMAC, Maceió, Brazil

¹² Universidade Estadual de Ciências da Saúde de Alagoas, Maceió, Brazil.

¹³ Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Tegucigalpa, Honduras

¹⁴ Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

¹⁵ Asociación Panamericana de Infectología, Ciudad de Panamá, Panamá

¹⁶ Facultad de Ciencias Médicas, UniFranz, Cochabamba, Bolivia
* arodriguez@utp.edu.co

Background: After serious epidemics of chikungunya (CHIKV) and Zika (ZIKV) in the Americas, dengue (DENV) has reemerged in most countries. We analyzed the incidence, incidence rates, and evolution of DENV cases in Honduras from 2015 to 2018 and the ongoing 2019 epidemic.

Methods: Using epidemiological weeks surveillance data on the DENV in Honduras, we estimated incidence rates (cases/100,000 population), and developed maps at national, departmental, and municipal levels.

Results: From January 1st, 2016, to July 21st, 2019, 109,557 cases of DENV were reported, 28,603 in 2019, for an incidence rate of 312.32 cases/100,000 population this year; 0.13% laboratory-confirmed. The highest peak was reached on the 28th epidemiological week, 2019 (5,299 cases; 57.89 cases/100,000 population). The department with the highest number of cases and incidence rate was Cortés (8,404 cases, 479.68 cases/100,000 population in 2019).

Discussion: The pattern and evolution of DENV epidemic in 2019 in Honduras has been similar to that which occurred in 2015. As previously reported, this epidemic involved the north and central areas of the country predominantly, reaching municipality incidences there above 1,000 cases/100,000 population (1%). Studies using geographical information systems linked with clinical disease characteristics are necessary to attain accurate epidemiological data for public health systems. Such information is also useful for assessment of risk for travelers who visit specific areas in a destination country.

..... ✕

D40 - Distribución e infección natural de triatominos (Hemiptera: Reduviidae), potenciales vectores de *Trypanosoma cruzi* en el departamento de Boyacá, 2017-2018

Omar Cantillo-Barraza¹, Manuel Medina², Sara Zuluaga¹, Laura García¹, María Isabel Blanco², Sandra Suescún-Carrero², Mabel Medina², Samanta Xavier³, Omar Triana¹

¹ Grupo BCEI, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Grupo de Investigación del Laboratorio de Salud Pública de Boyacá, Tunja, Colombia

³ Laboratorio de Biología de Tripanosomatídeos, Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brasil

Introducción. El conocimiento de la distribución y la infección natural de los triatominos es clave para la planeación y ejecución de estrategias de control de la enfermedad de Chagas, especialmente, después de la interrupción de la transmisión de *Rhodnius prolixus*, en la cual el departamento de Boyacá aporta la mayor cantidad de municipios certificados en Colombia.

El presente trabajo tuvo como objetivo determinar la distribución y la infección natural de triatominos en las viviendas de 29 municipios del departamento de Boyacá, en los años 2017 y 2018.

Materiales y métodos. Los insectos fueron recolectados mediante dos metodologías: (i) búsqueda activa realizada por personal técnico de la Secretaría de Salud del departamento, y (ii) participación comunitaria. Los vectores se identificaron morfológicamente y se evaluaron mediante PCR para los marcadores de ADN satélite y miniexón.

Resultados. Se recolectaron 670 triatominos en los 29 municipios estudiados. Nueve de estos municipios se encuentran a alturas superiores a los 2.000 msnm. El 80 % de los insectos fueron recolectados en el interior de las viviendas. *Triatoma dimidata* fue la especie más frecuente (72,2 %; 484/670); estuvo presente en 12 municipios y la proporción de infección natural fue de 19,7 %. Le siguieron: *T. venosa* en 11 municipios con 2,65 % de infección natural; *P. geniculatus* en 10 municipios y 7,5 % de infección natural; *R.*

prolixus en cuatro municipios, en los cuales no se presentó infección, y *P. rufotuberculatus* en dos municipios, con 33,3 % de infección natural. En los insectos analizados, el único linaje encontrado fue *T. cruzi* DTU I.

Conclusiones. La distribución, la infección natural y la presencia en las viviendas, hacen de *T. dimidiata* la especie que mayor riesgo representa para la transmisión de la enfermedad de Chagas en esta zona del país. No obstante, *T. venosa*, *P. geniculatus* y *P. rufotuberculatus* también mantienen el riesgo de transmisión y debe hacerse una vigilancia continua de estos insectos.

..... X

D41 - Efecto de la temperatura sobre la reproducción de *Panstrongylus geniculatus* (Hemiptera: Reduviidae: Triatominae) bajo condiciones controladas de laboratorio

Ricardo José Vivas¹, Julio César Carranza¹, Jairo Alfonso Clavijo², Felipe Guhl³, Gustavo Adolfo Vallejo¹

¹Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical, Facultad de Ciencias, Departamento de Biología, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

²Departamento de Matemáticas y Estadística, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

³Centro de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Tropical, Universidad de los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Como consecuencia del cambio climático, se pronostica que la temperatura global podrá aumentar hasta 3 °C, lo que traerá cambios en la prevalencia y en la distribución geográfica de las enfermedades transmitidas por vectores. *Panstrongylus geniculatus* es un vector silvestre de la enfermedad de Chagas, ampliamente distribuido en Latinoamérica y, en Colombia, posee importantes prevalencias de *Trypanosoma cruzi*, hábitos intrusivos y capacidad para colonizar las viviendas humanas. El objetivo fue comparar el efecto de tres temperaturas (26, 28 y 30 °C) sobre la reproducción de *P. geniculatus* bajo condiciones controladas de laboratorio.

Metodología. Para cada temperatura, se tomaron 10 hembras y 10 machos vírgenes, y se registró el peso de cada hembra, antes y después de la alimentación, para conformar los apareamientos. El procedimiento se realizó durante tres ciclos reproductivos, entendiéndose como ciclo los 21 días posteriores a la alimentación. Se calculó la fecundidad (*e-value*) y la fertilidad (% de eclosión) de cada pareja durante los tres ciclos y se analizaron los resultados con la prueba de Kruskal-Wallis.

Resultados. El *e-value* como indicador de la fecundidad de las hembras (número de huevos) mostró que, en el primer ciclo reproductivo a 30 °C, las hembras produjeron menos huevos que a 26 °C y 28 °C. En el segundo y el tercer ciclo, no hubo diferencias significativas en la producción

de huevos a las tres temperaturas. La fertilidad expresada como el porcentaje de eclosión, fue significativamente menor a 30 °C (31,63 %), comparado con a 26 °C (75,27 %) y 28 °C (76,01 %) durante los tres ciclos reproductivos.

Conclusiones. El aumento de la temperatura (30 °C) influye negativamente sobre la fertilidad de los huevos de *P. geniculatus*. Se puede esperar que, con el cambio climático, la especie pueda sufrir un impacto negativo en su fertilidad, lo cual obligaría a adaptarse a las nuevas condiciones climáticas y cambiar su distribución geográfica altitudinal.

..... X

D42 - Evaluación de la prueba rápida CL Detect™ en cepas del subgénero *Leishmania* (*Viannia*)

J. Jojoa, O. L. Fernández, A. Cossio, N. G. Saravia

Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

Universidad Icesi, Cali, Colombia

Introducción. Las pruebas rápidas pueden mejorar el acceso al diagnóstico de la leishmaniasis cutánea en las zonas rurales. La prueba inmunocromatográfica CL Detect™ fue diseñada para su diagnóstico mediante la detección del antígeno peroxidoxina, con gran sensibilidad y especificidad (>90 %) para especies del Viejo Mundo. En un estudio piloto para el diagnóstico de la leishmaniasis cutánea en Colombia, se demostró baja sensibilidad (38,7 %) del CL Detect™.

Objetivo. Evaluar el nivel de detección de la prueba CL Detect™ relacionada con la densidad parasitaria y las subpoblaciones en cepas de *L. (V.) panamensis*, y además, buscar diferencias entre especies mediante el ARNm y la proteína blanco de la prueba.

Métodos. Se comparó el umbral de detección de cepas de distintos zimodemas, usando concentraciones de parásitos entre 10³ y 10⁵. Se evaluaron diez cepas clínicas pertenecientes a dos zimodemas. Se compararon *in silico* las secuencias del ARNm y la proteína blanco peroxidoxina, entre tres especies de *Leishmania* del Viejo Mundo y en dos del Nuevo Mundo reportadas en el GenBank.

Resultados. Se detectaron 10/10 cepas de *L. (V.) panamensis* entre concentraciones de parásitos de 2 x 10³ hasta 10⁵, y se observó un incremento de la intensidad de la banda a mayor concentración. La banda observada con 10³ parásitos fue muy tenue y no se detectó en dos de las cepas. Los parásitos de distintos zimodemas no mostraron diferencias en el umbral de detección o la intensidad de las bandas. Las secuencias analizadas entre las especies del subgénero *Leishmania* y *Viannia*, del ARNm y de la proteína blanco peroxidoxina fueron diferentes (porcentaje de identidad 84 % y 85 %, respectivamente).

Conclusiones. La detección de *L. (V.) panamensis* mediante CL Detect™ está directamente relacionada con la densidad parasitaria. Las secuencias de peroxidoxina pertenecientes al subgénero *L. (Viannia)* fueron diferentes comparadas con las del Viejo Mundo, lo cual contribuye, potencialmente, a la menor detección a bajas concentraciones para algunas cepas de este subgénero.

..... ✕

D43 - Efecto de la temperatura sobre la variación fenotípica de las manchas costales de *Nyssorhynchus triannulatus* (Diptera: Culicidae: Anophelinae)

Omar Alejandro Marín¹, Heiber Cárdenas Henao², Ranulfo González Obando²

¹ Programa de Postgrado en Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad del Valle, Santiago de Cali, Colombia

² Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad del Valle, Santiago de Cali, Colombia.

Introducción. En la identificación de las especies de Anophelinae, es común usar tasas de las alas y patas posteriores para relacionar los caracteres. En este trabajo, se analizó el efecto de la temperatura sobre la variación fenotípica del tamaño de alas, las manchas costales y la pata posterior, entre familias, progenies y sexos de *Nyssorhynchus triannulatus*.

Metodología. En una cámara ambiental Sanyo, a tres temperaturas (20, 24 y 28 °C), se criaron 145 progenies (95 hembras y 50 machos) de 11 isofamilias provenientes de hembras de Puerto Asís, Putumayo. Se midieron y analizaron las alas y patas posteriores de cada progenie, utilizando técnicas de morfometría tradicional.

Resultados. Se observaron cuatro patrones de manchas costales. El I fue el más frecuente y se registró en las tres temperaturas. Dentro de las familias, la relación promedio entre el largo y el ancho en las hembras fue significativamente mayor que en los machos, mientras que la varianza fue similar. Entre familias, el efecto de la temperatura fue variable, entre 68 % y 95 % de la longitud promedio de los caracteres mostraron diferencias significativas entre los sexos. Siete de 11 familias mostraron una longitud total promedio en las hembras significativamente mayor que en los machos, mientras que HP (0,909), PSD (0,727), SCP (0,818) y PP (0,636) registraron lo contrario. A excepción de SCP/DSD, no se detectó efecto significativo de la temperatura sobre la varianza fenotípica de la longitud del ala y las manchas.

Conclusiones. El dimorfismo sexual observado para la longitud del ala, manchas costales y PB/ta-III₂, está asociado a la procedencia de las progenies (familias). Consecuentemente, es significativo el aporte genético a la varianza fenotípica del tamaño del ala y la longitud de

los caracteres, mientras que el efecto de los sexos lo es para algunos caracteres. No se observaron interacciones significativas entre los componentes de temperatura, familia o sexo.

..... ✕

D44 - Incidence of babesiosis in dogs diagnosed in a veterinary clinic in Florencia, Caquetá, 2009-2019

Juan J. García-Bustos^{1,2}, D. Katterine Bonilla-Aldana^{3,4,5}, Janeth Lucía Santacruz-Barrera¹, Alfonso J. Rodríguez-Morales^{5*}

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Animales Macagual, Universidad de La Amazonia, Florencia, Colombia

² Grupo de Investigación en Patología e Inmunología – Doctorado en Medicina Tropical, Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

³ Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Fundación Universitaria de las Américas, Pereira, Colombia

⁴ Semillero de Zoonosis, Grupo de Investigación BIOECOS, Fundación Universitaria de las Américas, Pereira, Colombia

⁵ Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

* arodriguez@utp.edu.co

Introduction: Babesiosis is a tick-borne disease caused by species of the genus *Babesia*, affecting humans and animals, including dogs. This zoonotic disease is neglected in humans and dogs not under surveillance in Colombia and other countries.

Methods: We performed an observational retrospective study in a private veterinary clinic in Florencia, Caquetá department, Colombia, in a 10-year period (2009-2019-mid). Cases were diagnosed with the parasite detection using thin-blood smear microscopy (identification of intra-erythrocytic trophozoites) with a trained laboratory professional.

Results: During the study period, 94 dogs were diagnosed with babesiosis (1.2%). Most cases occurred in 2013, 20 (21.3%), for a median of 7 cases/year (IQR 4-12). From the total, 24.5% were mix breed, followed by 8.5% pit bull dog, 7.5% beagle, pug and schnauzer, among others. Sex, 50% male and 50% female. Mean age, 101.1 months-old (8.4 y-old) ± 43.1 months-old (3.6 years-old), with no significant differences by sex (p=0.3395). From the diagnosed cases, 9 of them died for a case fatality rate (CFR%) of 9.6%, most of them occurred in 2013 (3 of them).

Discussion: There is a lack of studies of canine babesiosis in Colombia, published in PubMed-indexed journals. A previous study in Colombia in Bogotá, Villavicencio and Bucaramanga in 91 dogs, 5 of them (5.5%) were PCR-positive for *Babesia*. But in that study, the final outcome of disease was not described. As seen in this study and in others, canine babesiosis can lead to fatal outcomes. In Spain a study found a CFR% of 22% in dogs diagnosed with *B. microti*-like infection. Babesiosis in dogs can

lead to cardiac and renal complications, among others. Additionally, there is a great concern of the risk of transmission to humans, as a zoonotic disease.

..... ✕

D46 - Diversidad y distribución espacial de la fauna Culicidae (Insecta: Diptera), en fragmentos de bosque seco tropical en Atlántico, Colombia

Paola Andrea Cervera-Marmolejo
Universidad del Atlántico, Barranquilla, Colombia

Antecedentes. La familia Culicidae es un grupo de insectos que tienen una gran importancia médica y veterinaria, debido a que son reservorios y vectores de enfermedades, las cuales se transmiten al ser humano y a los animales. Se consideran un problema de salud pública, debido a su implicación en la transmisión de agentes patógenos que producen enfermedades, las cuales se agrupan dentro de las enfermedades de transmisión por vectores.

Métodos. Se hicieron muestreos en seis fragmentos de bosque, utilizando cuatro trampas CDC y una trampa Shannon para la recolección de los individuos. En cada fragmento, se tomaron las variables ambientales de humedad y temperatura, y las coordenadas de geoposición. Se determinó la riqueza y la abundancia, por técnica de captura y por fragmento. La diversidad se calculó mediante la serie de números de Hill, y, la diversidad beta, con el análisis de Jaccard. Se construyó una curva de rango-abundancia para observar la dominancia de especies y, por último, se hizo el análisis de correlación de Spearman y se elaboraron mapas de distribución.

Resultados. Se capturaron 1.300 individuos pertenecientes a 8 géneros y 18 especies. Las especies más abundantes fueron *Mansonia humeralis* (49,6%), *Culex quinquefasciatus* (19,9 %) y *Aedeomyia squamipennis* (8,3 %). El fragmento con mayor abundancia fue Campeche con 497 individuos, seguido de Ponedera y Campo de la Cruz, con 427 y 226 individuos, respectivamente. Por otro lado, las correlaciones entre las variables ambientales de temperatura y humedad relativa con respecto a la abundancia y distribución de especie, nos indican que los fragmentos con mayores niveles de temperaturas presentan la mayor riqueza de Culicidae. Asimismo, los fragmentos con menor humedad relativa presentaron mayor abundancia.

Conclusiones. Con base en los resultados, se amplía el conocimiento ecológico de los mosquitos, y el número de géneros y especies reportados en el departamento. Además, se presenta información sobre la diversidad y la distribución geográfica de los mosquitos asociados con diferentes fragmentos del Atlántico.

..... ✕

D47 - Resistencia a los insecticidas lambdacialotrina y deltametrina en poblaciones de *Aedes aegypti* del departamento del Magdalena, Colombia

Suljey Cochero-Bustamante^{1,2}, Carlos Sermeño-Correa², Katiuska Ariza-Campo³, Alberto Bolaño-Ennis³, Manuel Olivares-Martínez⁴

¹ Doctorado en Medicina Tropical, Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia

² Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

³ Laboratorio de Salud Pública, Secretaría Seccional de Salud del Magdalena, Santa Marta, Colombia

⁴ Enfermedades de Transmisión por Vectores, Secretaría Seccional de Salud del Magdalena, Santa Marta, Colombia

Introducción. La presencia del mosquito *Aedes aegypti* ha facilitado por años la transmisión de virus de importancia médica en Colombia. El control químico contra el mosquito ha sido la estrategia más utilizada para la reducción de sus poblaciones. Sin embargo, el uso indiscriminado de insecticidas ha originado poblaciones de insectos resistentes, lo que puede disminuir la eficacia del control químico.

Metodología. Se hizo un muestreo de la población larvaria en 20 municipios del departamento del Magdalena durante tres años, 5 municipios en 2016, 7 en 2017 y 8 en 2018. Las larvas recolectadas en cada municipio fueron individualizadas y mantenidas en condiciones controladas de laboratorio para la obtención de la generación F1. Se hicieron bioensayos de sensibilidad a insecticidas con larvas y hembras adultas, mediante las metodologías estandarizadas de la Organización Mundial de la Salud (OMS) y de los *Centers for Disease Control and Prevention* (CDC). Se evaluó la reacción al larvicida temefós, y a los insecticidas malatión, metil-pirimifos, deltametrina y lambdacialotrina.

Resultados. Durante el 2016, las poblaciones de *A. aegypti* de cinco municipios fueron sensibles a todos los insecticidas evaluados. En el 2017, las poblaciones de los siete municipios evaluados fueron resistentes a lambdacialotrina, con un porcentaje de mortalidad al tiempo de diagnóstico entre 24 y 76 %. Sin embargo, en el 2018, tres poblaciones de ocho municipios evaluados fueron resistentes a deltametrina, con un porcentaje de mortalidad entre 31 y 34 %, y sensibles a lambdacialotrina. Todas las localidades fueron sensibles a los insecticidas malatión, pirimifos-metil y temefós.

Conclusión. Se evidencia la dinámica de la resistencia a los insecticidas de las poblaciones de *A. aegypti* del departamento del Magdalena, durante los años del 2016 al 2018. La resistencia encontrada a lambdacialotrina y deltametrina evidencia la necesidad de hacer la vigilancia de la sensibilidad a los insecticidas y establecer la tendencia de la resistencia en estas localidades, para orientar las intervenciones de control químico.

..... ✕

D48 - Desempeño analítico de la PCR-gen miniexón para la identificación de especies de *Leishmania* a partir de muestras clínicas no invasivas

C. J. Villalba-Guerrero, A. C. González-Gómez, Clemencia Ovalle-Bracho

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

Introducción. La identificación de especies de *Leishmania* en pacientes con leishmaniasis cutánea es de gran valor en los casos causados por *L. (V.) braziliensis*, especie principalmente asociada a leishmaniasis mucosa, falla terapéutica y portadora de leishmania virus.

La amplificación del gen miniexón permite la identificación de complejos de *Leishmania* que, seguida de RFLP-Hae III, identifica *L. (V.) braziliensis*. Sin embargo, el empleo de esta metodología a partir de muestras no invasivas no ha sido objeto de validación analítica, el cual fue el objetivo de este estudio.

Metodología. Se determinó el límite de detección (sensibilidad analítica), el cual fue de 0,5 ng/μl; asimismo, se determinó la repetibilidad del ensayo por dos analistas independientes, y se obtuvo un índice kappa de 1. Con el fin de evaluar la especificidad analítica, se determinó: 1) la selectividad en muestras positivas de pacientes para el parásito y la prueba solo amplificó la secuencia genómica de interés; 2) la exclusividad, la cual fue evaluada en microorganismos asociados a las úlceras de *Leishmania* y la microbiota de la piel; la prueba no mostró reacción cruzada con ninguno de los microorganismos incluidos; 3) la inclusividad se evaluó con las especies circulantes en Colombia y se obtuvo amplificación del gen en todas las especies.

Se evaluaron otras características de desempeño y se obtuvieron los siguientes resultados: exactitud, 93,3 %; sensibilidad, 86,6 %; especificidad, 100 %; tasa de falsos positivos, 0, y tasa de falsos negativos, 0,13. Las características de desempeño analítico obtenidas para la prueba permiten la identificación de complejos y la especie de *L. (V.) braziliensis*, y proponer un estudio de validación diagnóstica a partir de muestras no invasivas para pacientes con sospecha clínica de leishmaniasis cutánea.

..... ✕

D49 - Caracterización filogenética de una población del complejo *Lutzomyia longipalpis* (Diptera: Psychodidae) del departamento de Sucre, Colombia, mediante el gen mitocondrial citocromo b

Dina Guevara-Canole¹, Luis Romero-Ricardo^{1,2}, Eduar Bejarano-Martínez¹, Alveiro Pérez-Doria¹

¹ Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

² Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia

Introducción. *Lutzomyia longipalpis* es una de las especies de flebotómíneos con la más amplia distribución geográfica e importancia vectorial en América. Generalmente, se acepta que *Lu. longipalpis* conforma un complejo de especies, sin que se tenga certeza del número de taxones que lo integran. En el 2002, se registró por primera vez en la Costa Caribe, la presencia de flebotómíneos morfológicamente identificados como *Lu. longipalpis* en el municipio de Colosó, Sucre. Por esto, se propuso analizar la relación filogenética de esta población con otras poblaciones del neotrópico.

Metodología. Los flebotómíneos fueron capturados con trampas CDC entre enero y diciembre del año 2010 en la Estación Experimental de Fauna Silvestre de Colosó, Sucre. Para la caracterización filogenética, se extrajo el ADN genómico, seguida por la amplificación y secuenciación del gen mitocondrial citocromo b. Las secuencias obtenidas se analizaron en conjunto con secuencias homólogas de poblaciones del complejo *Lu. longipalpis* disponibles en bancos de datos moleculares.

Resultados. Se recolectaron 8.689 individuos del género *Lutzomyia*, de los cuales 23 fueron identificados como pertenecientes al complejo *Lu. longipalpis*. Morfológicamente, se caracterizaron por presentar cercos grandes y alargados, además de dientes cibariales pequeños. De los 23 especímenes procesados, se obtuvieron 21 secuencias nucleotídicas, las cuales, al compararse con otras poblaciones, presentaron valores de distancias genéticas comprendidos entre 0,031 y 0,123, que se encuentran dentro del rango de distancias interespecíficas observadas en flebotómíneos americanos.

Conclusión. Los flebotómíneos evaluados del municipio de Colosó conforman una población filogenéticamente diferenciada dentro del complejo *Lu. longipalpis*.

..... ✕

D50 - Caracterización epidemiológica de pacientes con malaria, notificados por un asegurador en salud en Colombia, 2016-2017

Carmen Laborde-Cárdenas, Estefanía Correa-Pérez, Leticia Cuadras-Arena, Kevin Aramendiz-Mestra, Paula Pareja-Loaiza, Ronald Maestre-Serrano

Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Simón Bolívar, Barranquilla, Colombia

Introducción. La malaria es un problema de salud pública para Colombia, con comportamiento endémico o epidémico y variación entre las diferentes áreas de transmisión.

Objetivo. Describir las características epidemiológicas de pacientes con malaria, notificados por un asegurador en salud en Colombia, durante los años 2016 y 2017.

Métodos. Se trata de un estudio descriptivo, en el que se revisó de forma retrospectiva la base de datos de todos los casos de malaria notificados por un asegurador en salud en Colombia, durante los años 2016 y 2017.

Resultados. Durante el periodo de observación, se notificaron 26.017 casos de malaria; el 50 % (13.014) eran hombres y el 50 % (13.003) eran mujeres. Los grupos etarios más afectados fueron los adultos jóvenes (26,37 %), escolares (15,04 %), preescolares (12,75 %) y adolescentes iniciales (12,18 %). La mayoría de los pacientes estudiados eran indígenas y mulatos, eran trabajadores no calificados, que residían y fueron notificados en el departamento del Chocó. En cuanto a las características clínicas y paraclínicas, se encontró que el 95,9 % de los pacientes eran sintomáticos, las especies parasitarias más frecuentemente reportadas fueron *Plasmodium falciparum* (58,86 %) y *P. vivax* (35,95 %) y, con menor frecuencia, *P. malariae* (0,06 %). Se registraron complicaciones en 410 pacientes, principalmente de tipo hematológico (56,3 %); sin embargo, también se registraron complicaciones cerebrales, renales, hepáticas y pulmonares. Durante los dos años, se observaron brotes epidémicos de la semana 6 a la 31; posteriormente, se observó un descenso en la notificación de casos.

Conclusión. La mayoría de los pacientes notificados por el asegurador objeto de estudio fueron del departamento de Chocó, con características epidemiológicas similares a las registradas por otros estudios en Colombia.

..... ✕

D51 - Ecoepidemiology of dengue in Caquetá, Colombia, 2007-2017

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Jorge Luis Bonilla-Aldana³, Daniel Mateo Varón-Suárez³, Marlon Mauricio Soto-Daza³, Sandra Milena Londoño-Páez³, Juan J. García-Bustos^{3,4}, Alfonso J. Rodríguez-Morales²

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Agropecuarias, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Grupo de Investigación en Ciencias Animales Macagual, Universidad de La Amazonia, Florencia, Colombia

⁴ Grupo de Investigación en Patología e Inmunología, Doctorado en Medicina Tropical, Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

Introduction: Dengue is still the most important arboviral disease globally. In certain areas of Colombia, its assessment, especially with ecoepidemiological tools and approaches would still be lacking, and this is the case of Caquetá, in the Amazon region of Colombia.

Objective: To estimate incidence rates of dengue in Caquetá, Colombia, 2007-2017, to develop geographical information systems (GIS) municipal maps, and to assess its relationship with ecosocial variables.

Methods: An observational study assessing the incidence of dengue (from the surveillance system SIVIGILA) in Caquetá, Colombia, 2007-2017 was carried out. Using municipal-population estimates, incidence rates were estimated (cases/pop.). GIS used Kosmo 3.0.

Results: 7,133 cases occurred (ranging, 267 [2007]–1659 [2012]), representing a cumulated rate of 1,552.4 cases/100,000 population (ranging, 62.0 [2007] – 361.1 [2012]). Municipalities with the highest case numbers were: Florencia, 2,223 (31.2%) (1,361.11 cases/100,000 pop.) (urbanization rate, 86.82%); San Vicente del Caguán, 2,116 (29.7%) (3285.26 cases/100,000 pop.) (poverty 78.96%), and Puerto Rico, 508 (7.1%) (1,536.27 cases/100,000 pop.) (only 64% sewerage). Albania had the highest cumulated incidence rate (4,887.92 cases/100,000 pop., 314 cases) (only 42% sewerage), followed by Curillo (3,447.08 cases/100,000 pop., 397 cases) (2° municipality in population density, 25.68 pop/km²). From the total, 4.02% of cases were severe (ranging, 1.1% [2005] - 12.4% [2009]) being highest in Puerto Rico (15.7%, 55.4% in 2007), followed by Cartagena del Chairá (12.7%), and Belén de los Andaquíes (7.5%). The case fatality rate (CFR%) was 0.22%, ranging from 0.00% to 0.77% (2010), being highest in Solano (1.05%), followed by Valparaíso (1.02%), and El Paujil (0.76%). Thirty-three GIS-based maps were developed (one/year/department/municipalities).

Conclusions: Colombia is facing a significant reemergence of dengue since 2018, reaching in 2019 an epidemic situation with over 57,000 cases (June 29), 292 in Caquetá. Caquetá is the department with the lowest proportion of severe dengue hospitalized cases (<40%). Given the increase in the incidence in this department, current analysis would be useful to guide decisions and orientations about epidemiological profiles of dengue, including the use of GIS-based maps.

..... ✕

D52 - Prominent intervillous fibrin deposition and associated central nervous system abnormalities during *in utero* Zika infection

Alfonso J. Rodríguez-Morales^{1*}, Yeimer Ortiz-Martínez^{2,3}, Carlos Fonseca³, Henry Ostos³, Fernando Bolaños³, Frank Barreiro³, Linda Esquivel³, Sandra López³, Wilmer E. Villamil-Gómez^{4,5}

¹ Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

² Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

³ Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo, Neiva, Colombia

⁴ Grupo de Investigación en Enfermedades Infecciosas y Control de la Infección, Hospital Universitario de Sincelejo, Sincelejo, Colombia

⁵ Programa del Doctorado de Medicina Tropical, SUE Caribe, Universidad del Atlántico, Barranquilla, Colombia

* arodriguez@utp.edu.co

Introduction: Despite epidemics of Zika virus (ZIKV) infection in Latin America and its impact with the congenital Zika syndrome (CZS), few pathological analyses were reported regarding the possible causes associated with such abnormalities, particularly in the central nervous system.

Objective: To describe a case report of CZS leading to a hypothesis on one potential cause of central nervous system associated abnormalities during *in utero* Zika infection.

Methods: A case report of CZS leading to a hypothesis on one potential cause of central nervous system associated abnormalities during *in utero* Zika infection.

Results: A 39-year-old pregnant woman, 28th. gestational week, was referred to us in Neiva due to ultrasound abnormalities, presenting rash, conjunctivitis and facial edema at the sixth week. STORCH was negative. Ultrasound showed intracranial calcifications, left ventricle ectasia, asymmetry and cortical parenchyma thinning (no microcephaly). Amniotic fluid was ZIKV-RT-PCR+. Pregnancy voluntary interruption was done. Necropsy findings: Female fetus (1,170 g), normal cranial, thoracic/abdominal circumferences; severe brain ventriculomegaly and generalized visceral congestion. Microscopy: Brain exhibited multiple cortical-subcortical microcalcifications with adjacent lymphoplasmacytic infiltrate and thymus, myocardium/lung and liver/spleen congestion. Placenta, umbilical cord and brain were positive at RT-PCR+ for ZIKV. Brain T- and B-lymphocyte immunohistomarkers (CD3 and CD79a) were positive at lymphoplasmacytic infiltrates throughout the cortex (meningoencephalitis). At placenta there was a prominent intervillous fibrin deposits.

Conclusions: Fibrin can interfere with villi perfusion (impairing oxygen delivery to the fetus) by blocking oxygen-bearing maternal blood flow through the intervillous space. As intervillous fibrin deposits, fibrin in the maternal circulation accrues onto and around villi, blocks oxygen diffusion across villous surfaces and causes villi ischemic necrosis. Increased perivillous fibrin may lead to poor obstetric outcomes, including intrauterine growth restriction, neurologic injury and cerebral palsy. This probably occurs in CZS cases as we have seen in ours.

..... X

D53 - Estimation of incidence rates of babesiosis in Colombia, 2009-2018

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Jaime A. Cardona-Ospina^{2,3}, Samuel E. Idárraga-Bedoya¹, Guillermo J. Lagos-Grisales², José Antonio Suárez⁴, Alfonso J. Rodríguez-Morales²

¹ Semillero de Zoonosis, Grupo de Investigación en BIOECOS, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, PereiraColombia

³ Grupo de Investigación Biomedicina, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

⁴ Departamento de Investigación Clínica, Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud, Ciudad de Panamá, Panamá

Introduction: Human babesiosis is a zoonotic tick-borne infection caused by *Babesia* parasites. Studies estimating its incidence lack in Latin America and especially in Colombia.

Methods: An observational retrospective study assessing the incidence of babesiosis (ICD-10 code B60.0) in Colombia, 2009-2018, was done based on data extracted from the personal health records system (*Registro Individual de Prestación de Servicios*, RIPS). Using official population estimates of national statistics (DANE), crude and adjusted incidence rates were estimated (cases/1'000,000 pop).

Results: During the period, 168 cases were reported (median, 18/year), for cumulated crude national rate of 3.54 cases/1,000,000 pop. The highest number of cases were reported in 2009 and 2014 (28 cases-each year). Cases were reported in 19/32 departments plus Bogotá, D.C. Córdoba and Antioquia reported 20 cases each one (11.96 and 3.15 cases/1,000,000 pop., respectively), followed by Bolívar and Nariño (17 each one, 8.24 and 9.92 cases/1,000,000 pop, respectively), Bogotá with 16, Santander with 14 and Magdalena with 10, among others. According to age, 31.1% occurred among <10 years-old (5.35 cases/1,000,000 pop), followed by 10-19 years-old (18.9%) and 20-29 years-old (19.6%); 50% of cases occurred in males, 45% affiliated to the health care system by subsidy. Only 2 cases (1.2%) were hospitalized. No deaths reported.

Discussion and conclusions: Babesiosis is not under surveillance in Colombia and is a malaria-like syndrome. Despite the limitations of this study, this is the first attempt to provide estimates of national incidence in the country, with consistent findings regard affected pediatric age-groups and geographical distribution. More studies, including GIS-based mapping are expected and deserved.

..... X

D54 - Frecuencia de coinfección de dengue y chikungunya en pacientes de Antioquia, Tolima y Meta, 2017-2018

Katerine Marín-Velásquez¹, Margarita Arboleda-Naranjo¹, Ana Luisa Muñoz-Ramírez², Berta Nelly Restrepo-Jaramillo¹

¹ Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Universidad CES, Medellín, Colombia

² Biología Celular y Funcional e Ingeniería de Biomoléculas, Universidad Antonio Nariño, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. El dengue y la fiebre chikungunya son infecciones causadas por arbovirus, es decir, requieren de un vector para su transmisión, en este caso, *Aedes*

aegypti. Estas infecciones se caracterizan por su presentación clínica similar y comúnmente pueden informarse de forma concurrente, debido a diferentes factores sociales, biológicos, ecológicos y económicos, que favorecen la sinergia epidemiológica. La evaluación de las implicaciones de la coinfección en salud pública requiere comprender cómo estas afectan la enfermedad clínica en humanos. Actualmente, poco se sabe sobre la ocurrencia y las consecuencias de estas dos infecciones en la población colombiana.

Metodología. Se realizó un estudio descriptivo, retrospectivo de corte. La población de estudio estuvo conformada por 96 pacientes procedentes de los municipios de Medellín, Apartadó, Ibagué y Villavicencio, con diagnóstico confirmado por laboratorio de virus chikungunya o del dengue. La información se analizó mediante el paquete estadístico SPSS™, versión 22.

Resultados. Se obtuvo una frecuencia de coinfección de dengue y chikungunya del 19,8 % (19/96). En los pacientes con coinfección, las manifestaciones gastrointestinales fueron las más frecuentes (84,2 %), seguidas de las dermatológicas (63,2 %). Hubo manifestaciones hemorrágicas en el 36,8 %. En los pacientes con coinfección, se encontró incremento de la proteína C reactiva y mayor frecuencia de trombocitopenia y leucopenia, con diferencias significativas.

Conclusiones. Se evidencian falencias del sistema de salud en cuanto a la contingencia de vectores, que implican un grave problema en el área de salud pública. Los pacientes con las dos infecciones presentan una agudización de los síntomas. La coinfección por dengue se ve obstaculizada por el diagnóstico actual, en gran parte basado en sus síntomas similares. Por tal razón, sería importante incluir, en el protocolo de vigilancia epidemiológica, la búsqueda de coinfecciones, con el fin de brindar un tratamiento efectivo y rápido a los pacientes.

..... ✕

D55 - Epidemiology of dengue in Yopal, Casanare, Colombia, 2014-2019

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Jorge Luis Bonilla-Aldana³, Daniel Mateo Varón-Suárez³, Marlon Mauricio Soto-Daza³, Sandra Milena Londoño-Páez³, Daniela Juliana Toro-Gómez³, Juan J. García-Bustos^{3,4}, Alfonso J. Rodríguez-Morales²

¹Semillero de Investigación en Zoonosis, Grupo de Investigación BIOECOS, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

²Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³Grupo de Investigación en Ciencias Animales Macagual, Universidad de La Amazonia, Florencia, Colombia

⁴Grupo de Investigación en Patología e Inmunología, Doctorado en Medicina Tropical, Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

Introduction: Dengue is still the most important arboviral disease globally. In certain areas of Colombia, its assessment, especially with ecoepidemiological tools and approaches, would be still lacking, and this is the case of Yopal city, Casanare department, in the Orinoquia region of Colombia.

Objective: To calculate incidence rates of dengue in Yopal, Colombia, 2014-2019, we propose to develop a geographical information systems city maps, and to assess its relationship with ecosocial variables.

Methods: An observational study assessing the incidence of dengue (from the surveillance system SIVIGILA) in Yopal, Casanare, Colombia, 2014-2019 (EW29) was carried out. Using municipal-population estimates, incidence rates were estimated (cases/pop.). GIS used Kosmo 3.0.

Results: A total of 5,018 cases occurred (ranging, 215 [2017] – 1,388 [2019]), representing a cumulated of 3,470.7 cases/100,000 population (ranging, 147.1 [2017] –909.2 [2019]). From the total, 420 were laboratory-confirmed cases (8.37%, 290.49 cases/100,000 pop.). Median age of patients was 18 yeras (RIQ: 8-33), 10% were ≤3.0 years old, 51.3% male, 48.7% female, 55.3% contributive social security, 35.95% subsidized, 27.11% at the Hospital de Yopal, 17.76% were attended at Sociedad Clínica Casanare, and 16.74% at Hospital Regional de La Orinoquia at Horo. From the total, 0.87% were severe dengue and 0.08% died (CFR%). Six GIS-city maps were developed. From 2014-2017, 5,580 cases were reported in Casanare, 0.89% severe, and 5 died (0.089%, CFR%). From 19 municipalities, 17 reported dengue cases, except those at altitudes equal to or higher than 1,200 masl, Sácama and La Salina. Also 12 municipal maps of Casanare for dengue, severe dengue and deaths were developed.

Conclusions: Colombia is facing a significant reemergence of dengue since 2018, reaching in 2019 an epidemic situation with over 65,000 cases (July 13), 3,653 in Casanare, with 38% from Yopal, which is the 4th. municipality in Colombia in dengue cases. Given the increase in the incidence in this municipality, current analysis would be useful to guide decisions and orientations about epidemiological profiles of dengue, including the use of GIS-based maps.

..... ✕

D56 - Epidemiology of chikungunya in Yopal, Casanare, Colombia, 2014-2019

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Jorge Luis Bonilla-Aldana³, Daniel Mateo Varón-Suárez³, Marlon Mauricio Soto-Daza³, Sandra Milena Londoño-Páez³, Daniela Juliana Toro-Gómez³, Juan J. García-Bustos^{3,4}, Alfonso J. Rodríguez-Morales²

¹Semillero de Investigación en Zoonosis, Grupo de Investigación BIOECOS, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Grupo de Investigación en Ciencias Animales Macagual, Universidad de La Amazonia, Florencia, Colombia

⁴ Grupo de Investigación en Patología e Inmunología, Doctorado en Medicina Tropical, Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

Introduction: Chikungunya (CHIKV) is an emerging arboviral disease. In certain areas of Colombia, its assessment, especially with ecoepidemiological tools and approaches, would be still lacking, and is the case of Yopal, Casanare, in the Orinoquia region of Colombia.

Objective: To estimate incidence rates of CHIKV in Yopal, Colombia, 2014-2019, develop geographical information systems (GIS)-city maps, and assess its relationship with ecosocial variables.

Methods: Observational study assessing the incidence of CHIKV (from the surveillance system SIVIGILA) in Yopal, Casanare, Colombia, 2014-2019 (EW29). Using municipal-population estimates, incidence rates were estimated (cases/pop.). GIS used Kosmo-3.0.

Results: A total of 774 cases occurred (ranging, 6 [2019] – 625 [2015]), representing a cumulated of 535.5 cases/100,000 population (ranging, 3.9 [2019] – 447.3 [2015]). From the total, 6.6% were laboratory-confirmed cases (34.6 cases/100,000 pop.). Median age of patients was 27 years (RIQ, 15-42), 10% were ≤1.0 years-old, 67.4% female, 32.56% male, 58.04% contributive social security, 37.52% subsidized, 15.84% were hospitalized, 35.07% at the Hospital de Yopal. From 2014-2017, 2,639 cases were reported in Casanare (733.91 cases/100,000 pop.). From 19 municipalities, 18 reported CHIKV cases, except La Salina, at 1,400 masl. Also, four municipal maps of Casanare for CHIKV were developed.

Conclusions: Although the epidemic of CHIKV affected significantly Colombia, multiple clinical and epidemiological studies in certain areas are still lacking, especially considering not only the acute cases, as reported herein, but also considering the long-term consequences such as the post-CHIKV chronic disease (pCHIK-CD), that would affect ~50% of the infected patients, then, more than 1,000 patients would be with pCHIK-CD in Casanare, as has been demonstrated in Risaralda, Tolima, Sucre, Bolívar and Atlántico. Given the occurrence of CHIKV in this municipality and the potential future risk for other alphavirus outbreaks, due to Mayaro (MAYV), current analysis would be useful to guide decisions and orientations about epidemiological profiles of alphavirus disease, including the use of GIS-based maps.

D57 - Epidemiology of Zika in Yopal, Casanare, Colombia, 2015-2018

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Jorge Luis Bonilla-Aldana³, Daniel Mateo Varón-Suárez³, Marlon Mauricio Soto-Daza³, Sandra Milena Londoño-Páez³, Daniela Juliana Toro-Gómez³, Juan J. García-Bustos^{3,4}, Alfonso J. Rodríguez-Morales²

¹ Semillero de Investigación en Zoonosis, Grupo de Investigación BIOECOS, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Grupo de Investigación en Ciencias Animales Macagual, Universidad de La Amazonia, Florencia, Colombia

⁴ Grupo de Investigación en Patología e Inmunología, Doctorado en Medicina Tropical, Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

Introduction: Zika (ZIKV) is an emerging arboviral disease. In certain areas of Colombia, its assessment, especially with ecoepidemiological tools and approaches, would be still lacking, and is the case of Yopal, Casanare, in the Orinoquia region of Colombia.

Objective: To estimate incidence rates of ZIKV in Yopal, Colombia, 2014-2018, to develop geographical information systems (GIS)-city maps, and to assess its relationship with ecosocial variables.

Methods: An observational study assessing the incidence of ZIKV (from the surveillance system SIVIGILA) in Yopal, Casanare, Colombia, 2014-2018 was carried out. Using municipal-population estimates, incidence rates were estimated (cases/pop.). GIS used Kosmo 3.0.

Results: A total of 2,101 cases occurred (ranging, 11 [2015] – 2046 [2016]), representing a cumulated of 1,453.1 cases/100,000 population (ranging, 7.4 [2018] – 1430.9 [2016]). From the total, 4.1% were laboratory-confirmed cases (60.17 cases/100,000 pop.). Median age of patients was 28 years (RIQ, 20-37), 10% were ≤6.0 years, 63.73% female, 36.27% male, 74.06% contributive social security, 18.9% subsidized, 6.2% were hospitalized, 37.88% were attended at the Corporación IPS Llanos Orientales. One case was fatal (0.05%, CFR%). From 2015-2016, 3,962 cases were reported in Casanare (1092.37 cases/100,000 pop.), 7.95% laboratory-confirmed, 12.34% in pregnant women. From 19 municipalities, 16 reported ZIKV cases, except Recetor (971 masl), Sácama (1,247 masl) and La Salina (1,400 masl). Also, three municipal maps of Casanare for ZIKV were developed.

Conclusions: Although the epidemic of ZIKV affected significantly Colombia, multiple clinical and epidemiological studies in certain areas are still lacking, especially considering the need for long-term neurological assessment of all children born from ZIKV-infected women, regardless the diagnosis of congenital ZIKV syndrome. Given the occurrence of ZIKV in this municipality and the potential future risk for other flavivirus outbreaks, including

the reemergence and current epidemic of dengue, current analysis would be useful to guide decisions and orientations about epidemiological profiles of alphavirus disease, including the use of GIS-based maps.

..... ✕

D58 - Nuevos registros de especies de flebotómíneos en los departamentos de Bolívar y Tolima, Colombia

Lina Martínez-Pérez¹, Luis Romero-Ricardo^{1,2}, Eduar Elías Bejarano¹

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

² Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia

Introducción. Algunas especies de flebotómíneos del género *Lutzomyia* son reconocidas como vectores de *Leishmania* spp. En Colombia, están registradas 166 especies de flebotómíneos, 155 de las cuales pertenecen al género *Lutzomyia*, 8 al género *Brumptomyia* y 3 al género *Warileya*.

En este trabajo, se presentan los primeros registros de cinco especies de *Lutzomyia* para dos departamentos colombianos.

Metodología. Se desarrollaron muestreos puntuales de flebotómíneos en los departamentos de Bolívar y Tolima. Los métodos de captura utilizados fueron trampas de luz LED de tipo CDC y búsqueda activa con aspiradores bucales en sitios de reposo. Los flebotómíneos fueron identificados mediante claves taxonómicas estándar.

Resultados. En total, se identificaron 651 ejemplares de 15 especies de *Lutzomyia* en el departamento de Bolívar, las cuales fueron *Lu. ayrozai*, *Lu. barretoii majucula*, *Lu. dubitans*, *Lu. evansi*, *Lu. gomezi*, *Lu. helcocirtomyia hartmani*, *Lu. micropyga*, *Lu. panamensis*, *Lu. pilosa*, *Lu. shannoni*, *Lu. sordelli*, *Lu. trapidoi*, *Lu. trinidadensis*, *Lu. triramula* y *Lu. yuilli yuilli*. Por otro lado, en el departamento de Tolima se identificaron 37 ejemplares de 9 especies, correspondientes a *Lu. longiflocosa*, *Lu. andina*, *Lu. dysponeta*, *Lu. dubitans*, *Lu. micropyga*, *Lu. cayennensis*, *Lu. longipalpis*, *Lu. gomezi* y *Lu. carpenteri*.

Conclusión. Se registraron por primera vez *Lu. trapidoi*, *Lu. triramula*, *Lu. ayrozai* y *Lu. sordellii* en Bolívar, y *Lu. andina* en Tolima, lo que constituye, a su vez, el único hallazgo de esta última especie en un departamento distinto al de su localidad tipo.

..... ✕

D59 - Tipificación de *Leishmania (Viannia)* por secuenciación del gen *hsp70* a partir de muestras provenientes de áreas endémicas de transmisión

Juliana Hoyos³, Mariana Rosales-Chilama^{1,2}, Cielo León³, Camila González³, María Adelaida Gómez^{1,2}

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

² Universidad Icesi, Cali, Colombia

³ Centro de Investigación en Microbiología Tropical y Parasitología, Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. En Colombia, la leishmaniasis es causada por, al menos, nueve especies de *Leishmania*. Uno de los retos para el diagnóstico y los estudios epidemiológicos es la discriminación de las especies pertenecientes al subgénero *Viannia*.

El objetivo de este trabajo fue evaluar la utilidad del *hsp70* en la tipificación de especies de *Leishmania (Viannia)* provenientes de diferentes tipos de muestra en Colombia.

Métodos. Se analizaron siete cepas de referencia, 30 aislamientos clínicos y 12 *pools* de insectos vectores, provenientes de diferentes zonas endémicas de transmisión en los departamentos de Valle, Nariño, Risaralda, Tolima y Cundinamarca. La búsqueda de infección natural en insectos vectores se hizo mediante detección de kADN, usando una prueba de PCR anidada. Para la tipificación de las especies de *Leishmania*, se amplificó y secuenció el fragmento de ADN *hsp70* de 1.286 pb, siguiendo el algoritmo de PCR reportado por van der Auwera (2012). Las secuencias consenso fueron editadas y generadas con el programa Geneious Prime. Las secuencias de nucleótidos obtenidas fueron alineadas junto a un grupo de 203 secuencias de referencia, usando MUSCLE en MEGA X 10.1, y los análisis filogenéticos se realizaron con CIPRES Science Gateway.

Resultados. Las secuencias del gen *hsp70* obtenidas a partir de cepas de referencia se agruparon de manera coherente con los conglomerados previamente definidos según la proximidad filogenética. Las cepas clínicas, previamente tipificadas por anticuerpos monoclonales, formaron conglomerados específicos concordantes con los resultados de tipificación por inmunorreacción. La inclusión de estas nuevas secuencias de *hsp70* de aislamientos clínicos de *L. (V.) panamensis* y *L. (V.) guyanensis* permitió aumentar la solidez del panel de secuencias de referencia para tipificación de *L. (Viannia)*. Cuatro *pools* positivos para kADN fueron positivos también para *hsp70*.

Conclusiones. La evidencia derivada de nuestro trabajo corrobora la utilidad de este marcador bialélico como un método de discriminación específico e intraespecífico.

..... ✕

D60 - Baja concordancia entre microscopía y PCR para el diagnóstico de malaria mixta en Quibdó, Chocó, 2018-2019

Alexandra Ríos, Verónica Sierra, Andrés Holguín-Rocha, Lina Zuluaga-Idárraga, Tatiana Lopera

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

Introducción. La microscopía tiene limitaciones para la detección de las infecciones mixtas por *Plasmodium*, debido a que los criterios establecidos no están validados. Por otra parte, usualmente una especie del parásito predomina y no se logra detectar la especie presente en menor densidad. Estas limitaciones tienen repercusiones para el tratamiento y el control de la malaria.

El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de infecciones mixtas (*Plasmodium falciparum* y *P. vivax*) en Quibdó, Chocó, y evaluar la concordancia entre los métodos microscópico y molecular para el diagnóstico de estas infecciones.

Métodos. Se llevó a cabo un estudio transversal en individuos febriles que consultaron por sospecha de malaria, entre marzo de 2018 y mayo de 2019. Se hizo el diagnóstico microscópico mediante gota gruesa y extendido delgado, siguiendo los criterios de la Organización Mundial de la Salud (OMS) y, el diagnóstico molecular, por RT-PCR.

Resultados preliminares. La frecuencia de infección mixta fue 1,13 % (24/2, 117) por microscopía y 2,17 % (46/2, 117) por PCR. La concordancia entre ambas técnicas fue débil, con un índice kappa de 0,27 (IC_{95%} 0,14-0,41). Con la microscopía se dejó de detectar el 78 % de las infecciones mixtas identificadas por PCR; de estas, solo una (2,7 %; 1/36) fue negativa (infección submicroscópica), 38,9 % (14/36) fueron por *P. vivax* y 58,3 % (21/36) por *P. falciparum*. De las 14 muestras clasificadas como mixtas, solo por la microscopía, 85,7 % (12/14) fueron por *P. vivax* y 14,3 % (2/14) por *P. falciparum*.

Conclusión. Bajo los criterios establecidos por la OMS, con la microscopía se detecta menos del 50 % de las infecciones mixtas, en comparación con la PCR. Esto podría deberse a limitaciones propias de la técnica para discriminar adecuadamente las diferentes especies. Aunque la frecuencia de infección mixta en Colombia es baja (cerca del 2 %), se deben revisar los criterios para diagnosticar microscópicamente este tipo de infecciones, con el fin de evitar tratamientos inadecuados, complicaciones y recurrencias.

D61 - Vigilancia de *Aedes aegypti* con trampas CDC AGO en el departamento del Cauca, Colombia

C. A. Morales¹, A. H. Piamba², V. E. Eljach¹, P. Fuya³

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

² Área de Salud Ambiental, Programa de Enfermedades Transmitidas por Vectores, Secretaría de Salud del Cauca, Popayán, Colombia

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

Antecedentes. La vigilancia entomológica mediante índices cualitativos no es una herramienta confiable para estimar los cambios de las densidades de los vectores a lo largo del tiempo. Las trampas CDC AGO permiten identificar sitios de mayor densidad y la relación con condiciones ambientales.

Métodos. De octubre de 2017 a octubre de 2018, se instalaron 34 trampas en cinco barrios del corregimiento del Ortigal, con vigilancia semanal de la presencia de *Ae. aegypti*. En cada manzana se colocó una trampa, se contó el número de hembras capturadas y la información se cargó en un aplicativo en tiempo real, desarrollado por el Instituto Nacional de Salud. Se obtuvieron datos sobre la precipitación mensual de la estación climatológica de Cenicafña.

Resultados. Durante los doce meses de muestreo, se recolectaron 3.365 hembras de *Ae. aegypti*. Se encontraron diferencias en las densidades de insectos tanto en el tiempo (época del año) como en el espacio (manzana). La mayor densidad de hembras se presentó en los períodos secos (68 % del total de hembras recolectadas en los 12 meses), que correspondieron a los meses de diciembre a febrero (25 %) y junio a septiembre (43 %). Se observó que la densidad de los insectos también presentó variación entre las diferentes manzanas, densidad que fluctuó entre el 20 y el 60 % de las capturas totales. De acuerdo con el índice de densidad de adultos, se observaron cuatro barrios con un número mayor de tres hembras por trampas por semana.

Conclusiones. Existen fluctuaciones en las densidades de hembras de *Ae. aegypti* a lo largo del año y se alcanzan los mayores valores en la época de verano. Por otra parte, existen diferencias en las densidades de hembras dentro de los barrios estudiados. El análisis de los datos corrobora la importancia de focalizar las áreas de riesgo, para priorizar las áreas donde se deben efectuar intervenciones de control vectorial.

Proyecto financiado por los *Centers for Disease Control and Prevention (CDC)*, *Training Programs in Epidemiology and Public Health (Tephinet)*, y ejecutado por el Instituto Nacional de Salud y la Secretaría de Salud del Cauca

D62 - Geographical trends of chikungunya and Zika in the Colombian Amazonic Gate Department, Caquetá, 2015-2018

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2,3}, Jorge Luis Bonilla-Aldana⁴, Juan J. García-Bustos^{4,5}, Carlos O. Lozada^{3,6}, Alfonso J. Rodríguez-Morales^{3,7,8*}

¹ Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Fundación Universitaria de Las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo de Investigación en Ciencias Agropecuarias, Fundación Universitaria de las Américas, Pereira, Colombia

³ Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

⁴ Grupo de Investigación en Ciencias Animales Macagual, Universidad de La Amazonia, Florencia, Colombia

⁵ Grupo de Investigación en Patología e Inmunología, Doctorado en Medicina Tropical, Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

⁶ Sistema de Información Regional, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

⁷ Asociación Panamericana de Infectología, Ciudad de Panamá, Panamá

⁸ Facultad de Ciencias Médicas, UniFranz, Cochabamba, Bolivia
* arodriguez@utp.edu.co

Introduction: Chikungunya (CHIKV) and Zika (ZIKV) have significantly affected Latin America in 2015-2017. Most studies were reported from urban areas of Brazil and Colombia. Incidence, incidence rates and evolution of cases in Caquetá, the Amazonic Gate of Colombia, from 2015-2018, were analyzed.

Objective: To assess the incidence of CHIK and ZIKV in Caquetá, Colombia, 2015-2017, and to develop geographical information systems (GIS)-based municipal maps of both arboviral diseases.

Methods: Using surveillance data of CHIKV and ZIKV in Caquetá, Colombia, incidence rates were estimated (cases/100,000 population). Sixteen GIS-based municipal maps were developed. GIS software used was Kosmo 3.0.

Results: From January 1st, 2015 to November 24th, 2018, 825 cases of CHIKV and 1079 of ZIKV were reported, for cumulated incidence rates of 169.42 and 221.59 cases/100,000 pop. In 2016 occurred 48.7% of the CHIKV cases and 96.6% of the ZIKV cases. The highest number of both arboviral diseases occurred at Florencia (capital department city), 225 cases for CHIKV and 611 for ZIKV.

Discussion: The infection and evolution of CHIKV and ZIKV infections in Caquetá showed a pattern of concurrent epidemics. In 2016, the CHIKV epidemics still continued whilst ZIKV epidemic begun. Studies using GIS linked with clinical disease characteristics are necessary to attain accurate epidemiological data for public health. That is also useful for assessment of traveler risks when visiting specific areas in destination countries.

..... ✕

D63 - Carga de la enfermedad por malaria, Colombia, 2017 y 2018

Pablo Enrique Chaparro-Narváez*, Diana Patricia Díaz-Jiménez, Carlos Andrés Castañeda-Orjuela

Observatorio Nacional de Salud, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C. Colombia

* pchaparro@ins.gov.co

Introducción. La malaria es una enfermedad con gran carga a nivel mundial. La estimación de la carga de la enfermedad apoya la planificación y proporciona un análisis más adecuado de la magnitud de la enfermedad y su impacto. Frente a la eliminación, en el país son pocos los estudios que han cuantificado la carga.

El objetivo de este estudio fue estimar la carga de la enfermedad por malaria en Colombia en 2017 y 2018.

Metodología. Se realizó un estudio ecológico. La información de los casos y las muertes debidos a malaria se obtuvo de las bases de datos del Sistema de Vigilancia en Salud Pública del Instituto Nacional de Salud. Se estimaron: índice parasitario anual (IPA), tasa de mortalidad, años de vida perdidos (AVPP), años vividos con discapacidad (AVD) y años de vida ajustados por discapacidad (AVISA), totales y por sexo, con sus respectivas tasas ajustadas. Se calcularon los porcentajes relativos de cambios de los años de vida ajustados por discapacidad.

Resultados. Al comparar 2018 con 2017, se encontró un aumento de casos (14,6 %) y del IPA (52,5 %), y disminución de las muertes (57,1 %) y de la tasa de mortalidad (43,0 %). En 2018, los AVISA fueron de 540,3 y, en 2017, de 1.063,2, con reducción en su tasa del 32,4 %. Los AVISA fueron mayores en hombres respecto a las mujeres (2017: 547,4 Vs. 515,8; 2018: 278,9 Vs. 276,3), mientras que las tasas fueron mayores en mujeres respecto a los hombres (2017: 9,85/100.000 habitantes Vs. 9,68; 2018: 6,99 Vs. 6,59). Las tasas de AVISA se redujeron en hombres y mujeres, 31,9 % y 29,0 % respectivamente.

Conclusión. Entre los años comparados, los AVISA y sus tasas presentaron reducción y su mayor peso estuvo dado por los AVPP. La estimación de la carga de malaria resulta útil para la toma de decisiones informadas, cuando se canalizan los recursos para la eliminación de la enfermedad.

..... ✕

D65 - Trends in yellow fever in the Amazonic Region of Colombia – An analysis at municipalities level using geographical information systems, 2007-2018

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Jorge Luis Bonilla-Aldana³, Daniel Mateo Varón-Suárez³, Marlon Mauricio Soto-Daza³, Sandra Milena Londoño-Páez³, Juan J. García-Bustos^{3,4}, Alfonso J. Rodríguez-Morales²

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Agropecuarias, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Grupo de Investigación en Ciencias Animales Macagual, Universidad de La Amazonia, Florencia, Colombia

⁴ Grupo de Investigación en Patología e Inmunología, Doctorado en Medicina Tropical, Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

Introduction: Yellow fever is a viral zoonotic vector-borne disease with a high fatality rate. Colombia is among the countries in South America with social, immunological and environmental conditions from for case occurrence. Nevertheless, studies, especially using geographical information systems (GIS) for analyses of trends in the epidemiology of yellow fever, are lacking in the Amazonic region of Colombia.

Objective: To estimate the incidence rates of yellow fever and associated factors in the Amazon region of Colombia using GIS-maps.

Methods: An observational study assessing the incidence of yellow fever (from the surveillance system, SIVIGILA) in all the municipalities (91) and departments (8) of the Amazonic region of Colombia, 2007-2018, was carried out. Using municipal-population estimates, incidence rates were estimated (cases/pop.). GIS used Kosmo 3.0.

Results: During the study period, 20 laboratory-confirmed cases occurred in the region, ranging 0-6 (2007), representing a cumulated of 9.8 cases/1'000,000 pop. Highest case number occurred in Meta (10, 1.09 cases/100,000 pop.), followed by Caquetá (4, 0.86 cases/100,000 pop.), Vichada (2, 2.95 cases/100,000 pop.) Guaviare (2, 1.87 cases/100,000 pop.), Guainía (1, 2.51 cases/100,000 pop.) and Vaupés (1, 2.35 cases/100,000 pop.). Amazonas and Putumayo did not report any cases. The municipalities with a higher number of cases were La Macarena (Meta) 5 cases (25%, 16.31 cases/100,000 pop.), Puerto Gaitán (Meta) 2 cases (10%, 10.95 cases/100,000 pop.), Puerto Concordia (Meta) and Cumaribo (Vichada), both 2 cases (≥ 5.75 cases/100,000 pop.). Carurú with 1 case represented 31.42 cases/100,000 pop. From them, 50% were 20-39 years old, 75% were male, 25% were farmers, 35% of the subsidized regimen, only 85% were hospitalized and 12 patients died (60% CFR%, 71% of the regimen subsidized). We developed 12 maps.

Conclusions: Although in 2016 were reported the last cases, in 2017-2019 there have been regional threats, especially due to epidemics in Brazil and lack of control and surveillance in Venezuela. Risk areas, as identified with maps in this analysis, should be under enhance surveillance, especially during epizootics and international yellow fever warnings.

..... ✕

D67 - Enfermedad aguda de Chagas en Colombia: caracterización clínica y epidemiológica, 2012-2019

Mario J. Olivera¹, Claudia Y. Rincón-Acevedo², Andrea S. Parada-García², Andrés Caicedo³, Juan D. Ramírez⁴

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

² Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

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

⁴ Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. El diagnóstico de la enfermedad aguda de Chagas es un reto médico debido a la heterogeneidad de los hallazgos clínicos que no son exclusivos de la enfermedad. En Colombia, los casos agudos informados son eventuales y se desconoce la frecuencia de presentación del espectro clínico.

Este estudio tuvo como objetivo establecer las características clínicas y epidemiológicas de los pacientes con diagnóstico de enfermedad aguda de Chagas en Colombia.

Metodología. Estudio observacional, descriptivo y de corte transversal. La información se obtuvo a partir de los registros médicos de casos informados durante el período 2012-2019 en el Sistema de Vigilancia en Salud Pública (Sivigila). Se definió un caso de enfermedad aguda de Chagas, según la Guía Clínica Nacional y la ficha epidemiológica del Sivigila. Se tabularon las variables demográficas, los hallazgos clínicos, electrocardiográficos y ecocardiográficos, y la reacción terapéutica. Para el análisis de la información, se utilizaron medidas de frecuencia absoluta y relativa.

Resultados. Durante el periodo de estudio, se notificaron 400 casos probables de enfermedad aguda de Chagas al Sivigila y, a la fecha, se han evaluado 300 registros médicos. Predominó el sexo masculino 158 (52,6 %) y las edades entre 40 y 49 años. Los signos o síntomas más frecuentes fueron: fiebre persistente (37,3 %), astenia (29,1 %), cefalea (22,6 %), edema facial (15,4 %) y hepatoesplenomegalia (14,2 %). Las alteraciones electrocardiográficas más relevantes fueron la repolarización ventricular (64,8 %), la prolongación del intervalo QT (16,1 %) y la taquicardia sinusal (15,2 %). Hasta el momento, la letalidad es menor del 5 % y se utilizó benznidazol en más de la mitad de los pacientes.

Conclusiones. En Colombia, se ha incrementado el número de casos de enfermedad aguda de Chagas, lo cual reafirma que esta enfermedad continúa siendo un problema de salud pública para el país. Las características preliminares observadas en este estudio son similares a las reportadas en otros países de la región.

D68 - Morfometría alar de poblaciones de *Triatoma dimidiata* de siete departamentos de El Salvador

César Daniel Girón-Segovia^{1,2}, Ana Miriam González-Pérez¹, Ana Marcela Díaz-Cisneros^{1,2}, Jennifer Ramírez-Rivas^{1,2}, Guillermo Recinos-Paredes^{1,2}, Brenda Patricia Funes-Osegueda^{1,2}, Enrique Eduardo Posada-Vaquerano¹

¹ Universidad de El Salvador, Centro de Investigación y Desarrollo en Salud, Laboratorio de Entomología de Vectores, San Salvador, El Salvador

² Universidad de El Salvador; Facultad de Ciencias Naturales y Matemática, Escuela de Biología, San Salvador, El Salvador

Antecedentes. El insecto *Triatoma dimidiata* es la especie vector más importante (especialmente en Centroamérica) del agente causal de la enfermedad de Chagas. En El Salvador, entre los años 2009 y 2013, se registraron en el comportamiento epidemiológico 4.620 personas infectadas, lo cual representa un problema de salud pública en el país.

Esta investigación pretende hacer un análisis de las diferencias y las similitudes de las poblaciones de *T. dimidiata* de siete departamentos de El Salvador mediante la morfometría alar.

Metodología. Se trabajó con 84 individuos distribuidos en siete departamentos, seleccionando el ala izquierda de 12 especímenes por departamento y tomando 10 puntos de referencia por ala. Se usó la morfometría clásica para el análisis de la estadística multivariada de los componentes principales y un conglomerado de disimilitud, comprobándose, en primer lugar, la homoestabilidad, la linealidad y la normalidad de los datos.

Resultados. El estudio de los componentes principales nos demostró que el departamento de La Paz posee mayor variabilidad en la varianza de los individuos analizados, mientras que los departamentos de San Miguel, La Unión, Cabañas y Morazán, poseen una varianza semejante. Con el análisis de conglomerados con coeficiente de correlación cofenética de 0,75, se pudo determinar el porcentaje de disimilitud entre los departamentos, observándose tres grandes grupos formados por: La Paz y Usulután (60 % disimilitud), Morazán y Cabañas (45 % disimilitud), y San Miguel y La Unión (78 % disimilitud); este último grupo posee una disimilitud de 62 % con Santa Ana.

Conclusiones. Mediante los datos morfométricos se puede observar que existen tres poblaciones, encontrándose con mayor diferencia a los individuos de Santa Ana, mientras que, en los departamentos con mayor disimilitud, fueron las poblaciones presentes en La Paz y Usulután, Morazán y Cabañas, y San Miguel y La Unión.

D69 - Pyrethroid resistance in Chagas' disease vectors colonizing oil palm plantations: Implications for vector control strategies in a public health – agriculture interface

Johan M. Calderón¹, Liliana Santacoloma², Patricia Fuya², Camila González¹

¹ Universidad de Los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

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

Background: Chagas' disease is a zoonosis caused by the parasite *Trypanosoma cruzi* and mainly transmitted through triatomine bugs feces. Insecticide spraying is the main strategy for vector control in transmission areas. In Colombia, triatomines have been reported in oil palm plantations. Some insecticides suggested for pest control in oil palm plantations are also recommended for triatomine control in dwellings. A possible continuous exposition to insecticides could be occurring in those triatomines. Traditional vector control strategies might be inefficient in urban settings if insecticide-resistant triatomines migrate from oil palms.

The objective in this study was to assess if triatomines inhabiting oil palms exhibit resistance to deltamethrin, an insecticide used for vector control. *Rhodnius prolixus* insects collected from oil palms showed resistance to pure and commercial deltamethrin.

Results: The mechanism explaining the resistance could be enhanced metabolism because several detoxifying enzymes were evaluated and showed higher activity in insects from oil palms. Deltamethrin resistance was also observed in *R. prolixus* found in native palms adjacent to oil palm plantations. Resistance degree was however lower than in *R. prolixus* from oil palms.

Conclusions: Pest management in oil palm plantations must consider its impact over triatomines, and to consider a pest control strategy that also includes triatomine vector control. We considered a complete strategy should involve several procedures: 1) entomologic surveillance in municipalities with both oil palm plantations and reported triatomine vectors, 2) toxicological monitoring of triatomine populations found in plantations, and 3) development of control strategies that impact successfully both oil palm pests and triatomines.

..... ✕

..... ✕

D70 - Epidemiology of dengue, chikungunya and Zika in Leticia, Amazonas, Colombia, 2014-2019

Juan David Anaconda-Montilla¹, D. Katterine Bonilla-Aldana^{2,3}, Diana Marcela Cardozo-Rendón², Luisa Fernanda Botello-Ortiz², Leidy Sánchez-Hincapie², Erika Y. Montoya-Amaya², Kevin Molina-Ortiz³, Valentina Puerta-Laverde³, Jorge Luis Bonilla-Aldana⁴, Alfonso J. Rodríguez-Morales³

¹ Grupo de Investigación en Infección e Inmunidad, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

² Semillero de Investigación en Zoonosis, Grupo de Investigación BIOECOS, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

³ Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

⁴ Grupo de Investigación en Ciencias Animales Macagual, Universidad de La Amazonia, Florencia, Colombia

Introduction: Chikungunya (CHIKV) and Zika (ZIKV) are emerging arboviral diseases. With dengue (DENV), they constitute the main circulating flaviviruses and alphaviruses in Colombia. In certain areas of this country, its ecoepidemiological study would be still lacking, as is the case of Leticia city, the southernmost city of the country, at the Amazonas department, in the Amazon region of Colombia, bordering with Brazil and Perú.

Objective: To calculate the incidence rates of DENV/CHIKV/ZIKV in Leticia, Colombia, 2014-2019, to develop geographical information systems (GIS)-city maps, and to assess its relationship with ecosocial variables.

Methods: An observational study assessing the incidence of DENV/CHIKV/ZIKV (from the surveillance system Sivigila) in Leticia, 2014-2019-mid, was carried out. Using municipal-population estimates, incidence rates were estimated (cases/pop.). GIS used Kosmo 3.0.

Results: A total of 1,666 cases occurred (80.8% DENV, 16.9% ZIKV, 2.3% CHIKV). In the case of DENV, ranging 40 [2018] – 615 [2019]), representing a cumulated of 3,219.94 cases/100,000 population (ranging, 94.61 [2018] – 1443.32 [2019]). From the total DENV cases, 32.3% were laboratory-confirmed cases (1,038.23 cases/100,000 pop.). Only 0.3% were severe (reaching 1.4%, 2015). Two cases were fatal (0.15%, CFR%). DENV cases in 2019 were concentrated in 8 neighborhoods (51.55%). From the ZIKV cases, 92.5% occurred in 2016, similarly CHIKV (38.46%). Of ZIKV, 2.14% were laboratory-confirmed cases and from CHIKV, 10.26%. ZIKV cases in 2016 were concentrated in 6 neighborhoods (52.3%). Three city maps of Leticia and three for Amazonas for DENV/CHIKV/ZIKV were developed.

Conclusions: Although the epidemic of CHIKV/ZIKV in Colombia, passed, as it occurred in the rest of the country, they become also endemic in Leticia. Albeit that, DENV is currently causing a significant increase in the

number of cases, reaching epidemic levels. This city, in the triple border with Brazil and Perú, implies population migrating between them. Tabatinga city, Brazil, is part of a metropolitan joint area between both territories, and Santa Rosa del Yavarí, Perú, also there, is only separated by the Amazon river.

..... ✕

D71 - Evidencias de domiciliación de *Eratyrus mucronatus* Stål, 1859 (Hemiptera: Reduviidae) en el barrio San Jerónimo, Cúcuta, Colombia

Leidy Rizo¹, Darío Sarmiento¹, Johana Yáñez², Astrid Araque¹, Reinaldo Gutiérrez³, Carolina Torres³, Rocío Cárdenas²

¹ Laboratorio Departamental de Salud Pública, Instituto Departamental de Salud - Norte de Santander, Cúcuta, Colombia

² Control de Vectores, Instituto Departamental de Salud - Norte de Santander, Cúcuta, Colombia

³ Grupo de Investigación en Enfermedades Parasitarias, Tropicales e Infecciosas, Universidad de Pamplona, Pamplona, Colombia

Introducción. Todas las especies de triatomíneos son potenciales vectores de la enfermedad de Chagas. *Eratyrus mucronatus* es un vector secundario, relacionado recientemente con el domicilio humano. Se encuentra en 18 municipios de Norte de Santander, desde 75 msnm hasta 1.677 msnm.

Objetivo. Determinar la presencia de *E. mucronatus* y su estado de infección en el barrio San Jerónimo, Cúcuta, Colombia.

Metodología. Los triatomíneos fueron recolectados activamente en viviendas del Barrio San Jerónimo, Cúcuta, durante los años 2017 y 2018. Se hicieron encuestas domiciliarias a una muestra aleatoria de la población de 108 viviendas, y se realizaron charlas educativas y preventivas. Los triatomíneos se clasificaron de acuerdo con la clave de Lent y Wygodzinsky (1979). A los insectos recolectados vivos (n=5) se les hizo examen de heces en fresco y se hicieron análisis moleculares de la infección, por degradación cruda y el PureLink Genomic DNA Mini Kit™ (Invitrogen).

Resultados. En una de las viviendas se recolectaron 8 adultos, 19 ninfas y 6 huevos de *E. mucronatus*. Se hizo el examen directo a dos adultos y una ninfa que llegaron vivos al laboratorio, con resultado negativo para la infección por *Trypanosoma* spp.; sin embargo, una ninfa de IV estadio recolectada en el peridomicilio de la misma vivienda resultó positiva para *Tripanosoma cruzi* (diagnóstico molecular, Universidad del Rosario). Otros cuatro adultos de *E. mucronatus* fueron recolectados en tres viviendas, y resultaron negativos para la infección.

Conclusión. Se logró evidenciar la presencia domiciliar de *E. mucronatus* en viviendas de Cúcuta, por la presencia

de todos los estadios dentro de la casa (huevos, ninfas y adultos). Mediante el estudio molecular, se confirmó que el parásito se encuentra circulando entre esta población de *E. mucronatus*.

..... ✕

D72 - Resultados preliminares de la competencia vectorial del virus del dengue-2 (DENV-2) y del Zika (ZIKV) en cepas de *Aedes aegypti* con presencia del mecanismo de resistencia de tipo Kdr

Idalba Mildred Serrato¹, Paola Andrea Caicedo², Clara Beatriz Ocampo³, Dioselina Peláez-Carvajal⁴, Martha Lilibiana Ahumada¹

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

² Universidad ICESI, Santiago de Cali, Colombia

³ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Santiago de Cali, Colombia

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

Introducción. Una estrategia para el control de *Aedes aegypti*, vector de dengue, Zika y chikungunya en Colombia, es la aspersión con insecticidas piretroides. El uso frecuente de estos insecticidas aumenta la resistencia por el mecanismo Kdr asociado a la presencia de las mutaciones Val1016Ile y Phe1534Cys en el gen VGSC. Se ha establecido que la presencia de estas mutaciones puede favorecer la competencia vectorial para la transmisión de agentes patógenos.

Objetivo. Evaluar la competencia vectorial de los virus DENV-2 y ZIKV en cepas de *A. aegypti* con resistencia de tipo Kdr.

Metodología. Se evaluó la resistencia a lambdacialotrina en seis cepas de mosquitos, en las cuales se verificó la presencia de las mutaciones Val1016Ile y Phe1534Cys mediante PCR específica de alelo. Se eligieron tres cepas que fueron alimentadas artificialmente con DENV-2 y ZIKV aislados de pacientes. Utilizando RT-PCR convencional, se detectó DENV-2 en el intestino medio y las glándulas salivales. Se calcularon las tasas de infección y de transmisión.

Resultados. Se eligieron las cepas Nunchía y Villabo-4 resistentes a lambdacialotrina (mortalidad de 43 % y 38 %) y la cepa Cali-S sensible al insecticida, utilizada también como control de infección dada su sensibilidad al DENV-2 New Guinea-C. Se realizaron 16 alimentaciones, para un total de 501 mosquitos expuestos. La tasa de infección para la cepa Nunchía fue de 0,63 y, para la Cali-S, de 0,61. En estas cepas, las frecuencias genotípicas fueron: Nunchía Val/Val=0,29, Val/Ile=0,21; Ile/Ile=0,48 para locus 1016 y Phe/Phe=0,01; Phe/Cys=0,09; Cys/Cys=0,88 para el locus 1534, en Cali-S: Val/Val=1 para locus 1016 y Cys/Cys=1 para el locus 1534. Se están haciendo experimentos adicionales para identificar el efecto de las mutaciones sobre la competencia vectorial en las cepas elegidas.

Palabras clave: *Aedes aegypti*, virus del dengue, Zika, competencia vectorial, resistencia a insecticidas.

..... ✕

D73 - Actualización de la presencia de vectores de *Trypanosoma cruzi* en el área urbana del municipio de Sincelejo, Sucre

Carolina Julieth Ayala-Hoyos, Luis Roberto Romero-Ricardo, Eduar Elías Bejarano-Martínez

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

Introducción. Hasta 2007, en el municipio de Sincelejo únicamente se había registrado la especie *Panstrongylus geniculatus* infectada con *Trypanosoma* spp. En el 2012, se confirmó en este vector, por biología molecular, la infección natural por el parásito *Trypanosoma cruzi*, en triatominos encontrados de manera casual en el intradomicilio en la zona urbana.

El objetivo de este estudio fue describir por primera vez el hallazgo de la especie *Rhodnius pallescens* infectada por el parásito en ambientes domésticos en el área urbana del municipio.

Metodología. Se capturaron cuatro triatominos entre octubre de 2016 y marzo de 2017. El primero fue encontrado en el interior de una vivienda y los otros fueron capturados accidentalmente en trampas Shannon mientras se realizaban actividades de campo para la captura de dípteros de importancia médica. Los ejemplares se identificaron por sus caracteres morfológicos mediante las claves taxonómicas de referencia. Para la detección de *T. cruzi*, se buscaron parásitos flagelados por microscopía de extendidos del material de la ampolla rectal de los insectos y, a partir del ADN extraído del contenido intestinal, se detectó ADN del patógeno por amplificación con los cebadores específicos TCZ1 y TCZ2.

Resultados. Tres triatominos correspondieron a la especie *R. pallescens* y uno a *P. geniculatus*. Por microscopía, se visualizaron parásitos tripanosomátidos en un solo insecto, mientras que, por PCR, la tasa de infección por *T. cruzi* fue del 100 %.

Conclusiones. Aunque la enfermedad de Chagas no se considera endémica en el municipio de Sincelejo, la presencia de especies de triatominos de importancia epidemiológica puede representar un factor de riesgo para la transmisión del parásito. Se amplía la distribución de los vectores en el departamento de Sucre.

..... ✕

D74 - Desempeño de la aplicación móvil Guaral+ST para evaluar la respuesta terapéutica en pacientes con leishmaniasis cutánea en el suroccidente colombiano

Alejandra del Castillo¹, María del Mar Castro^{1,2}, Alexandra Cossio^{1,2}, Neal Alexander¹

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

² Universidad Icesi, Cali, Colombia

Introducción. La información sobre la efectividad a los medicamentos anti-*Leishmania* es limitada debido a barreras geográficas y económicas. Las aplicaciones móviles podrían facilitar el acceso al seguimiento terapéutico. Se evaluó la validez de la App Guaral+ST para evaluar la respuesta terapéutica mediante fotografías tomadas por líderes comunitarios.

Metodología. Los pacientes de cualquier edad que reciban tratamiento anti-*Leishmania* serán incluidos en este estudio (n=71). Los líderes comunitarios usarán Guaral+ST para hacer un seguimiento fotográfico de las lesiones. Tres médicos evaluarán la respuesta terapéutica en la semana 13 o 26 después del tratamiento mediante fotos, lo cual se comparará con la evaluación directa de las lesiones por un médico experto (estándar de referencia).

Resultados. A la fecha, se han incluido 62 participantes y 11 finalizaron el seguimiento, 7/11 (63,3 %) son hombres y afrodescendientes son 10/11 (90,1 %), todos originarios de Tumaco. La edad media fue de 26 ± 12 años, el tiempo de evolución de la primera lesión fue de 3 ± 2 meses (media ± DE). El índice kappa entre observadores y el estándar de referencia fue de 0,72 (IC_{95%} 0,72-1,00). El índice kappa entre observadores fue de 0,63 (IC_{95%} 0,340-0,835), la sensibilidad, del 100 % (IC_{95%} 54,1-100), la especificidad, del 100 % (IC_{95%} 47,8-100), el VPP, del 100 % (IC_{95%} 54,1-100), y el VPN, del 100 % (IC_{95%} 47,8-100).

Conclusiones. Los resultados preliminares evidencian que la evaluación de la respuesta terapéutica mediante fotografías tomadas con la App por líderes comunitarios, podría ser una alternativa para mejorar el acceso al seguimiento terapéutico de la leishmaniasis cutánea.

..... ✕

D75 - Uso de trampas pegajosas (AGO) para la vigilancia de *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) en tres regiones de Colombia

Diana Marcela Lucumí-Aragón¹, Suljey Cochero¹, Laureano Mosquera^{1,2}, Sussane Ardila³, Yoldy Benavidez, Patricia Fuya³

¹ Centers for Disease Control and Prevention (CDC) - Instituto Nacional de Salud (INS), Bogotá, D.C., Colombia

² Laboratorio de Salud Pública, Secretaría Departamental de Salud del Guaviare, San José del Guaviare, Colombia

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

Introducción. En Colombia, el vector del dengue *Aedes aegypti* está distribuido en el 73 % del territorio. Actualmente, debido a la falta de disponibilidad de una vacuna, las acciones de prevención y control se basan en las recomendaciones de la Organización Panamericana de la Salud (OPS) que incluyen el fortalecimiento de los sistemas de vigilancia entomológica. Estas se centran, principalmente, en el control de los estados inmaduros, por lo que se requiere la implementación de herramientas para el control y la vigilancia de los estados adultos.

En este estudio se evaluó el uso de las trampas pegajosas AGO en tres regiones de Colombia, con apoyo del CDC-INS.

Metodología. El uso de trampas AGO se evaluó en los municipios de Valledupar, Palmira y San José del Guaviare, donde se seleccionaron barrios con mayor y menor transmisión de dengue para instalar trampas en los domicilios. Los ejemplares se recolectaron semanalmente como método de vigilancia. Con los datos, se realizó un análisis descriptivo y de correlación, y se establecieron diferencias entre barrios y municipios mediante la prueba U de Mann-Whitney y la de Kruskal-Wallis. Finalmente, se hicieron encuestas para medir la satisfacción y el nivel de confianza de la comunidad.

Resultados. Se recolectaron 8.999 mosquitos: 6.215 en Valledupar, 1.716 en Palmira y 1.068 en San José del Guaviare. Entre barrios, se encontraron diferencias estadísticas en San José del Guaviare (p=0,0003) y Palmira (p<0,0001). Se presentaron correlaciones negativas con respecto a la precipitación y el número de mosquitos. El porcentaje de satisfacción con las trampas por parte de la comunidad fue superior al 75 %.

Conclusiones. El uso de trampas AGO permitió la captura y el monitoreo de hembras de *A. aegypti* en localidades con mayor y menor transmisión de dengue, en regiones con diferentes características, lo cual confirma su utilidad en la vigilancia entomológica para estas, como una metodología de bajo costo, con aceptación y uso.

..... ✕

D76 - Diversificación geográfica de *Panstrongylus geniculatus* (Reduviidae: Triatominae) en Colombia

Carolina Hernández¹, Valentina Caicedo-Garzón^{1,2}, Fabián C. Salgado-Roa², Melissa Sánchez-Herrera², Luisa María Arias-Giraldo¹, Lineth García³, Gustavo Vallejo⁴, Omar Cantillo⁵, Catalina Tovar⁶, Joao Aristeu da Rosa⁷, Hernán Carrasco⁸, Maikell Segovia⁸, Camilo Salazar², Juan David Ramírez^{1*}

¹ Grupo de Investigaciones Microbiológicas, Programa de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de Genética Evolutiva, Filogeografía y Ecología de la Biodiversidad Neotropical, Programa de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

³ Universidad Nacional de San Simón, Cochabamba, Bolivia

⁴ Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

⁵ Grupo de Biología y Control de Enfermedades Infecciosas, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁶ Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales y Resistencia Bacteriana, Programa de Medicina, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Sinú, Montería, Colombia

⁷ Laboratório de Parasitologia, Departamento de Ciências Biológicas, Faculdade de Ciências Farmacêuticas, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Araraquara, Brasil

⁸ Laboratorio de Biología Molecular de Protozoarios, Instituto de Medicina Tropical, Universidad Central de Venezuela, Caracas, Venezuela

Introducción. Los triatomíneos son vectores de *Trypanosoma cruzi*, agente etiológico de la enfermedad de Chagas. El género *Panstrongylus* cuenta con 13 especies reportadas, algunas son vectores de importancia en la transmisión de *T. cruzi* e, incluso, algunos han generado nuevos escenarios epidemiológicos de transmisión.

El objetivo de este estudio fue estudiar la variación genética intraespecífica y los patrones de diversificación de *Panstrongylus geniculatus* de Colombia y de otras especies del género epidemiológicamente importantes.

Métodos. Se recolectaron 124 ejemplares: 105 *P. geniculatus*, 5 *P. lignarius* y 14 *P. megistus*. Se evaluó el patrón de diversificación de *P. geniculatus* mediante análisis de secuencias de marcadores mitocondriales (16S/NADH/CYTb) y ribosómicos (18S/28S). Se calcularon estadísticas de diversidad genética dentro y entre las poblaciones de *P. geniculatus*. Se exploró la divergencia genética de esta especie en relación con otras especies del género (*P. megistus*, *P. lignarius*, *P. lutzi*, *P. tupynambai*, *P. chinai* y *P. howardi*), mediante la construcción de árboles de máxima verosimilitud e inferencia bayesiana, adicionando secuencias de GenBank. Mediante el análisis de coalescencia, se dataron los linajes de *P. geniculatus* encontrados.

Resultados. Las reconstrucciones filogenéticas (MV/IB) evidenciaron que *P. geniculatus* es una especie monofilética, con cuatro clados monofiléticos que concuerdan con su distribución geográfica. El origen de la diversificación de *P. geniculatus*, posiblemente, se explica por la orogenia de la cordillera de los Andes. Se detectó por primera vez heteroplasma en esta especie.

Conclusión. Existe una considerable divergencia entre las poblaciones colombianas monofiléticas de *P. geniculatus* en concordancia con su distribución geográfica. Esto es de importancia a la luz de previos hallazgos en los que se observa que este vector presenta fácil adaptación a diferentes contextos ecoepidemiológicos y genera diferentes escenarios de transmisión de *T. cruzi*. Esto genera la necesidad de analizar los patrones de diversificación genética de *P. geniculatus* en relación con su comportamiento como vector de *T. cruzi*.

D77 - Circulación de parásitos del género *Trypanosoma* en flebotomíneos de un foco de leishmaniasis del norte de Colombia

Alexander Bedoya-Polo¹, Eduar Bejarano-Martínez¹, Alveiro Pérez-Doria^{1,2}

¹ Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

² Grupo Caribe de Investigación en Enfermedades de tipo Infeccioso y Resistencia Microbiana, Universidad Metropolitana, Barranquilla, Colombia

Antecedentes. Los flebotomíneos son los vectores comprobados de *Leishmania* spp. Sin embargo, algunas investigaciones señalan que también pueden transmitir otros tripanosomátidos. En el foco de leishmaniasis de Sampués, Sucre, se detectó infección de flebotomíneos con tripanosomátidos que no pudieron ser identificados con marcadores moleculares tradicionalmente usados para tipificar las especies del género *Leishmania*.

El objetivo de este trabajo fue identificar los parásitos tripanosomátidos distintos a *Leishmania* que circulan en flebotomíneos de este foco.

Metodología. Los flebotomíneos fueron capturados por búsqueda activa sobre la base de árboles y las hembras fueron disecadas en PBS para extraer el intestino y hacer la búsqueda microscópica de los parásitos. Los tripanosomátidos se identificaron con base en la secuencia nucleotídica concatenada de los genes *SSU rARN* y *gGAPDH*.

Resultados. Se disecaron 1.385 hembras de cinco especies del género *Lutzomyia*, entre las cuales *Lu. cayennensis cayennensis* se encontró naturalmente infectada con tripanosomátidos, con una tasa de infección del 7,7 % (75/974). En todas las hembras, la infección estuvo limitada al intestino posterior, con parásitos distribuidos desde el píloro hasta la ampolla rectal. La reconstrucción filogenética reveló que estos parásitos pertenecen al género *Trypanosoma*, dentro del cual conforman un clado monofilético.

Conclusiones. *Lutzomyia cayennensis cayennensis* se infecta de forma natural con parásitos del género *Trypanosoma*, lo que confirma la permisividad de los flebotomíneos y reafirma la necesidad de tener cuidado a la hora de asociar infecciones de estos insectos con *Leishmania*.

..... ✕

..... ✕

D78 - Estudio de la variabilidad genética de *Aedes aegypti* de dos zonas endémicas para dengue en Paraguay

Sady Brítez¹, Nilsa González-Brítez¹, Emmanuel Céspedes¹, María Ferreira¹, Cinthya González², Elsa López¹, Nidia Acosta¹

¹ Departamento de Medicina Tropical, Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, Laboratorio de Entomología, Universidad Nacional de Asunción, Asunción, Paraguay

² Laboratorio de Diagnóstico y Control de Productos Veterinarios, Servicio Nacional de Calidad y Salud Animal, San Lorenzo, Paraguay

Introducción. *Aedes aegypti* es el principal vector del dengue en zonas urbanas y, a pesar de su importancia epidemiológica, se desconoce la variabilidad genética de estas poblaciones en Paraguay.

Objetivo. Determinar la variabilidad genética interpoblacional e intrapoblacional de *A. aegypti* capturados en dos departamentos endémicos de Paraguay.

Materiales y métodos. El estudio fue observacional, descriptivo y con muestreo de los departamentos Cordillera y Central, durante el periodo 2017-2018. Se extrajo ADN de 40 insectos y se realizó la amplificación de genes mediante los marcadores moleculares ISSR, RAPD y RFLP. Se estimaron los parámetros de frecuencia alélica, diversidad y diferenciación genética.

Resultados. El análisis ISSR determinó 95,6 % de varianza de las frecuencias alélicas expresada dentro de cada población y 4,3 % de varianza atribuida a diferencias entre poblaciones. Con RAPD, se amplificaron 24 *loci*, el cebador H3 presentó 83 % de *loci* polimorfos y diferenciación genética baja (Gst: 0,03). El A2 presentó 95,8 % de *loci* polimorfos y diferenciación Gst de 0,03. El marcador RFLP evidenció homogeneidad genética para ambas poblaciones.

Conclusión. Se observó baja diferenciación genética en poblaciones de *A. aegypti* de dos departamentos de Paraguay, incluso con alto polimorfismo de *loci*. Los resultados infieren migración entre poblaciones y posibles características originarias comunes. La comprensión del comportamiento vectorial contribuye a mejorar los programas de control existentes en el país.

Palabras clave: *Aedes aegypti*, dengue, variabilidad genética.

D79 - Prevalencia de la dirofilariosis cardiopulmonar en perros y seroprevalencia en humanos en el área metropolitana de Bucaramanga

María Victoria Esteban-Mendoza¹, Víctor Hernán Arcila-Quiceno¹, Rodrigo Morchón- García², Fernando Simón², Isabel Hernández², María Camila Flechas Alarcón³

¹ Grupo GRICA, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia, Bucaramanga, Colombia

² Grupo de Dirofilariosis Animal y Humana, Área de Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Salamanca, Salamanca, España

³ Grupo de Investigación en Laboratorio Clínico y Banco de Sangre Higuera Escalante, Bucaramanga, Colombia

Introducción. *Dirofilaria immitis* es el agente causal de la dirofilariosis cardiopulmonar canina y felina. Afecta a animales domésticos y silvestres, y el perro es el huésped del que más datos se conocen. Es una enfermedad zoonótica que puede causar infección en el humano, que es un huésped accidental en el que pueden aparecer nódulos pulmonares de carácter benigno.

La dirofilariosis cardiopulmonar es una enfermedad cosmopolita, especialmente representativa en regiones con climas templados, tropicales y subtropicales, con temperaturas medias y humedad elevada. A pesar de ello, es una enfermedad poco estudiada en Suramérica, habiéndose denunciado su presencia únicamente en cuatro países: Argentina, Colombia, Perú y Brasil. Los datos que hasta el momento se conocen en Colombia están desactualizados e indican que la prevalencia en perros oscila entre 4,8 y 8,4 %. Además, no existen estudios que aborden el contacto del parásito con el huésped humano.

El objetivo de este trabajo fue estudiar la presencia de *D. immitis* en perros y humanos en el área metropolitana de Bucaramanga, teniendo en cuenta que en los últimos años se ha observado un aumento de casos de perros infectados no denunciados en toda su área metropolitana.

Metodología. Se analizaron cuatro zonas del área metropolitana de Bucaramanga (Piedecuesta, Girón, Floridablanca y Bucaramanga). Se emplearon 351 muestras de sangre de perro y 506 muestras de suero humano. Las muestras de sangre canina se analizaron mediante el test de Knott y el test comercial URANOtest. Las muestras de suero humano se analizaron mediante el ELISA no comercial para la detección de IgG anti-*D. immitis* y anti-*Wolbachia*. Las muestras positivas fueron analizadas mediante Western Blot para confirmar el contacto con el parásito.

Resultados. La prevalencia en perros fue de 10,82 % (IC_{95%}) y, en perros microfilarémicos, de 5,12 % (IC_{95%}); en humanos, la seroprevalencia fue de 6,71 % (IC_{95%}).

Conclusiones. Con estos resultados, se observa un riesgo zoonótico de la dirofilariosis cardiopulmonar en Colombia. La presencia de *D. immitis* puede deberse a cambios

..... X

ambientales y al aumento de la población canina y de mosquitos en los últimos años. Son necesarios estudios que aborden esta infección en toda Suramérica y, al mismo tiempo, se deben incluir e implementar programas de control en Colombia.

..... ✕

D80 - Comportamiento de la infección por virus del Chikungunya en pacientes con artritis reumatoide preestablecida

Mario Alejandro Bautista-Vargas¹, Nicolás Salazar-Otoya², Germán Puerta-Sarmiento¹, Carlos Alberto Cañas-Dávila³

¹ Fellow de Reumatología Universidad Icesi, Cali, Colombia

² Medicina Interna, Universidad Icesi, Cali, Colombia

³ Fundación Valle del Lili, Cali, Colombia

Introducción. El virus del chikungunya (CHIKV) es un arbovirus que ocasionó una pandemia, con casos reportados en Colombia, principalmente en 2014 y 2015, y una incidencia de 1.356 casos por 100.000 habitantes. En el 43,1 % de los casos, se desencadenó artritis reumatoide, que requirió continuar un tratamiento en forma crónica. Se desconoce el comportamiento de la infección por CHIKV en pacientes con artritis reumatoide preestablecida.

El objetivo fue conocer el comportamiento de la infección por CHIKV en estas circunstancias.

Metodología. Se hizo una búsqueda de registros clínicos de pacientes con artritis reumatoide que presentaron infección por CHIKV, con el fin de reconocer la presentación clínica y el resultado a lo largo del tiempo. Se empleó la escala DAS28 antes, durante y después de la infección, y se recolectaron datos relacionados con las nuevas necesidades terapéuticas de los pacientes.

Resultados. Cerca de 150 casos de infección por CHIKV se atendieron en la Fundación Valle del Lili en Cali, Colombia. Se encontraron registros de seis pacientes con artritis reumatoide preestablecida, en tratamiento y remisión clínica. Cinco fueron mujeres. La edad promedio fue de 66 años. La DAS28 promedio fue de 2,95 en la última consulta. Después de la infección por CHIKV, presentaron un DAS28 promedio de 3,98, requiriéndose un incremento de 2,5 veces la dosis habitual de glucocorticoides (promedio de la dosis diaria: antes, 3,8 mg y, después, 8,75 mg). Un paciente requirió cambio de etanercept a adalimumab, uno inició rituximab, uno tocilizumab y uno tofacitinib.

Conclusiones. Se presentan seis pacientes con artritis reumatoide en remisión que, al contraer la infección por CHIKV, desarrollaron exacerbación de su enfermedad de base, requiriéndose el aumento de la dosis de glucocorticoides y el cambio o la inducción al uso de medicamentos de segunda línea de tipo inhibidores del factor de necrosis tumoral alfa, anti-CD20 o inhibidores de la cinasa Janus.

..... ✕

D81 - Vigilancia por el Laboratorio Nacional de Referencia de la leishmaniasis visceral, Colombia, 2018

Martha Stella Ayala-Sotelo, Adriana Catherine Castillo-Castañeda, Liliana Jazmín Cortés-Cortés, Astrid Carolina Flórez-Sánchez

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

Introducción. Las leishmaniasis son parasitosis incluidas dentro de las seis endemias prioritarias en el mundo. La leishmaniasis visceral se considera de gran interés en salud pública, por su incidencia y alta tasa de mortalidad en pacientes no tratados, niños desnutridos y en condiciones de vulnerabilidad, y en pacientes portadores del HIV.

Metodología. Se trata de un estudio descriptivo de los resultados obtenidos del procesamiento de las muestras remitidas para confirmación diagnóstica y vigilancia, por los Laboratorios de Salud Pública y otras instituciones, al Laboratorio Nacional de Referencia del Instituto Nacional de Salud, durante el año 2018.

Resultados. Se recibieron y procesaron 582 muestras para diagnóstico de leishmaniasis visceral, 146 (25,09 %) de humanos (suero y extendidos para examen directo) y 436 (74,91 %) de perros incriminados como el principal reservorio de leishmaniasis visceral.

De las 146 muestras de humanos, cinco fueron extendidos de material de aspirado de médula ósea, punción esplénica o ambos, de pacientes con sospecha de leishmaniasis visceral, las cuales fueron positivas, obteniéndose una concordancia del 100 %. Las otras 141 fueron muestras de suero, procesadas por la técnica de inmunofluorescencia indirecta (IFI); de estas, 20 (14,18 %) fueron reactivas.

Conclusiones. El contar con un diagnóstico oportuno y un tratamiento adecuado para la leishmaniasis visceral, es de vital importancia para reducir la mortalidad y las complicaciones asociadas. En los niveles primarios de atención, se debe contar con pruebas de diagnóstico rápido capaces de detectar anticuerpos específicos anti-*Leishmania* (rK39). En los Laboratorios de Salud Pública, se debe garantizar la disponibilidad de estas, así como la técnica confirmatoria de IFI para realizar los controles de calidad respectivos.

Los Laboratorios de Salud Pública que más envían muestras al Laboratorio Nacional de Referencia, son aquellos de las Direcciones Territoriales de Salud, en las que se presenta el mayor número de casos, los cuales corresponden a la descripción de los focos de leishmaniasis visceral existentes históricamente en el país (Bolívar, Córdoba, Sucre, Tolima y Huila).

..... ✕

D83 - Vector-borne blood bacteria and parasite infections in animals from Caquetá, Florencia: A systematic review and metaanalysis from DVM theses performed in a local university

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Sandra Milena Londoño-Páez³, Jorge Luis Bonilla-Aldana³, Yury Katherine Mateus³, Ignacio Antonio Vásquez-Hoyos³, Cristian Armando Carvajal-Murcia³, Daniela Juliana Toro-Gómez³, Juan J. García-Bustos^{3,4}, José Antonio Suárez⁵, Alfonso J. Rodríguez-Morales²

¹ Semillero de Zoonosis, Grupo de Investigación BIOECOS, Fundación Universitaria Autónoma de Las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Grupo de Investigación en Ciencias Animales Macagual, Universidad de La Amazonia, Florencia, Colombia

⁴ Grupo de Investigación en Patología e Inmunología, Doctorado en Medicina Tropical, Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

⁵ Departamento de Investigación Clínica, Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud, Ciudad de Panamá, Panamá

Introduction: Mosquito- and tick-borne blood parasites and bacteria are a cause of concern in humans and animals. Nevertheless, most of them, are not under surveillance, even in humans in Colombia. In addition, there is a lack of studies, especially from different areas in Colombia, as is the case of the department of Caquetá.

Methods: We performed a systematic review of theses approved of program of veterinary medicine from the Universidad de La Amazonia, at Florencia, Caquetá, available online at the library (<http://chaira.udla.edu.co/chaira/View/Public/Biblioteca/OPAC.aspx>) in order to assess the prevalence of hemoparasites in animals. A metaanalysis with random-effects model was performed to calculate the pooled prevalence, and 95% confidence intervals (95%CI). Measures of heterogeneity (Cochran's Q-statistic, I² index, and τ^2 test), were reported.

Results: From 1972 to 2015 there are 265 theses online, 14 of them corresponded to hemoparasites infection in animals and 9 were online available for inclusion. The universe of animals studied was 459 animals (47.1% bovine, 23.5% canine, among others). The pooled Knott method prevalence for *Dirofilaria* in non-human primates (n=15) was 52.7% [95%CI (29.9%-75.6%); $\tau^2 < 0.001$; I² < 0.001; Q=1.390; p < 0.001]. The pooled Giemsa-smear microscopy prevalence for *Hepatozoon* in snakes (n=10) was 38.2% [95%CI (9.1%-67.3%); $\tau^2 < 0.001$; I² < 0.001; Q=0.716; p=0.01]. The pooled Giemsa-smear microscopy prevalence for *Anaplasma* in cattle (n=216) was 13.6% [95%CI (7.8%-19.4%); $\tau^2 = 0.007$; I² = 54.893; Q=37.688; p < 0.001]. The pooled Giemsa-smear microscopy prevalence for *Ehrlichia* in dogs and equines (n=138) was 6.2% [95%CI (2.2%-10.1%); $\tau^2 < 0.001$; I² < 0.001; Q=1.915; p=0.002]. The pooled Giemsa-smear microscopy prevalence for *Babesia* in cattle

and equines (N=126) was 5.1% [95%CI (0.2%-10.1%); $\tau^2 = 0.002$; I² = 51.28; Q=12.315; p=0.043].

Conclusions: The microscopic prevalence of hemoparasites in animals from this review yield high values for *Dirofilaria* and *Hepatozoon* in wild animals. Prospective studies are necessary in the region, in order to establish the real prevalence of these zoonotic and vector-borne diseases, that would be of concern for animal but also human health and ecosystems, even more in the context of the One Health approach.

..... ✕

D84 - Geographical trends of leishmaniasis and Chagas' disease in the Colombian Amazonic gate department, Caquetá, 2007-2018

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Sandra Milena Londoño-Páez³, Jorge Luis Bonilla-Aldana³, Yury Katherine Mateus³, Ignacio Antonio Vásquez-Hoyos³, Cristian Armando Carvajal-Murcia³, Daniela Juliana Toro-Gómez³, Juan J. García-Bustos^{3,4}, José Antonio Suárez⁵, Alfonso J. Rodríguez-Morales²

¹ Semillero de Zoonosis, Grupo de Investigación BIOECOS, Fundación Universitaria Autónoma de Las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Grupo de Investigación en Ciencias Animales Macagual, Universidad de La Amazonia, Florencia, Colombia

⁴ Grupo de Investigación en Patología e Inmunología, Doctorado en Medicina Tropical, Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

⁵ Departamento de Investigación Clínica, Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud, Ciudad de Panamá, Panamá

Introduction: Leishmaniasis and Chagas' disease, tropical conditions caused by species of the order Kinetoplastida, still have significantly burden in Latin America countries, including Colombia. Although that, certain areas lack of studies, as is the case of Caquetá, the Amazonic gate of Colombia.

Objective: To assess the incidence of leishmaniasis and Chagas' disease in Caquetá, Colombia, 2007-2018, and develop geographical information systems (GIS)-based municipal maps of both kinetoplastid diseases.

Methods: Using surveillance data of leishmaniasis (cutaneous and mucosal) and Chagas' disease in Caquetá, Colombia, incidence rates were estimated (cases/100,000 population). Fifty-two GIS-based municipal maps were developed. GIS software used was Kosmo 3.0™.

Results: During the study period, 4,818 cases of leishmaniasis and 35 of Chagas' disease were reported, for cumulated incidence rates of 1040.8 and 7.6 cases/100,000 pop. From the leishmaniasis cases, 97.2% corresponded to cutaneous (CL) form and 2.8% to mucosal (ML). Highest rates for CL and ML were at San Vicente del Caguán, 2,765.2 and 87.6 cases/100,000 pop, respectively, ranging

from 29.3 (2018) to 1,144.8 (2009) and from 0.0 (2018) to 16.4 (2009), respectively, followed by Cartagena del Chairá, 1,574.1 and 29.0, respectively, and Puerto Rico 528.5 and 9.1. ML was observed in 8 of the 16 municipalities. CL was observed in all the municipalities. Florencia, the capital, only reported 13.2% of the leishmaniasis cases (including 16.2% of the ML cases of the department), 38.5% at San Vicente del Caguán. For Chagas' disease, highest rates were at Morelia, 26.5, and Albania, 15.6, however, this condition was only reported between 2012 and 2016.

Discussion: These neglected diseases, probably are more unattended and subregistered, especially Chagas' disease, in the Caquetá department. There is probably urban CL and even ML in Florencia. Most cases, especially of ML, occurred in the previously occupied area by guerrillas (San Vicente del Caguán).

..... ✕

D85 - Distribución vectorial e infección por los virus del dengue, del Zika y chikungunya en Ibagué, Tolima

María C. Carrasquilla¹, Mario I. Ortiz¹, Cielo León¹, Silvia Rondón¹, Beate Sander^{2,3,4,5}, Benoit Talbot⁶, Manisha Kulkarni⁶, Heriberto Vásquez⁷, Camila González¹

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

² Toronto General Hospital Research Institute, University Health Network, Toronto, Canada

³ Institute of Health Policy, Management and Evaluation, University of Toronto, Canada

⁴ Public Health Ontario, Toronto, Canada

⁵ Institute for Clinical Evaluative Sciences, ICES, Toronto, Canada

⁶ School of Epidemiology and Public Health, University of Ottawa, Canada

⁷ Secretaría de Salud de Ibagué, Ibagué, Colombia

Introducción. En Colombia, el dengue es una enfermedad endémica que presenta picos de transmisión, mientras que los virus chikungunya y del Zika se introdujeron en el país y causaron epidemias en los periodos 2014-2015 y 2015-2016, respectivamente. Los tres arbovirus son transmitidos en el país por *Aedes aegypti*, aunque la presencia de *Ae. albopictus* también ha sido reportada.

El objetivo de este estudio fue determinar las densidades poblacionales de *Ae. aegypti* y *Ae. albopictus*, y las tasas de infección por los tres arbovirus en barrios con diferente nivel socioeconómico en Ibagué, Tolima.

Métodos. Entre junio de 2018 y mayo de 2019, se realizaron recolecciones mensuales de mosquitos adultos en barrios de diferente nivel socioeconómico, en Ibagué. Como métodos de recolección, se emplearon trampas BG *sentinel*, de reposo, CDC y aspiradores mecánicos. Se llevó a cabo la detección molecular de los virus por PCR en tiempo real.

Resultados. En todos los barrios muestreados, se detectó la presencia de *Ae. aegypti* y se reporta por primera vez la presencia de *Ae. albopictus* en Ibagué, aunque en densidades muy bajas. De los 1.471 *Ae. aegypti* recolectados, 802 fueron hembras y 669 machos. Se encontraron cuatro *pools* positivos para DENV-1 y uno para CHIKV en *Ae. aegypti* recolectados en barrios de estrato socioeconómico bajo.

Conclusiones. Los virus del dengue y chikungunya fueron detectados en *Ae. aegypti*, demostrándose la circulación de estos dos arbovirus en Ibagué; sin embargo, el porcentaje de hembras infectadas fue bajo. No se detectó circulación del Zika después de tres años del período epidémico que se presentó en el país. Independientemente del nivel socioeconómico, *Ae. aegypti* se encontró en todos los barrios muestreados; sin embargo, la infección por arbovirus en el vector solo se detectó en barrios de estrato socioeconómico bajo.

..... ✕

D86 - Importancia epidemiológica de *Aedes albopictus* en Medellín, Colombia

Guillermo L. Rúa-Urbe¹, Raúl A. Rojo², Enrique A. Henao², Juliana Pérez-Pérez¹

¹ Grupo de Entomología Médica, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Programa de Salud Ambiental, Secretaría de Salud de Medellín, Medellín, Colombia

Introducción. Medellín es una ciudad hiperendémica para dengue, y el vector implicado ha sido *Aedes aegypti*. Sin embargo, desde el 2011, se reportó en la ciudad la presencia de *Ae. albopictus*, especie que podría desplazar a *Ae. aegypti*.

Debido al riesgo potencial de *Ae. albopictus* en la transmisión de dengue, en el 2011, la Secretaría de Salud de Medellín (SSM) implementó un sistema de vigilancia vectorial con el objetivo de estimar la distribución espaciotemporal de *Ae. albopictus*.

Métodos. Mediante el empleo de trampas distribuidas por polígonos de Thiessen en la ciudad, las cuales son visitadas semanalmente desde el 2012, se recolectaron huevos de *Aedes* spp. El material recolectado fue transportado hasta el laboratorio para ser mantenido en condiciones de insectario y permitir la emergencia de mosquitos. Además, se recolectaron mosquitos adultos durante los levantamientos de índices entomológicos que periódicamente realiza la Secretaría de Salud de Medellín para detección viral por RT-PCR. El material entomológico se identificó empleando las claves taxonómicas correspondientes.

Resultados. Los primeros reportes indicaron la presencia de *Ae. albopictus* en tres sitios de Medellín. Sin embargo, luego de nueve años de vigilancia, se reportó en cerca del 80 % de los barrios. Se observó que la especie se encuentra ovipositando dentro de las viviendas en zonas muy urbanizadas, lo que podría indicar un proceso de urbanización. También, se determinó que *Ae. albopictus* se encuentra infectado con el virus del dengue y el del Zika.

Conclusiones. Aunque *Ae. albopictus* se ha incriminado como vector principal de dengue en algunos países de Asia, en Colombia aún no se ha precisado su papel vectorial. Sin embargo, dada su acelerada dispersión, proceso de urbanización y frecuente reporte de infección natural con virus del dengue, debería considerarse a *Ae. albopictus* como un mosquito de relevancia epidemiológica en Colombia. Se requieren estudios adicionales sobre competencia vectorial para ponderar su papel vectorial en el país.

..... X

D87 - Análisis proteómico de hemolinfa, glándulas salivales e intestino anterior en triatomínicos con capacidad lítica contra *Trypanosoma rangeli* y *Trypanosoma cruzi*

Hamilton Barbosa, Yazmín Suárez, Arlid Meneses, Julio C. Carranza, Gustavo Vallejo

Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

Introducción. La transmisión de *Trypanosoma cruzi*, causante de la enfermedad de Chagas y de *T. rangeli*, protozooario no patógeno para el hombre, involucra una compleja interacción con sus vectores triatomínicos y reservorios mamíferos. En los vectores *Rhodnius prolixus* y *R. robustus*, se detectaron factores tripanolíticos que destruyen algunos genotipos de *T. cruzi* y *T. rangeli* en las glándulas salivales, la hemolinfa y el intestino anterior. Ninguna de las seis especies de triatomínicos adicionalmente estudiadas, presentó actividad lítica en los mismos tejidos. La identificación de proteínas y mecanismos efectores implicados en esta actividad lítica, permitirán entender el proceso de transmisión selectiva de los tripanosomátidos.

Metodología. Se extrajeron proteínas de glándulas salivales, hemolinfa e intestino anterior de *R. prolixus* (vector con actividad tripanolítica) y *R. colombiensis* (vector sin actividad tripanolítica), y se identificaron por LC/MS/MS. Para el análisis de los espectros, se empleó MASCOT con un puntaje menor de $p < 0,05$. Mediante Scaffold_4.0, se validaron las proteínas con una identidad igual o superior a 90 %. Se filtraron proteínas de reacción inmunitaria y se hizo un perfil cuantitativo de la expresión en ambas especies con base en un método *label-free*.

Resultados. Se obtuvo el proteoma de glándulas salivales, hemolinfa e intestino anterior de *R. prolixus* y *R. colombiensis*, detectándose mayor número y diversidad de proteínas de *R. prolixus* en glándulas salivales, hemolinfa e intestino anterior, con 111, 1.415 y 22, respectivamente. Para *R. colombiensis*, se detectaron 93 en hemolinfa, 768 en glándulas salivales y 16 en intestino anterior. *R. prolixus* presentó proteasas exclusivas glándulas salivales y hemolinfa. Las nitroforinas se detectaron en mayor abundancia en los tres tejidos de *R. prolixus* y estuvieron ausentes o en muy baja proporción, en *R. colombiensis*.

Conclusiones. Las proteínas exclusivas relacionadas con inmunidad en *R. prolixus* y su sobreexpresión, sugieren que podrían estar implicadas en la actividad lítica observada, afectando la transmisión selectiva de los parásitos.

..... X

D88 - Coinfección por *Leishmania* spp. y *Trypanosoma cruzi* en perros domésticos de un área urbana del Caribe colombiano

Matilde Elena Rivero-Rodríguez^{1,2}, Alveiro Pérez-Doria¹, Karol Rueda¹, Samanta das Chagas Xavier³, Ana Jansen³, Omar Cantillo⁴, Eduar Elías Bejarano¹

¹ Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

² Doctorado en Medicina Tropical – SUE Caribe, Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia

³ Laboratorio de Biología de Tripanosomatídeos, FIOCRUZ, Rio de Janeiro, Brasil

⁴ Grupo de Biología y Control de Enfermedades Infecciosas, Sede de Investigación Universitaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. En el municipio de Ovejas, se encuentra un reconocido foco de leishmaniasis de Colombia, donde ha comenzado la urbanización de esta parasitosis. Por otro lado, no se han realizado estudios sobre *Trypanosoma cruzi* en la zona. Por esta razón, nos propusimos evaluar la coinfección por *Leishmania* spp. y *T. cruzi* en perros domésticos del área urbana del municipio de Ovejas, Colombia.

Métodos. Se recolectaron 120 muestras de perros mestizos mayores de tres meses, cuyos propietarios firmaron el consentimiento informado. La evaluación serológica se hizo con las técnicas de IFI, ELISA y DPP. Además, se amplificó (PCR) y secuenció una región conservada del minicírculo de *Leishmania* spp., y se practicó una PCR con los cebadores TCZ1 y TCZ2, que flanquean una región del ADN nuclear de *T. cruzi*.

Resultados. Se encontró una seroprevalencia de 45,83 % (55/120) para *Leishmania* spp. y de 67,5 % (81/120) para *T. cruzi*, y en el 38,3 % (46/120) de los perros se detectó coinfección. Hubo asociación estadística entre el grupo etario conformado por perros de 36 meses de edad o menores y la coinfección, al igual que con la

seropositividad para *T. cruzi*. La detección molecular arrojó una frecuencia de infección con *Leishmania* spp. de 25 % (n:30/120) y, con *T. cruzi*, de 10,20 % (n:10/98).

Conclusión. Se registra por primera vez la coinfección por *Leishmania* spp. y *T. cruzi* en perros de áreas urbanas del Caribe colombiano. Además, este es el primer reporte de infección por *T. cruzi* en perros del área urbana de este municipio, lo que demuestra la circulación del reconocido agente patógeno en la zona, a pesar de la ausencia de casos humanos recientes registrados de la enfermedad.

..... ✕

D89 - Distribución de mosquitos (Díptera: Culicidae) asociados al domicilio y su potencial como vectores de arbovirus en el municipio de Sincelejo, departamento de Sucre

Suljei Cochero-Bustamante^{1,2}, Luis Julio Vega³, José Amed Martínez³, Omaira Meza-Primerio³, Milet Zabaleta-Vanegas³, Manuel Olivares-Martínez⁴

¹ Doctorado en Medicina Tropical, Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia

² Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

³ Secretaría de Salud de Sincelejo, Sincelejo, Colombia

⁴ Secretaría de Salud de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. La familia Culicidae ha sido ampliamente estudiada por su importancia como vectores de arbovirus. El dengue es la enfermedad por arbovirus más común en el mundo, 40 % de la población mundial vive en zonas de transmisión del virus.

Este trabajo tiene como objetivo determinar los índices entomológicos para *Aedes aegypti*, y la diversidad y abundancia de mosquitos diurnos asociados al domicilio en el área urbana del municipio de Sincelejo.

Métodos. Para estimar los indicadores entomológicos de *A. aegypti*, se utilizó un muestreo por conglomerados, y se inspeccionaron 1.533 viviendas y 6.205 depósitos. Durante junio y julio de 2019, se realizaron capturas de mosquitos adultos en 24 barrios, utilizando la red entomológica. Se estimaron los índices de diversidad y abundancia de las especies capturadas. Los mosquitos se identificaron siguiendo las claves y descripciones de Clark y Darsie 1983, Rueda, 2003, y Lane 1983.

Resultados. Se capturaron 2.642 mosquitos adultos (1.434 hembras y 1.208 machos), se identificaron cuatro géneros y 12 especies: *Aedes aegypti*, *Ae. scapularis*, *Psorophora cingulata*, *P. albipes*, *Culex interrogator*, *Ae. taeniorhynchus*, *Mansonia indubitans*, *M. titillans*, *C. melanoconion* sp., *C. quinquefasciatus*, *C. coronator* y *C. nigripalpus*. En recipientes artificiales, se encontraron larvas de *Ae. aegypti* y *C. quinquefasciatus*. El 93 %

de los ejemplares correspondieron a *Ae. aegypti* y los tanques son los principales criaderos. Los indicadores entomológicos determinados son elevados: de viviendas, 29 %, de depósitos, 14 %, de Breteau, 55 %, de viviendas con pupas, 8 %, y de depósitos con pupas, 4 %.

Conclusión. El área de estudio muestra una elevada diversidad y abundancia de especies de mosquitos, y varias de las especies recolectadas son vectores de enfermedades como dengue y encefalitis virales. Los estudios encaminados a conocer la distribución de las poblaciones de mosquitos domiciliarios, permiten establecer el riesgo de transmisión de arbovirus y aportar recomendaciones sobre prevención, vigilancia y control a las autoridades de salud.

..... ✕

D90 - Circulación de *Trypanosoma cruzi* (Kinetoplastea: Trypanosomatidae) en perros de zonas urbanas de Sincelejo, departamento de Sucre

Jesús David Guerra-Castillo¹, Yasmir Arroyo-Munive², Karol Liseth Rueda-Concha¹, Luis Enrique Paternina-Tuirán¹

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

² Veterinaria de mascotas

Antecedentes. Desde el 2012, existe evidencia de triatomíneos (*Pastrongylus geniculatus* y *Rhodnius prolixus*) infectados con el parásito *Trypanosoma cruzi* en áreas urbanas del municipio de Sincelejo. Muy a pesar de los desconcertantes antecedentes, no existen estudios sobre la circulación del parásito en humanos ni animales domésticos de la ciudad. Por esta razón, el objetivo de este trabajo fue evaluar la circulación de *T. cruzi* en perros residentes de zonas urbanas de la ciudad, mediante pruebas moleculares.

Métodos. Las muestras de sangre (1 ml) fueron obtenidas en una clínica veterinaria de referencia de Sincelejo y, además, se obtuvieron datos básicos de los animales. El ADN se extrajo con el método de alta concentración de sales/cloroformo: isoamilalcohol, y los parásitos se detectaron mediante la amplificación específica de una región de 180 pb del ADNsat de *T. cruzi*; los datos de positividad fueron cruzados con información de los datos del animal.

Resultados. Se analizaron muestras de 100 animales (50 machos y 50 hembras), 20 machos y 17 hembras fueron positivos a ADNsat de *T. cruzi*, lo cual indica que el 37 % (37/100) de los perros estudiados estaban activamente infectados con este parásito; se detectaron animales positivos en edades de 3 a 156 meses y procedentes de 27 de 64 barrios de la ciudad, así como animales de 14 de 22 razas caninas analizadas.

Conclusión. Los resultados constituyen la primera evidencia de la circulación de *T. cruzi* en perros residentes de zonas urbanas de Sincelejo, lo cual representa un hallazgo de interés en salud pública, dada la importancia zoonótica de estos protistas y la existencia de animales infectados en un amplio rango de edad y numerosas razas animales. Esta situación puede denotar la circulación silenciosa de estos parásitos en esta ciudad del Caribe colombiano.

..... ✕

D91 - Caracterización de la transmisión de la malaria en la interfase rural-urbana: importancia de la detección reactiva de casos

Karen Molina Gómez^{1,7}, M. A. Caicedo¹, A. Gaitán¹, M. Herrera-Varela¹, M. I. Arce¹, A. F. Vallejo¹, J. Padilla², P. Chaparro³, M. A. Pacheco⁴, A. A. Escalante⁴, Myriam Arévalo-Herrera^{5,6}, Sócrates Herrera⁵

¹ Malaria Vaccine and Drug Development Center, Cali, Colombia

² Ministerio de Salud y Protección Social de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

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

⁴ Department of Biology/Institute for Genomics and Evolutionary Medicine, Temple University, Philadelphia, PA, USA

⁵ Centro Científico para la Investigación Caucaseco, Cali, Colombia

⁶ Laboratorio Clínico y Escuela de Bacteriología, Facultad de Salud, Universidad del Valle, Cali, Colombia

⁷ Departamento de Pediatría, Universidad Icesi, Cali, Colombia

Introducción. El reporte de casos de malaria urbana en Latinoamérica está en crecimiento, sin embargo, la evidencia aún es insuficiente.

Este estudio muestra la caracterización epidemiológica y entomológica, y la genotipificación parasitaria de la transmisión de la malaria en la interfase rural a urbana.

Metodología. Se realizó un estudio que combina la detección activa de casos, pasiva y reactiva en zonas urbanas y periurbanas de barrios de Quibdó, Colombia. Cada cabeza de hogar fue entrevistada y, en cada casa, se hicieron estudios de prevalencia y determinación de factores de riesgo para malaria. Se identificaron 16 casos primarios, 8 por detección activa y 8 por detección pasiva, los cuales fueron incluidos para hacer detección reactiva de casos a su alrededor.

Resultados. Usando la estrategia de la detección reactiva de casos, se encontró una prevalencia de 1 % (6/604) por microscopía y de 9 % (52/604) por reacción en cadena de la polimerasa (qPCR). Se incluyeron 73 casas y 289 voluntarios y, de estos, 41 casos secundarios, todos ellos de las zonas periurbanas (prevalencia del 14 %). La mayoría de los casos secundarios eran genéticamente distintos de los casos primarios. *Plasmodium vivax* fue la especie predominante (76,3 %, 71/93) y la mayoría de los casos eran asintomáticos (46/71). Se encontraron 24 criaderos en los barrios periurbanos. De 1.305 mosquitos vectores

analizados, el 56,2 % fue *Anopheles nuneztovari* y 42,55, *An. darlingi*. Se confirmó por ELISA que un mosquito *An. nuneztovari* estaba infectado por *P. falciparum*.

Conclusiones. Este estudio no evidencia la existencia de la transmisión de malaria urbana en Quibdó. En áreas donde la transmisión de la malaria es variable e inestable, la estrategia de detección reactiva de casos fue más eficiente para identificar casos de malaria, comparada con la activa. La genotipificación parasitaria permite descubrir patrones ocultos de la transmisión de la malaria donde no ha podido ser detectada por otros métodos. Se propone el uso del término "caso focal" para aquellos casos primarios que permitieron, a partir de ellos, realizar una búsqueda secundaria de casos, aunque no estuvieran genéticamente relacionados con la transmisión de la malaria.

..... ✕

D92 - Reporte de caso: brote de la enfermedad aguda de Chagas por transmisión oral en San José del Palmar, Chocó, Colombia

Astrid Carolina Flórez-Sánchez¹, Ricardo Andrés Caicedo², Maryi Lorena Segura-Alba¹, Adriana Catherine Castillo¹, Jessica Paola Bautista-Silva¹

¹ Grupo de Parasitología, Subdirección Laboratorio Nacional de Referencia, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

² Dirección de Vigilancia y Análisis del Riesgo, Grupo de Enfermedades Transmisibles, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La enfermedad de Chagas es una zoonosis causada por *Trypanosoma cruzi*. La Organización Mundial de la Salud (OMS) ha calculado que hay, aproximadamente, 7 millones de personas infectadas en el mundo, y la prevalencia ha aumentado por la alta tasa de migración, el cambio climático y las prácticas culturales en la alimentación. En Colombia, para el 2019, han aumentado los brotes de enfermedad aguda de Chagas asociados con la transmisión oral.

Metodología. Se trata de un estudio de foco en el municipio de San José del Palmar (Chocó), en el que se realizaron exámenes directos (frotis de sangre periférica, gota gruesa, micrométodo), pruebas inmunológicas (ELISA, antígenos totales, antígenos recombinantes, inmunofluorescencia indirecta) y técnicas moleculares (reacción en cadena de la polimerasa, PCR) en pacientes sintomáticos o con nexo epidemiológico con el caso índice.

Resultados. Los exámenes directos fueron positivos solo en el caso índice, el inmunodiagnóstico fue negativo en las 59 personas muestreadas y el diagnóstico molecular fue positivo para un familiar del caso índice, quien manifestó haber consumido sangre de *Dasypodidae* spp.

Conclusiones. El consumo de sangre de *Dasypodidae* spp. en municipios del Chocó, está asociado con la

alimentación con animales silvestres y la medicina tradicional, por lo que, este es un factor de riesgo para contraer la enfermedad de Chagas. Se destaca que este es el primer reporte de caso de enfermedad aguda Chagas con origen en la transmisión oral por consumo de sangre de este reservorio.

..... ✕

D93 - Caracterización molecular y detección morfológica de *Trypanosoma* spp. en mamíferos silvestres de Arauca, Colombia: un acercamiento a potenciales reservorios

María Paula Trujillo-Betancur, Juan David Carvajal-Agudelo, Héctor E. Ramírez-Chaves, Fredy Arvey Rivera-Páez*
Grupo de Investigación GEBIOME, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Caldas, Manizales, Colombia
fredy.rivera@ucaldas.edu.co

Introducción. La tripanosomiasis es causada por protozoarios del género *Trypanosoma*, y los vectores más conocidos son especies hematófagas de triatomíneos (familia Reduviidae). Colombia es uno de los países más afectados por la falta de estructura en salud pública, y el desconocimiento de zonas endémicas y los reservorios potenciales de la enfermedad. Entre los reservorios menos estudiados, están los mamíferos silvestres, que juegan un papel importante en el mantenimiento y circulación de especies de *Trypanosoma*. La información sobre reservorios silvestres es vital para el conocimiento de la dinámica de la tripanosomiasis.

Metodología. Se recolectaron 440 pequeños mamíferos silvestres (marsupiales, quirópteros y roedores) en el departamento de Arauca. Se obtuvieron muestras sanguíneas para la observación por microscopía y la detección de ADN de *Trypanosoma cruzi* y *T. rangeli* por medio de PCR específicas. Además, se hizo la caracterización genética de *T. cruzi* (Tcl-TclV) y *T. rangeli* (\pm). Los datos obtenidos se utilizaron para correlacionar la prevalencia de *Trypanosoma* spp. con los huéspedes silvestres.

Resultados. Se han obtenido prevalencias de detección morfológica (DM) y molecular (ML), correspondientes a *T. cruzi* de los roedores *Proechymis* spp. (DM=17,6 %, ML=11,7 %, n=17), *Hydrochaeris hydrochaeris* (ML=0 %, n=7), los murciélagos *Phyllostomus* spp. (DM=11,11 %, ML=44 %, n=9) y el marsupial *Didelphis marsupialis* (ML=20 %, DM=10 %, n=10); *T. cruzi*: 66 %, *T. rangeli*: 33 %.

Conclusiones. Las especies del género *Proechymis* pueden considerarse potenciales reservorios de *Trypanosoma* spp., puesto que son prolíficos y abundantes. Además, son huéspedes primarios para especies de vectores y posiblemente susceptibles ante la infección. Aunque las especies de triatomíneos son los vectores más

estudiados para la transmisión de tripanosomas, se debe indagar sobre el papel que pueden jugar otros vectores. Se ha comprobado la transmisión de *Trypanosoma* spp. en especies de los géneros *Culex*, *Culicoides* y especies de Simuliidae, entre otras.

..... ✕

D94 - Vigilancia por laboratorio de malaria: actividades y estructura de la red de diagnóstico, Colombia, 2018

Liliana Jazmín Cortés, Martha Stella Ayala, Astrid Carolina Flórez
Grupo de Parasitología, Subdirección Laboratorio Nacional de Referencia, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, Colombia

Introducción. La malaria es una enfermedad transmitida por vectores, endémica en el 85 % de Colombia; se debe contar con una red de diagnóstico de amplia cobertura y con un programa de gestión de calidad. El análisis del condensado anual de malaria (31 Laboratorios de Salud Pública y la Secretaría de Salud de Bogotá) permite generar actividades de apoyo y mejora desde el Grupo de Parasitología y el Laboratorio Nacional de Referencia del Instituto Nacional de Salud.

Metodología. Se trata de un estudio descriptivo y de corte transversal a partir de fuentes secundarias (condensado anual), para determinar la conformación y la estructura de red y las actividades de gestión de calidad a nivel departamental y municipal (diagnóstico, capacitación, evaluación externa directa e indirecta del desempeño y visitas de asistencia técnica).

Resultados. Información de 32/33 Laboratorios de Salud Pública: red de diagnóstico en 503 municipios: 1.987 laboratorios clínicos, 381 puestos de microscopía y 95 puestos de pruebas rápidas que contaron con 844 visitas de supervisión, 1.301 personas capacitadas y 336 radiestramientos. Se examinaron 202.166 gotas gruesas y fueron positivas 45.462: 24.975 para *P. falciparum*, 19.988 para *P. vivax* y 491 mixtas. En los puestos de pruebas rápidas, se realizaron 13.252 pruebas y fueron positivas 3.407: 1.384 para *P. falciparum*, 1.616 para *P. vivax* y 407 mixtas.

En cuanto a evaluación externa directa e indirecta del desempeño a nivel departamental, se obtuvo: PEED (31/33), concordancia general 80 %, especie 77 %, estadios parasitarios 48 % y recuento 97 %; PEID (14/33), concordancia general 100 %, índice kappa general y de especie, 1,0. A nivel municipal, se encontró: PEED (14/33), concordancia 91 %; PEID (32/33), concordancia positiva, 95 %, y concordancia negativa, 99 %, índice kappa general y de especie, 0,94, y concordancia de recuento, 79 %.

Conclusiones. Los resultados obtenidos en el PEDD departamental, así como la baja participación del nivel municipal, sugieren que se debe hacer mayores esfuerzos para la implementación de procedimientos que permitan promover y vigilar la calidad del diagnóstico de malaria, y hacer readiestramientos para fortalecer los conocimientos con el fin de garantizar un tratamiento oportuno y seguro.

..... ✕

D95 - Chikungunya and Zika natural and experimental infection rates by molecular and immunological techniques in animals: A systematic review and meta-analysis

Stephania Jiménez-Cruz^{1,2}, D. Katterine Bonilla-Aldana^{2,3}, Sebastián Ramírez², Alfonso J. Rodríguez-Morales^{1,2}

¹ Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

² Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Grupo de Investigación en Ciencias Agropecuarias, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

Introduction: Description of many arboviral diseases occurred in animals, including alphaviruses/ flaviviruses, such as chikungunya (CHIKV) and Zika (ZIKV). There is still a lack of studies assessing its reservoir role, especially after intense epidemics in the Americas, particularly due to low-power studies evaluating it.

Objective: To assess the combined prevalence of CHIKV and ZIKV animal infections.

Methods: We performed a literature systematic review in six databases (Web of Sciences/Scopus/PubMed/SciELO/Lilacs/Google Scholar) to assess the proportion of animals infected with CHIKV and ZIKV (molecular and/or immunologically). A meta-analysis with random-effects model was performed to calculate the pooled prevalence and viremia (standardized mean), and 95% confidence intervals (95%CI). Measures of heterogeneity (Cochran's Q-statistic, I² index, and τ^2 test), were reported. Subgroup analyses were conducted by arbovirus and animal classes.

Results: Till July 1st, 2019, the literature search yielded 2,639 articles (719 on CHIKV and 1,920 on ZIKV), of which only 9 studies were valid for analysis. The pooled PCR+ prevalence of CHIKV (n=192) was 30.1% [95%CI (17.5%-42.7%); $\tau^2=0.160$; I²=87.94; Q=381.43; p<0.001], highest value 97.6% (*Lithobates*). For the pooled mean peak CHIKV viremia (n=154) was 2.051 log₁₀ PFU/ml [95%CI (1.720-2.382); $\tau^2=1.230$; I²=99.997; Q=1453595.042; p<0.001], highest at *Eptesicus fuscus* (5.500; 4.389-6.611) and *Mesocricetus auratus* (5.500; 3.484-7.516). The pooled CHIKV seroprevalence (n=715) was 38.3% [95%CI (31.6%-45.0%); $\tau^2=0.060$; I²=87.967; Q=631.603; p<0.001], highest adjusted values were in

Alligator mississippiensis (92.9%) and *Thamnophis sirtalis* (91.7%). The pooled PCR+ ZIKV prevalence (n=152) was 4.8% [95%CI (1.0%-8.6%); $\tau^2<0.001$; I²=21.94; Q=2.562; p=0.013], highest value reported 9% (*Callitrichidae*). The pooled ZIKV seroprevalence (n=6,119) was 4.3% [95%CI (3.0%-5.6%); $\tau^2=0.001$; I²=90.495; Q=326.152; p<0.001], highest adjusted values were in *Cercopithecidae* (50%) and *Gymnocephalus cernua* (50%).

Conclusions: While *Aedes* is critical for human CHIKV/ ZIKV epidemics, they persist in sylvatic transmission cycles involving animals. Studies concluded that the infection frequency and seroprevalence for them is low among animals. However, approximately a third of animals, PCR-tested for CHIKV were positive, with higher seroprevalence. For ZIKV levels were lower (PCR and serology). Then, more studies are needed.

..... ✕

D96 - Molecular prevalence of bovine ehrlichiosis: A global systematic review and meta-analysis

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Keidenis Quintero-Rada³, Juan Pablo Montoya-Posada³, Alfonso J. Rodríguez-Morales²

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Agropecuarias, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Programa de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Fundación Universitaria Autónoma de Las Américas, Pereira, Colombia

Introduction: *Ehrlichia* species are able to infect cattle, in addition to species belonging to the genus *Anaplasma*. Albeit that, *Ehrlichia ruminatum* and *E. minasensis*, are species that are not well known, even among veterinarians. Given the low knowledge on bovine ehrlichiosis, and no previous systematic reviews and metaanalysis about that, we collected studies in order to assess the molecular prevalence globally.

Methods: We performed a literature systematic review in six databases (Web of Sciences/Scopus/PubMed/SciELO/Lilacs/Google Scholar) to assess the molecular prevalence of cattle to *Ehrlichia*. A metaanalysis with random-effects model was performed to calculate the pooled prevalence, and 95% confidence intervals (95%CI). Measures of heterogeneity (Cochran's Q-statistic, I² index, and τ^2 test), were reported. Subgroup analyses were conducted by *Ehrlichia* species, country and regions.

Results: Till August 1st, 2019, the literature search yielded 1,051 articles, of which 71 studies were fully valid for analysis. The pooled molecular prevalence for *Ehrlichia* at individual level (n=6,232) was 2.3% [95%CI (1.7%-2.9%); $\tau^2=0.001$; I²=81.944; Q=387.685; p<0.001], highest value 82.4% (China, 2016). Studies identified the highest

pooled molecular prevalence for *E. canis* of 6.6% [95%CI (0.6%-12.7%); $I^2=90.74$; $Q=43.208$; $p<0.001$]. Followed by *E. ruminantium* ($n=4,695$ [75.33%] 52 studies) with 1.7% [95%CI (1.1%-2.3%); $I^2=77.29$; $Q=224.569$; $p<0.001$]. For *E. chaffensis*, 1.5% [95%CI (0.0%-0.3%); $I^2=60.96$; $Q=12.806$; $p=0.025$]. For *E. minasensis*, only one study was included (3%). The country with highest prevalence was Grenada (1), 50%, followed Saint Kitts (1) 25.7%, and Dominica (1) 14.1%. In China, with 18 included studies, mol-prevalence was 1.8% [95%CI (0.7%-3.0%); $I^2=87.54$; $Q=136.50$; $p<0.001$]. Asia (18 studies) and Africa (48) contributed most. Africa mol-prevalence was 1.8% (95%CI 1.1%-2.4%). Americas (5) yield 13.2% (95%CI 0.6%-27.0%). Twelve studies were in *Bos taurus* and four in *B. indicus*.

Conclusions: Heartwater (*E. ruminantium*) is a notifiable disease that is listed by the World Organization for Animal Health. The risk that endemic heartwater could become established in the Americas is very real given the climate. Also, *E. minansensis*, *E. chaffensis* and even *E. canis*, have been detected in cattle.

..... ✘

D97 - Un nuevo método de punto de atención para la identificación efectiva de la seroprevalencia de dengue en comunidades endémicas

Chong Zhuo Lin^{1,4}, Filippo G. Bosco², Marco Donolato², Shamala Devi Sekaran³, Laura C. Bohórquez⁵

¹ Department of Social and Preventive Medicine, Faculty of Medicine, University of Malaya, Malaysia

² BluSense Diagnostics ApS, Copenhagen, Dinamarca

³ Faculty of Medicine and Biomedical Sciences, MAHSA University, Petaling Jaya, Malasia

⁴ Petaling District Health Office, Selangor State Health Department, Ministry of Health, Petaling Jaya, Malaysia

⁵ BluSense Diagnostics ApS, Copenhagen, Dinamarca

Introducción. Solo una cuarta parte de los 100 millones de infecciones anuales de dengue en todo el mundo es detectable. Para estimar la rentabilidad y seguridad de los programas de control, son necesarios estudios de seroprevalencia eficientes que detecten la proporción de la población con anticuerpos contra el dengue.

La validez de los resultados de pruebas con sangre capilar tiene implicaciones prácticas cuando se requiere mínima invasión y rapidez. ELISA es una prueba cuantitativa de interpretación objetiva, pero requiere tiempo, habilidades y gran volumen de muestra. BluSense Diagnostics desarrolló un novedoso estudio inmunomagnético que permite la detección cuantitativa de anticuerpos IgG en un volumen pequeño de muestra en 6 minutos, utilizando BluBox y los cartuchos ViroTrack portátiles.

Metodología. La capacidad de detección de ViroTrack IgG se probó utilizando sangre capilar (0,01 ml). Este

estudio de seroprevalencia transversal en campo, se realizó en 250 hogares con 504 participantes en el distrito de Petaling, Malasia. La recolección de muestras se hizo en agosto-octubre de 2018. Se analizaron cinco grupos de edad, en dos áreas urbanas diferentes, con tasas de incidencia reportadas de cinco años de 6 % y 14 %, respectivamente. Los estudios de comparación con sangre venosa recolectada mediante punción venosa (2 a 5 ml, según el grupo de edad) fueron: Panbio ELISA IgG indirecta e inhibición de la hemaglutinación.

Resultados. Se observó una tasa de seroprevalencia global del 74,2 % (IC_{95%} 70,2 %-78,1 %), 75,2% (IC_{95%} 71,4 %-79,0 %) y 72,8 % (IC_{95%} 68,8 %-76,7 %) con ViroTrack, ELISA indirecta e inhibición de la hemaglutinación, respectivamente; con rango de 45,6 % (<10 años) a 90,9 % (>60 años).

La sensibilidad y la especificidad general de ViroTrack fueron 95,3 % y 95,5 %, respectivamente, con ELISA como referencia. La especificidad general de ViroTrack y ELISA fue de 71,4 % y 68,7 %, respectivamente, con la inhibición de la hemaglutinación como referencia.

Se estima que el estudio de seroprevalencia realizado con ViroTrack conlleva costos totales de alrededor de un tercio de los métodos convencionales. Además, el tiempo estimado de finalización del estudio se estima en 4 a 5 semanas con ViroTrack, y en 4 a 5 meses con ELISA.

Conclusiones. Los rendimientos de ViroTrack con sangre capilar se comparan con los de ELISA indirecta e inhibición de la hemaglutinación, mostrando una excelente correlación en cuantificación numérica y sensibilidad en todos los grupos de edad. En términos de rentabilidad, ViroTrack funciona mejor en comparación con las pruebas ELISA (o inhibición de la hemaglutinación), siendo un candidato potencial para abordar la grave subestimación de la verdadera carga del dengue.

..... ✘

D98 - Evaluación del desempeño del sistema de vigilancia epidemiológica de la enfermedad de Chagas en el departamento del Valle del Cauca, 2017

Diana Paola Moreno-Alegría*, Lyda Osorio

Universidad del Valle, Cali, Colombia

* dipa.moreno@hotmail.com

Introducción. La enfermedad de Chagas afecta principalmente a Suramérica; sin embargo, el aumento de migraciones ha ocasionado su expansión a zonas no endémicas. Ingresa como evento de vigilancia nacional en Colombia en el 2012 y, hasta la fecha, no se han realizado evaluaciones de este sistema. El Valle del Cauca, a pesar de no ser endémico, tiene presencia potencial del vector.

Metodología. Se realizó una investigación evaluativa con base en la guía metodológica de los *Centers for Disease Control and Prevention* (CDC) para evaluar sistemas de vigilancia. Se emplearon métodos cuantitativos y cualitativos para evaluar atributos de sensibilidad, calidad, oportunidad y aceptabilidad. Además, se realizó análisis de series de tiempo y descripción espacial por municipio, de la seroprevalencia estandarizada de *Trypanosoma cruzi* en bancos de sangre del Valle del Cauca.

Resultados. La sensibilidad del sistema fue del 17,24 % (IC_{95%} 11,34-23,14). La oportunidad de notificación en Sivigila fue de 0 a 264 días (mediana: 2,5 días; RIQ=28 días) desde la consulta médica y de 75,5 días en promedio (DE=40,79) desde la identificación como donante reactivo en bancos de sangre. Las variables con menor porcentaje de calidad del registro fueron “clasificación clínica inicial” 59,52 % y “ajuste” 76,19 %. En aceptabilidad, se observaron limitaciones para el cumplimiento de las acciones de vigilancia.

Conclusiones. Se encontraron dificultades en el desempeño del programa, principalmente del atributo de aceptabilidad. Por lo tanto, el sistema no es útil para la caracterización del comportamiento real de los casos, pero logra dar respuesta por medio de investigaciones de campo a aquellos sí identificados. Se observó que es importante continuar con la estrategia de vigilancia rutinaria, fortaleciendo el uso de la información de bancos de sangre y de RIPS, además de aumentar la conciencia de la enfermedad en el personal de salud, de vigilancia y en los tomadores de decisiones.

..... ✕

D99 - Factores asociados a viviendas infestadas por *Aedes aegypti* en un contexto de intervención educativa institucional continua, municipio de Castilla La Nueva, Meta

Adolfo Vásquez-Trujillo¹, Gabriel Parra-Henao^{1,2}, Doris Cardona-Arango¹

¹ Grupo Observatorio de la Salud Pública, Escuela de Graduados, Universidad CES, Medellín, Colombia

² Grupo Centro de Investigación en Salud para el Trópico, Universidad Cooperativa de Colombia, Santa Marta, Colombia

Introducción. Las estrategias de educación y cambios de conductas para el control de *Aedes aegypti* en los territorios, han sido impulsadas desde el Estado por su sostenibilidad. Este tipo de estrategia se ha implementado continuamente desde el establecimiento en la estrategia de gestión integrada en el municipio de Castilla La Nueva. Sin embargo, son constantes las epidemias de dengue e infestación por *Ae. aegypti*, estableciendo la necesidad de conocer los factores relacionados con la infestación de viviendas. Se estableció la relación entre viviendas

infestadas por *Ae. aegypti* y factores ambientales, de comportamiento, socioeconómicos e institucionales, en el municipio de Castilla La Nueva, Meta.

Metodología. Se realizó un estudio transversal, y se visitaron 307 viviendas mediante un muestreo sistemático. Se hizo una encuesta multidimensional a la comunidad, se determinó el índice de vivienda y se tomó en escala dicotómica (1=positivo, 0=negativo). Se hicieron el análisis descriptivo univariado y el análisis bivariado mediante pruebas de ji al cuadrado y razón de momios (*odds ratio*). Los análisis multivariados se hicieron usando modelos de regresión logística. Los datos se procesaron con el programa R, versión 3.6.1.

Resultados. El municipio presentó una proporción de infestación de viviendas del 33,2 %; el tanque lavadero fue el de mayor positividad (22,1 %); la proporción de los conocimientos de la población sobre el vector (94,5 %) y el dengue (92 %), fue alta. Con relación a los factores, se identificó una importante con las dimensiones comportamiento, conocimiento y ambiental, destacándose la movilidad fuera del municipio (OR=1,19; IC_{95%} 1,03-1,37), el conocimiento del vector (OR=1,07; IC_{95%} 1-1,15) y la presencia de tazas de mascotas (OR=4,59; IC_{95%} 2,41-8,75).

Conclusiones. La infestación de viviendas está asociada principalmente con condiciones ambientales peridomésticas que propician el aumento de los criaderos dentro de ellas. Los factores de comportamiento y de conocimiento evidencian que las estrategias educativas ofertadas deben reforzarse o replantearse con estrategias participativas comunitarias activas, integrándolas a la vigilancia y el control entomológico.

..... ✕

D100 - Amplificación isotérmica mediada por bucle (LAMP): un nuevo método de diagnóstico molecular de la malaria en zonas de baja transmisión

Sonia Marcela Herrera^{1,2}, Jessica Gómez², Eydi Zúñiga², Michel Pardo¹, Juan Sebastián Ramírez¹, Gustavo Clemen¹, María Fernanda Pedreros¹, Nicolás Ortiz⁴, Andrés Hoyos¹, Juan Carlos Corrales⁴, Myriam Arévalo-Herrera^{2,3}

¹ Centro de Investigación Científica Caucaseco, Cali, Colombia

² AsoClinic, Laboratorio de Inmunología, Cali, Colombia

³ Centro Internacional de Vacunas, Cali, Colombia

⁴ Hospital Luis Ablanque de la Plata, Buenaventura, Colombia

Antecedentes. La malaria es una de las enfermedades infecciosas de mayor impacto en salud pública a escala mundial. Aunque las técnicas diagnósticas clásicas, como la microscopía y las pruebas de diagnóstico rápido, son técnicamente sencillas y económicas, adolecen de limitada sensibilidad y especificidad, hecho que limita el avance hacia la eliminación de la enfermedad que requiere la eliminación total de los casos. En los últimos años se

han desarrollado métodos moleculares como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para la detección de pacientes con bajas densidades de parasitemia. Sin embargo, la PCR demanda infraestructura sofisticada y tiene un alto costo. Recientemente, se desarrolló una prueba de amplificación isotérmica mediada por bucle (LAMP) con sensibilidad y especificidad similares a las de la PCR, de fácil aplicación en zonas endémicas.

Métodos. Se hizo una comparación entre técnicas tradicionales y LAMP en diferentes contextos epidemiológicos de Colombia, mediante búsqueda activa y reactiva de un total de 748 voluntarios asintomáticos, en los municipios de Guapi (corregimientos de Limones, n=120 y El Carmelo, n=118) (Cauca) y Buenaventura (n=510) (Valle). Los pacientes fueron diagnosticados por microscopía, PDR, Pan/Pf-LAMP y q-PCR y se estimaron la sensibilidad (S), la especificidad (E), el valor predictivo positivo (VPP) y el valor predictivo negativo (VPN) de cada una de las pruebas, con respecto a la prueba q-PCR como método de referencia (IC_{95%}).

Resultados. La microscopía mostró sensibilidad de 43 %, especificidad de 99 %, VPP de 90 % y VPN de 95 %. La PDR mostró: sensibilidad de 49 %, especificidad de 98 %, VPP de 68 % y VPN de 96 %. La LAMP mostró: sensibilidad de 100 %, especificidad de 95 %, VPP de 67 % y VPN de 100 %.

Conclusiones. Los resultados sugieren que la LAMP es una prueba muy sensible y específica en el diagnóstico de malaria en campo, de fácil uso y con ventajas en los programas de eliminación.

..... ✕

D101 - *Anopheles* spp.: retos de los planes de eliminación de malaria en el Pacífico colombiano

Juan Sebastián Ramírez¹, Michelle Pardo², Leonor Elena Quiñones³, María Angélica Riascos², Jorge Sequera⁴, Sócrates Herrera²

¹ Instituto de Salud del Pacífico, Buenaventura, Colombia

² Centro de Investigación Científica Cauceseco, Cali, Colombia

³ Secretaría de Salud de Buenaventura, Buenaventura, Colombia

⁴ Club Rotario Buenaventura Pacífico, Buenaventura, Colombia

Antecedentes. La malaria es una enfermedad causada por parásitos del género *Plasmodium*, que se transmiten al humano por la picadura de mosquitos del género *Anopheles*. En las estrategias de control y eliminación de la malaria, el control de vectores juega un papel preponderante; sin embargo, la gran diversidad de especies de vectores y el limitado conocimiento sobre su biología, representan un obstáculo mayor.

El objetivo de este estudio fue conocer la composición de especies, distribución y hábitos de picadura de los

principales vectores de malaria en Buenaventura y Guapi, con el fin de contribuir con las estrategias de control de la malaria en el Pacífico colombiano.

Métodos. El estudio se desarrolló en el marco de un proyecto financiado por el Sistema General de Regalías de los departamentos del Valle y el Cauca. Para un estudio transversal, se seleccionaron tres localidades en cada municipio, una periurbana y dos rurales, según el número de infecciones reportadas por el Sivigila en 2017 y 2018. En dichas localidades, se buscaron larvas en los criaderos de mosquitos *Anopheles*, en un radio de 300 m alrededor de las casas donde habitaban personas diagnosticadas con malaria (casos índice). Además, se recolectaron adultos con atrayente humano protegido, en el peridomicilio y el intradomicilio, para determinar su hábito de picadura.

Resultados. Los principales vectores encontrados fueron *Anopheles albimanus*, *An. nuneztovari* y *An. neivai*, los cuales presentaron diferentes comportamientos de picadura. Los principales criaderos positivos se encontraron cerca de las casas índice y correspondieron a pozos mineros abandonados, lagos de pesca, criaderos relacionados con viviendas u obras abandonadas y, en menor medida, desniveles o hundimientos del suelo.

Conclusiones. Se observaron importantes diferencias entre los criaderos periurbanos y los rurales, y una relación de algunos con actividad de minería, lo que implica un manejo diferencial de los mismos.

..... ✕

D102 - Epidemiología y factores de riesgo asociados a pediculosis *capitis* en una población escolar de Caloto, departamento del Cauca

Iván Camilo González-Hilamo*, Bayron Daryan Osorio-Benavides, David López-Valencia, Ángela Patricia Medina-Ortega, Víctor Hugo Campo-Daza, Luis Reinel Vásquez
Centro de Estudios en Microbiología y Parasitología, Departamento de Medicina Interna, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia
* icgonzalez@unicauca.edu.co

Introducción. La pediculosis *capitis* es una parasitosis que afecta la piel, el cuero cabelludo y el cabello. Tiene una distribución mundial y afecta principalmente a la población infantil. El agente causante de la pediculosis *capitis* es *Pediculus capitis*, un insecto hematófago. Tiene repercusiones desde el punto de vista escolar, laboral, psicológico, económico y social, por el estigma que genera.

El objetivo del proyecto fue determinar la prevalencia de infestación por piojos de la cabeza en tres instituciones de educación primaria de Caloto, Cauca.

Métodos. Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal en una población escolar de Caloto, Cauca. Se divulgó el proyecto en la comunidad, se diligenció el consentimiento informado, se hizo la encuesta y se procedió a la recolección de los estadios de piojos con peines para piojos. Para el análisis estadístico, se utilizó el paquete estadístico SPSS™.

Resultados. La prevalencia de pediculosis *capitis* en la población infantil estudiada fue de 17,6 % (49/279), mayor en las niñas, con 30,6 % (44/144). Las variables asociadas a la ectoparasitosis fueron el sexo femenino y la longitud del cabello mayor de 5 cm.

Conclusión. Esta es la primera investigación sobre pediculosis realizada en Caloto, Cauca, y permite evidenciar que sigue siendo un problema de salud en la población infantil en diferentes regiones de Colombia. Sería importante hacer campañas de promoción, prevención y desparasitación.

..... ✕

D103 - Detección de anticuerpos IgG frente a rickettsias del grupo de las fiebres manchadas en animales domésticos del departamento de Caldas, Colombia

Cristian Camilo Serna-Rivera¹, Andrea Yepes¹, Yuliana Zapata Serna¹, Héctor Aricapa Giraldo², Fredy Arvey Rivera-Páez³, Jorge Enrique Pérez-Cárdenas¹, Marylin Hidalgo- Díaz⁴

¹ Facultad de Ciencias para la Salud, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

² Departamento de Salud Animal, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

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

⁴ Departamento de Microbiología, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Las rickettsiosis son enfermedades zoonóticas emergentes o reemergentes transmitidas por artrópodos, responsables del síndrome febril agudo en las zonas tropicales. A pesar de los focos de infección detectados en el territorio en Colombia, no es obligatoria su notificación. En el norte del departamento de Caldas, se han caracterizado previamente casos de rickettsiosis del grupo del tifo y del grupo de las fiebres manchadas. La vigilancia epidemiológica en los animales domésticos permite evaluar la carga de enfermedad rickettsial por su exposición a garrapatas, vectores del agente etiológico.

El objetivo de esta investigación fue evaluar la frecuencia de anticuerpos IgG específicos frente a dos rickettsias del grupo de las fiebres manchadas, *Rickettsia amblyommii* y *R. rickettsii*, en perros y caballos del departamento de Caldas.

Materiales y métodos. Se desarrolló un estudio de tipo *cross-sectional*, con un muestreo dirigido y estratificado por

municipio. Se analizaron 1.353 muestras de suero sanguíneo de perros y caballos provenientes de los 27 municipios del departamento, y se determinó la presencia de IgG específica contra rickettsias del grupo de las fiebres manchadas mediante la técnica de inmunofluorescencia indirecta.

Resultados. Se encontró una seroprevalencia global en perros de 45,5 % para *R. amblyommi* y de 10,8 % para *R. rickettsii*; en caballos, la prevalencia fue de 28,9 % para *R. amblyommi* y de 14,1 % para *R. rickettsii*. Los municipios con mayor seropositividad para *R. amblyommi* en perros fueron La Dorada, Riosucio y Chinchiná, y en equinos, fueron Aguadas, Palestina y San José; para *R. rickettsii*, la mayor positividad se encontró en perros de La Dorada, Neira y Viterbo, y en caballos, en Palestina, San José y Marmato.

Conclusión. El presente estudio muestra un avance sustancial en el conocimiento de las rickettsias del grupo de las fiebres manchadas en el departamento de Caldas y una estimación de la frecuencia del riesgo de infección por estos agentes, lo que podría considerarse como referencia en la justificación para establecer una vigilancia epidemiológica frente a esta enfermedad.

Financiación. Colcencias, proyecto No. 112765740609

..... ✕

D104 - Comparación de la utilidad de la prueba Kalazar Detect Canine™ y la inmunofluorescencia indirecta en el diagnóstico de leishmaniasis canina

Wilmer Andrés Mejía-Chimá¹, Óscar Yesid Pérez-Vargas¹, Matilde Elena Rivero-Rodríguez², Alveiro José Pérez-Doria¹, Eduar Elías Bejarano-Martínez¹

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

² Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Cartagena y Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. Las pruebas rápidas para el diagnóstico de la leishmaniasis, cuya utilización se ha incrementado en los últimos años, son consideradas una herramienta útil en los programas de vigilancia epidemiológica por su fácil aplicación y la rápida obtención de resultados en estudios de campo, los cuales permiten identificar perros positivos *in situ*.

En el presente trabajo, se usó la prueba rápida para caninos Kalazar Detect™ (InBios) en perros de un foco de leishmaniasis del Caribe colombiano y los resultados se compararon con los obtenidos por inmunofluorescencia indirecta, usada generalmente como método de referencia para el diagnóstico de leishmaniasis canina.

Métodos. Entre julio del 2018 y marzo del 2019, se tomaron muestras de sangre periférica de 111 perros de 17 barrios del área urbana del municipio de Ovejas, Sucre. El suero

sanguíneo se usó para el diagnóstico de leishmaniasis mediante la prueba rápida para perros Kalazar Detect™ y la detección de IgG anti-*Leishmania* por inmunofluorescencia indirecta. Una vez obtenidos los resultados, se compararon los parámetros diagnósticos de la prueba (sensibilidad, especificidad y valores diagnósticos) y se infirió el índice de concordancia kappa de Cohen.

Resultados. Con la prueba rápida para caninos Kalazar Detect™, se encontró una prevalencia de anticuerpos de 4,5 % (n=5/111), frente al 26 % (n=29/111) detectado por inmunofluorescencia indirecta. La comparación arrojó un índice kappa de 0,235, que indica un grado débil de concordancia. La sensibilidad y la especificidad de la prueba rápida fueron de 17 % y 100 %, respectivamente, con un valor diagnóstico positivo de 100 % y un valor diagnóstico negativo de 77 %.

Conclusiones. Comparada con la técnica de inmunofluorescencia indirecta, la prueba rápida para perros Kalazar Detect™ de InBios no es una herramienta útil en el diagnóstico de la leishmaniasis canina en este foco del Caribe colombiano, debido a su baja sensibilidad (17 %).

..... ✕

D105 - Rol de la vegetación en dos focos periurbanos de leishmaniasis en la región Caribe colombiana

Horacio Cadena¹, Luis Gregorio Estrada², Andrés Vélez¹, Alexander Javier Bedoya², Edgar Ortega², Luz Adriana Acosta¹, Rafael José Vivero¹, Sandra I. Uribe³, Eduar E. Bejarano²

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

² Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

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

* horaciocadena@gmail.com

Introducción. Los flebotómíneos son responsables de la transmisión de enfermedades de importancia médica, como leishmaniasis, bartonelosis y algunas arbovirosis. El papel de los factores ambientales en el desarrollo de los vectores de leishmaniasis está ampliamente aceptado. El reemplazo de la vegetación natural por cultivos agrícolas, también ha sido propuesto como modulador de la distribución y composición del vector y un factor de riesgo de leishmaniasis.

El objetivo de este estudio fue describir la distribución espacial de la vegetación cercana a las viviendas y su relación con el registro de adultos en reposo e inmaduros de flebotómíneos en tres focos endémicos de leishmaniasis.

Metodología. La investigación se llevó a cabo en dos focos periurbanos y uno rural de los municipios de Ovejas y Carmen de Bolívar, en los departamentos de Sucre y Bolívar, entre 2013 y 2019. La captura de adultos en

reposo y la búsqueda de inmaduros (base de árbol) en la vegetación, se hizo a 200 m de las viviendas, cada 30 y 60 días. Los adultos en reposo e inmaduros se recolectaron sobre árboles con un DAP (30 a 133 cm) durante tres días consecutivos. La representación espacial de los flebotómíneos, las formas inmaduras y la vegetación, se construyó en el programa QGIS, versión 3.4.4, Madeira.

Resultados. Se recolectaron 1.800 flebotómíneos en reposo, en 19 especies arbóreas. De las 10 especies de flebotómíneos recolectadas en reposo, *Lutzomyia evansi* y *Lu. c. cayennensis* representaron el 58 y el 46 %, respectivamente. *Cordia alba* y *Guazuma ulmifolia* agruparon el 75 % de los flebotómíneos recolectados en reposo e inmaduros, a una distancia de 100 m de las viviendas. Se recuperaron 518 formas inmaduras de 21 especies arbóreas.

Conclusión. Estos resultados sugieren considerar el papel de *C. alba* y su proximidad a la vivienda como un marcador ecológico de riesgo.

Palabras clave: *Lutzomyia*, inmaduros, vegetación, leishmaniasis, criaderos

..... ✕

D106 - Situación epidemiológica y manejo clínico inicial de la leishmaniasis cutánea en el departamento de Boyacá, Colombia, 2016-2018

Lina Rosa Abril-Sánchez, María Alejandra Pardo-Pérez, Mabel Idaliana Medina-Alfonso, Sandra Helena Suescún-Carrero

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

Introducción. Las leishmaniasis cutánea y mucosa son enfermedades infecciosas que afectan la piel y las mucosas, causadas por protozoos del género *Leishmania*, y transmitidas a los animales y humanos por vectores de la familia Psychodidae. Su distribución es mundial y se estima que, cada año, ocurren cerca de 1,5 millones de casos nuevos.

El objetivo de este estudio fue describir la situación epidemiológica y el manejo clínico inicial de la leishmaniasis cutánea en el departamento de Boyacá, Colombia, 2016-2018.

Metodología. Se trata de un estudio observacional, descriptivo y retrospectivo, que incluyó 415 pacientes infectados del departamento de Boyacá y notificados al sistema de vigilancia. Se incluyeron variables sociodemográficas, confirmación diagnóstica por el laboratorio departamental, localización de las lesiones, tratamiento utilizado y dosis inicial. Las variables cualitativas se analizaron mediante tablas de frecuencia y, la edad, con medidas de frecuencias. El análisis estadístico se hizo en el programa SPSS™.

Resultados. El grupo etario más afectado (28,4 %) fue el de 10 a 19 años, y la mayoría eran del sexo masculino (64,1 %). El 72,8 % procedía del área rural, el 70,8 % estaba afiliados al régimen subsidiado y el 98,8 % pertenecía al grupo de otras etnias. En el municipio de Otanche se reportó el 38,3 % de los casos y, en San Pablo de Borbur, el 15,9 %. Durante este periodo, se hicieron la evaluación indirecta y la confirmación de 389 láminas por el Laboratorio Departamental de Salud Pública, y la concordancia del diagnóstico fue del 93,5 %. Las lesiones se localizaron principalmente en los miembros superiores (48,2 %), los miembros inferiores (40,5 %) y la cara (21,2 %). El 33 % de los pacientes recibieron la dosis indicada y los medicamentos más utilizados fueron N-metil glucamina en 87,5 % de los pacientes y miltefosina en el 6,3 %.

Conclusiones. La vigilancia epidemiológica realizada por el departamento permitió identificar el comportamiento del evento e intensificar las medidas de prevención, educación y control, en las zonas de riesgo en pro del bienestar de la población en riesgo.

..... X

D107 - Caracterización de los determinantes productivos, ambientales y culturales asociados a la rickettsiosis en Jigal, Rosas, Cauca: un estudio de caso

Yiyola Peña-Ríos¹, Óscar E. López¹, Yadira Borrero²

¹ Pontificia Universidad Javeriana Cali, Cali, Colombia

² Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La rickettsiosis representa un desafío para la salud pública por su gran letalidad, complejidad diagnóstica y falta de conocimiento del personal de salud y de las comunidades. Aunque se han presentado brotes en Colombia, no hay estudios sobre los factores sociales determinantes que favorecen la permanencia del vector de esta enfermedad.

El objetivo fue caracterizar los determinantes sociales que facilitan la presencia del vector causante de la enfermedad, en la vereda Jigal.

Metodología. Se llevó a cabo un estudio cualitativo de caso, de tipo instrumental y con diseño etnográfico. Los criterios de selección del caso fueron: a) seropositividad de anticuerpos IgG para *Rickettsia*, b) proceso de articulación de la comunidad con la institución de salud, y c) accesibilidad a la información e intención de buscar soluciones de parte de la comunidad. Las fuentes de información incluyeron: encuestas sociodemográficas, observación no participante, entrevistas semiestructuradas, grupo de discusión y análisis documental.

Resultados. Se encontró población en condiciones de pobreza, con alto índice de necesidades básicas insatisfechas y gran dependencia económica, baja

escolaridad, procesos productivos agropecuarios artesanales, ampliación de la frontera agrícola por presión sobre los suelos y percepción de incremento de la temperatura local, de la mano del aumento de la infestación por garrapatas; además, no se encontró percepción de riesgo frente al vector por parte de la comunidad, y la respuesta institucional era desarticulada y sin continuidad.

Conclusiones. Se ratifica que la rickettsiosis es un reto para la salud pública, debido a la complejidad de las condiciones sociales para enfrentar dicha zoonosis y la ausencia de percepción de riesgo para la salud que tienen todos los actores. Además, algunos autores coinciden en plantear que los brotes epidémicos están relacionados con condiciones de rezago social y la manera como la población percibe el riesgo de la exposición al vector.

..... X

D108 - Exploración del modelo de entropía máxima de los nichos y distribución del parásito *Trypanosoma cruzi* y el vector *Triatoma dimidiata*, en El Salvador

Guillermo Recinos-Paredes^{1,5}, Víctor D. Carmona-Galindo^{1,2}, Marcelo Armando-González^{1,5}, Ana Miriam González¹, Jenny Amaya-Díaz^{1,5}, María Fernanda Marín³, Cesar Tesorero⁴, Fernanda Palacios⁵

¹ Laboratorio de Entomología de Vectores, Centro de Investigación y Desarrollo en Salud, Universidad de El Salvador, San Salvador, El Salvador

² Biology Department, University of Detroit Mercy, Detroit, MI, USA

³ Justus Liebig-Universität Gießen, Giessen, Alemania

⁴ Facultad de Biología y Estudios del Suelo, Universidad Estatal de San Petersburgo, San Petersburgo, Rusia

⁵ Facultad de Ciencias Naturales y Matemática, Escuela de Biología, Universidad de El Salvador, San Salvador, El Salvador

Introducción. En El Salvador, *Triatoma dimidiata* es el principal vector de la enfermedad de Chagas, una zoonosis propia del continente americano causada por el parásito *Trypanosoma cruzi*. Durante los años 2009 a 2013, se registraron en el comportamiento epidemiológico 4.620 personas infectadas, lo cual representa un problema de salud pública en El Salvador.

El objetivo fue emplear una técnica de aprendizaje llamada entropía máxima (MaxEnt), que permite crear modelos de nichos y distribuciones, y estimar la probabilidad de ocurrencia de las especies acorde con las variables climáticas que afectan a la especie.

Metodología. Los datos se obtuvieron de las bases de registro que posee el Laboratorio de Entomología de Vectores y las 19 variables ambientales de WorldClim (Bio 1-Bio 19). El análisis logarítmico del programa MaxEnt permitió producir y analizar un modelo correlativo, diseñando un mapa que representa las áreas con condiciones climáticas adecuadas para la presencia del individuo.

Resultados. Las variables climáticas con mayor contribución e influencia son: temperatura media anual, 'isotermalidad', temperatura máxima del mes más caliente, temperatura media de trimestre más seco, temperatura media del mes más caliente, precipitación del mes más seco, precipitación del trimestre más seco y precipitación del trimestre más caliente. Se obtuvo un diseño base de distribución potencial del parásito y el vector.

Conclusión. Con estos datos, se elaboró un mapa de distribución potencial, donde se observa que el nicho fundamental para el desarrollo del parásito se encuentra en la región occidental del país, mientras que la distribución potencial del vector se predice para todo el país. Con esta exploración, se genera gran interés por parte de las autoridades correspondientes y permitirá estar vigilando anualmente al vector dentro del país.

..... X

D109 - Protocolo para la potencial identificación de *Leishmania* spp. a partir de extendidos teñidos con Giemsa, Región Caribe de Colombia

Yhara Hernández-Tatis*, Lily Martínez-Abad, Luis E. Paternina
Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

* yhtatis@gmail.com

Antecedentes. *Leishmania* spp. es un amplio género de parásitos causantes de leishmaniasis en sus diversas manifestaciones clínicas: cutánea, mucosa y visceral. El diagnóstico y tratamiento se ven limitados a los servicios prestados por instituciones prestadoras de servicios de salud (IPS) de primer nivel, en las zonas rurales frecuentemente remotas. En Colombia, circulan 9 especies, 4 de ellas en la región de los Montes de María, lo que indica un potencial riesgo para sus habitantes.

El objetivo consistió en determinar la calidad y la potencial utilidad de los extendidos de pacientes con leishmaniasis, almacenados en los laboratorios de primer nivel para posteriores estudios moleculares.

Materiales y métodos. Se utilizaron extendidos de pacientes con leishmaniasis, que datan de los años 2009, 2010 y 2013, cedidos por IPS de primer nivel. El material de cada placa fue raspado y sometido a extracción de ADN con el reactivo TRIsure™ (basado en tiocianato de guanidina). Los extractos de ADN se valoraron mediante cuantificación de material genético, y amplificación de regiones multicopias AluYb8, del gen mitocondrial *CytB*, el *ITS1* de *Leishmania* spp. y la región subtelomérica de *Leishmania braziliensis/Leishmania guyanensis*.

Resultados. El análisis indica que se pueden obtener, al menos, 1.029,65 ng/μl a partir de placas teñidas y archivadas, con una mediana de 676,9 ng/μl, mientras

la amplificación del elemento genético AluYb8 y *CytB* de humanos fue posible en 95,23 % (20/21), la amplificación de *ITS1* de *Leishmania* spp. por el momento se ha logrado en 76,19 % (16/21), y una repetición subtelomérica de *L.braziliensis/L.guyanensis* en el 80,95 % (17/21) de las placas analizadas.

Conclusiones. En este trabajo, se demuestra la potencial utilidad de extendidos de pacientes con *Leishmania*, como muestra para la tipificación de especies dada la exitosa amplificación de dianas usadas en identificación de especies, como *ITS1* y marcadores exclusivos y de uso taxonómico de *Leishmania (Viannia)*, que pueden ser útiles en el estudio de la epidemiología molecular de esta parasitosis y sin previo uso de cultivo de parásitos común en la tipificación isoenzimática clásica.

Palabras clave: *Leishmania*, extendidos, diagnóstico, identificación de especies, ADN.

..... X

D110 - Primera evidencia molecular de la circulación de *Anaplasma platys* en perros de Sincelejo, Sucre

Jesús D. Melendrez, Ana C. Payares, Yasmitr Arroyo, Karol L. Rueda, Luis E. Paternina

Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia
jedamevi1997@gmail.com y jedamevi@outlook.com

Antecedentes. En Colombia, los estudios en varias ciudades muestran la amplia presencia de *Anaplasma platys* en perros de nuestro país. Sin embargo, en el departamento de Sucre no existe registro de este agente rickettsial aunque se reconoce la alta prevalencia de *Ehrlichia canis*. Por tal motivo, el objetivo fue explorar molecularmente la presencia de *A. platys*.

Métodos. Entre mayo y junio del presente año, se recolectaron 100 muestras de sangre periférica de perros de 58 barrios de la ciudad. Se extrajo el ADN y, posteriormente, se detectó *A. platys* mediante PCR, utilizando los cebadores a-HS475F/Apla-HS1198R, que amplifican un fragmento de ~723 pb del gen *groEL* de este agente rickettsial. Los productos de PCR se separaron en gel de agarosa al 1,5 % y se visualizaron en un transiluminador. La positividad a *A. platys* fue contrastada con las variables edad, sexo, zona de procedencia (comuna) y raza.

Resultados. Trece (13 %) perros resultaron positivos para *A. platys*, 8 machos y 5 hembras; la media de la edad de los animales positivos fue de 66 meses (rango de 3 a 165 meses); 6/13 perros pertenecían a las raza Pug y Pincher, 9 provenían de 3/9 comunas de Sincelejo, y 10/13 presentaban signos clínicos, algunos indicativos de trombocitopenia cíclica infecciosa canina.

Conclusion. Se logró detectar molecularmente el agente rickettsial *A. platys*, convirtiéndose este estudio en la primera evidencia de su circulación en el departamento de Sucre. Considerando que también circula en esta región *Erlichia canis*, las coinfecciones pueden ser consideradas importantes desde el punto de vista de salud pública veterinaria, incluso potencialmente zoonóticas, dada la evidencia reciente sobre estos dos patógenos.

..... X

D111 - Resistencia a insecticidas asociada con la mutación *phe-1534-cys* en *Aedes aegypti* del departamento central, Paraguay

Fátima Vázquez¹, Yolanda López^{1,2}, María Ferreira¹, Nilsa González-Britez¹

¹ Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, Universidad Nacional de Asunción, Asunción, Paraguay

² Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Asunción, Asunción, Paraguay
gbritez.nilsa@gmail.com

Introducción. Los piretroides poseen un efecto rápido en los insectos, conocido como *knockdown resistance*, caracterizado por parálisis y muerte de los mosquitos. En *Aedes aegypti*, se han notificado mutaciones puntuales en el canal de sodio. La mutación Phe1534-Cys es la más frecuente y el desarrollo de resistencia a los insecticidas constituye un grave problema que afecta las estrategias de control. Esto justifica la necesidad de contar con una técnica de alta reproducibilidad que permita la detección temprana de dichas mutaciones.

Objetivo. Optimizar una PCR que determine la frecuencia de mutaciones en el gen *NaV* del sitio Phe1534Cys en poblaciones silvestres de *Ae. aegypti*.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio descriptivo y observacional, para el cual se capturaron mosquitos de poblaciones naturales y se les extrajo el ADN mediante dos técnicas diferentes. Las muestras fueron amplificadas por PCR con tres cebadores que amplifican bandas para genes resistentes y sensibles.

Resultados. Se obtuvo ADN de alta calidad para la amplificación del gen. Se evidenciaron bandas de 90 pares de bases, utilizando temperaturas de alineamiento de 60 °C y 1,5 mM de MgCl₂. La sensibilidad se obtuvo con 40 ng/μl de ADN, mientras que la especificidad fue del 100 %.

Conclusión. La PCR empleada es muy confiable para su implementación en un sistema de vigilancia vectorial, específicamente, en áreas donde existen reportes de resistencia a piretroides. Esta herramienta presenta utilidad para planificar estrategias de control basadas en la reducción de la resistencia y, consecuentemente, en la reducción de la transmisión de las enfermedades transmitidas por mosquitos.

Palabras clave: *Aedes aegypti*, insecticida, Kdr, resistencia.

..... X

D112 - Resistencia a insecticidas piretroides y DDT en los principales vectores de malaria de Colombia y su asociación con mutaciones en el canal de sodio dependiente de voltaje

Lorena Isabel Orjuela^{1,2,4}, Diego Alejandro Álvarez-Díaz³, Juliana Andrea Morales⁴, Nelson Grisales⁵, Martha Liliana Ahumada⁴, Juan Venegas⁶, Martha Lucía Quiñones⁷, María Fernanda Yasnot¹

¹ Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

² Doctorado en Medicina Tropical, Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia

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

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

⁵ Zika AIRS Project, Abt Associates, Maryland, USA

⁶ Programa de Biología Celular y Molecular, Universidad de Chile, Santiago de Chile, Chile

⁷ Departamento de Salud Pública, Universidad Nacional, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. El uso de insecticidas para el control de vectores ocasiona la selección de poblaciones resistentes. Un mecanismo asociado con resistencia a piretroides y DDT, son las mutaciones en los codones 1010, 1013 y 1014 del gen que codifica para el segmento seis, dominio dos (S6II) del canal de sodio dependiente de voltaje (*vgsc*). En Colombia, se ha determinado resistencia a piretroides y DDT en poblaciones de *Anopheles darlingi*, *An. albimanus* y *An. nuneztovari* s.l., vectores de malaria.

En este estudio, se determinó la resistencia a piretroides y DDT, su intensidad y asociación con las mutaciones en los codones 1010, 1013 y 1014 del gen *vgsc* en poblaciones de vectores de malaria.

Metodología. Utilizando la metodología propuesta por los *Centers for Disease Control and Prevention* (CDC), se evaluó la resistencia a piretroides y DDT en poblaciones de *An. darlingi*, *An. albimanus* y *An. nuneztovari* s.l. de 11 localidades de cinco departamentos. En poblaciones resistentes, se determinó la intensidad utilizando la metodología propuesta por los CDC. Se seleccionaron 62 mosquitos resistentes y 68 sensibles. Se secuenció un fragmento de 225 pb del gen *vgsc*. Se alinearon las secuencias y se verificó la presencia de polimorfismos en los codones 1010, 1013 y 1014.

Resultados. Se evidenció baja intensidad de resistencia a piretroides y DDT en *An. darlingi*, *An. nuneztovari* s.l. y *An. albimanus* de localidades de Chocó, Norte de Santander y Valle del Cauca. No se detectaron mutaciones en los codones evaluados en mosquitos con fenotipo resistente.

Conclusiones. La intensidad de la resistencia a piretroides y DDT en vectores de malaria fue baja y no estuvo asociada con mutaciones en IIS6 del *vgsc*. Se sugiere la presencia de otros mecanismos involucrados en esta resistencia.

..... ✕

D113 - Baja concordancia entre microscopía y PCR para el diagnóstico de malaria mixta en Quibdó, Chocó, 2018-2019

Alexandra Ríos, Verónica Sierra, Andrés Holguín-Rocha, Lina Zuluaga-Idárraga, Tatiana Lopera
Grupo de Malaria, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La microscopía presenta limitaciones para la detección de infecciones mixtas por *Plasmodium*, debido a que los criterios establecidos no están validados. Por otra parte, usualmente, una especie del parásito predomina y no se logra detectar la especie presente en menor densidad. Estas limitaciones tienen repercusiones para el tratamiento y el control de la malaria.

El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de infecciones mixtas (*Plasmodium falciparum* y *P. vivax*) en Quibdó, Chocó, y evaluar la concordancia entre los métodos microscópico y molecular para el diagnóstico de estas infecciones.

Métodos. Se llevó a cabo un estudio transversal en individuos febriles que consultaron con sospecha de malaria entre marzo de 2018 y mayo de 2019. Se hizo el diagnóstico microscópico mediante gota gruesa y extendido delgado, siguiendo los criterios de la Organización Mundial de la Salud (OMS), y el diagnóstico molecular por RT-PCR.

Resultados. La frecuencia de infección mixta fue 1,13 % (24/2117) por microscopía y 2,17 % (46/2117) por PCR. La concordancia entre ambas técnicas fue débil con un índice kappa de 0,27 (IC_{95%} 0,14-0,41). Con la microscopía, se dejó de detectar el 78 % de las infecciones mixtas identificadas por PCR; de estas, solo una (2,7 %; 1/36) fue negativa (infección submicroscópica), 38,9 % (14/36) fueron *P. vivax* y 58,3 % (21/36) fueron *P. falciparum*. De las 14 muestras clasificadas como mixtas, solo por la microscopía, 85,7 % (12/14) fueron *P. vivax* y 14,3 % (2/14) fueron *P. falciparum*.

Conclusión. Bajo los criterios establecidos por la OMS, con la microscopía se detecta menos del 50 % de las infecciones mixtas, en comparación con la PCR, lo cual podría deberse a limitaciones propias de la técnica para discriminar adecuadamente las diferentes especies. Aunque la frecuencia de infección mixta en Colombia es baja (cerca del 2 %), se deben revisar los criterios

para diagnosticar microscópicamente este tipo de infecciones, con el fin de evitar tratamientos inadecuados, complicaciones y recurrencias.

..... ✕

D114 - Infección natural por *Trypanosoma cruzi* (Trypanosomatidae) en triatominos (Hemiptera: Reduviidae) recolectados en el departamento de Guainía, Colombia

Cesil Solís-Medina¹, Sara Zuluaga-Aguirre², Omar Triana², Omar Cantillo-Barraza²

¹ Unidad de Entomología, Secretaría de Salud del Guainía, Puerto Inírida, Colombia

² Grupo BCEI, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La búsqueda activa y continua de triatominos hace parte de los programas de vigilancia entomológica para la enfermedad de Chagas en zonas con características ecológicas apropiadas para la presencia del vector, con el propósito de priorizar y definir las acciones de intervención.

El objetivo del presente trabajo fue determinar la presencia de triatominos y su estado de infección en la zona urbana de Inírida, así como en corregimientos ubicados en el río Guainía en el departamento del Guainía.

Materiales y métodos. El estudio se desarrolló activando los programas de búsqueda y reporte de triatominos por vigilancia comunitaria, en dos puntos del departamento: i) municipio de Inírida, barrio Las Américas y sector periférico al casco urbano cercano al aeropuerto, y ii) comunidad de Guarinuma ubicada sobre el río Guainía, corregimiento de Campo Alegre. Los vectores fueron identificados morfológicamente y evaluados mediante PCR para los marcadores ADN satélite y miniexón.

Resultados. Cinco triatominos fueron recolectados entre febrero y junio de 2019, uno de ellos perteneciente a la especie *Panstrongylus lignarius* y, cuatro, a *P. geniculatus*, *P. lignarius* y *P. geniculatus* (2/5) fueron capturados en Inírida, mientras que en la zona de Guaniruma solo se encontró *P. geniculatus* (3/5). Los dos individuos recolectados en Inírida, fueron positivos para *T. cruzi*, al igual que dos de los tres individuos recolectados en Guaniruma. Todos los individuos positivos se infectaron con el linaje I de *T. cruzi*.

Conclusión. En el presente estudio se reporta la presencia de *P. lignarius* en el departamento del Guainía. De igual forma, se actualiza la infección de este vector y de *P. geniculatus* en Inírida. Debido a la presencia de vectores y población migrante, debe mantenerse la vigilancia en la zona.

..... ✕

D115 - Primer registro de los agentes patógenos *Trypanosoma cruzi* y *Leishmania (Viannia)* en *Didelphis marsupialis* del departamento del Atlántico

Wendy Zabala-Monterroza¹, Alexander Bedoya-Polo¹, Oswaldo Pérez-Doria¹, Eduar Bejarano-Martínez¹, Alveiro Pérez-Doria^{1,2}

¹ Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia
² Grupo Caribe de Investigación en Enfermedades de tipo Infeccioso y Resistencia Microbiana, Universidad Metropolitana, Barranquilla, Colombia

Introducción. En focos donde la leishmaniasis y la enfermedad de Chagas presentan un carácter endémico, se describe frecuentemente el aislamiento de sus agentes etiológicos en poblaciones de vectores y reservorios. Aunque en el departamento del Atlántico tales enfermedades no son consideradas endémicas, el registro de sus potenciales vectores motivó el interés por conocer los parásitos tripanosomátidos que infectan a *Didelphis marsupialis*.

Metodología. Los ejemplares de *D. marsupialis* se capturaron en octubre de 2018, con siete trampas de encierro de tipo Tomahawk™, ubicadas en el cauce de un arroyo, en el corregimiento El Morro, Tubará, Atlántico. Los animales fueron sedados y marcados con un chip RFID subcutáneo. Se registraron las medidas anatómicas, se hizo la identificación taxonómica y se tomó una muestra de sangre por punción cardiaca; esta última se depositó en medios de cultivo NNN/RPMI. Los parásitos aislados fueron genotipificados por secuenciación de la región V7V8 del gen ribosómico que codifica para la subunidad pequeña y el gen glucosómico gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa.

Resultados. Como producto de un esfuerzo muestral de 1.080 horas/trampa se capturaron nueve ejemplares de *D. marsupialis*, sin signos clínicos de infección, de los que se aislaron siete cepas de tripanosomátidos, seis de las cuales fueron genotipificadas como *Trypanosoma cruzi* y, una, como *Leishmania (Viannia)* spp. No se recapturaron animales.

Conclusión. El hallazgo de *L. (Viannia)* spp. y *T. cruzi* en *D. marsupialis*, constituye el primer registro en poblaciones de *D. marsupialis* del departamento del Atlántico. Más aún, esto evidencia la circulación de estos agentes patógenos en el departamento, lo que, en conjunto con el previo registro de flebotomíneos y triatominos, pone de manifiesto la existencia de un riesgo potencial para las poblaciones humanas.

D116 - Circulación y caracterización molecular de *Leishmania* en perros residentes del área urbana de Sincelejo, Sucre

Karol Rueda-Concha¹, Ana Payares¹, Jesús D. Meléndez¹, Yasmir Arroyo-Munive², Luis E. Paternina¹

¹ Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia
² Clínica Veterinaria Mascotas, Sincelejo, Colombia

Antecedentes. La distribución y epidemiología de la leishmaniasis han cambiado a medida que avanza el desarrollo urbano. Los ciclos de transmisión de esta enfermedad están influenciados por actividades humanas, como la migración hacia áreas urbanas, la deforestación, los cambios ambientales y los cambios en la ecología de vectores y reservorios. Por tanto, la vigilancia epidemiológica de estos huéspedes es fundamental para comprender la evidente tendencia a la aparición de casos autóctonos en áreas urbanas de diferentes ciudades, y la presencia de vectores y reservorios infectados. Por lo anterior, en este trabajo se realizó la primera detección y caracterización molecular de *Leishmania* spp. en perros de áreas urbanas del municipio de Sincelejo.

Metodología. La toma de muestra sanguínea fue realizada por un médico veterinario, y el ADN se extrajo por el método con cloroformo-alcohol isoamílico. Para la detección de *Leishmania* spp. se empleó la amplificación de un fragmento de la región nuclear ITS1 de estos parásitos. Las muestras positivas se sometieron a un análisis de restricción con la endonucleasa HaeIII, para diferenciar entre especies. Para confirmar la infección con *L. infantum*, se amplificó la región conservada del minicírculo de ADN cinetoplasto FLC2 y RLC2.

Resultados. Se analizaron 100 muestras de perros procedentes de 58 barrios del área urbana de Sincelejo y se encontró positividad a *Leishmania* spp. en 31 % de los perros por PCR-ITS1. La infección fue confirmada en 13 perros con la amplificación de un fragmento de 230 pb con los cebadores FLC2/RLC2, los que procedían de 13 barrios diferentes. La digestión de ITS1 con HaeIII mostró un patrón de bandas correspondiente a *L. infantum* en ocho muestras.

Conclusión. Los resultados de este estudio confirman, la circulación de *L. infantum*, agente con potencial zoonótico elevado dada su gran capacidad patógena y su virulencia, en perros de áreas urbanas de Sincelejo,

..... ✕

..... ✕

D117 - Estimación de la fuerza de la infección por medio de encuestas serológicas con pruebas diagnósticas imperfectas

Neal Alexander^{1*}, Mabel Carabali², Jacqueline K. Lim³

¹ London School of Hygiene and Tropical Medicine, London, United Kingdom

² McGill University, Montreal, Canada

³ International Vaccine Institute, Seoul, Republic of Korea

* neal.alexander@lshtm.ac.uk

Introducción. La fuerza de la infección (Fdl), o la tasa a la cual las personas sensibles se infectan, es importante para las decisiones de políticas como la implementación de vacunas. Por lo general, se estima mediante encuestas serológicas. Hasta donde sabemos, no hay métodos publicados que tomen en cuenta errores diagnósticos.

El objetivo fue idear y aplicar métodos para estimar la fuerza de la infección, teniendo en cuenta los valores de sensibilidad, especificidad o ambas de menos del 100 %, a partir de una o varias encuestas serológicas.

Metodología. Se partió de métodos existentes para estimar la prevalencia de la fuerza de infección, mediante pruebas imperfectas y modelos lineales generalizados binomiales. Las identidades estándar se utilizan para relacionar las probabilidades o el estado serológico verdadero con los valores de prueba observados. La estimación se hace en un marco bayesiano por métodos *Monte Carlo* usando cadenas de *Markov* (MCMC). Para tener en cuenta la incertidumbre de los valores de sensibilidad y especificidad, se usó un método existente para suscitar una distribución *a priori*.

Resultados. Se analizó una encuesta sobre dengue basada en ELISA IgG en Sri Lanka. Por ejemplo, para representar la reacción cruzada con otros flavivirus, si se supone una especificidad de 90 % y una sensibilidad de 100 %, la fuerza de la infección estimada es de 11,7 % por año, en comparación con el 13,7 % del análisis estándar. También, se analizó una serie de encuestas serológicas en Medellín, Colombia. Si se supone una especificidad alta, con una distribución *a priori* estrecha, se estima una fuerza de la infección de 4,8 % por año. No obstante, si hay incertidumbre sobre la sensibilidad, la estimación de la fuerza de la infección también carece de precisión.

Conclusiones. Estos métodos permiten estimaciones más realistas de la fuerza de la infección, teniendo en cuenta las imperfecciones de las pruebas. Estos métodos se pueden emplear para los flavivirus, como el del dengue y el del Zika, y para otras enfermedades infecciosas.

D118 - Multifactorial palm influence on the abundance and *Trypanosoma cruzi* infection of *Rhodnius prolixus* infesting *Attalea butyracea* and *Elaeis guineensis* palms

Johan M. Calderón¹, Diana Erazo², Troy J. Kieran³, Cielo León¹, Travis C. Glenn³, Felipe Guhl¹, Juan Cordovez², Nicole L. Gottdenker⁴, Camila González¹

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

² Grupo de Investigación en Biología Matemática y Computacional, Departamento de Ingeniería Biomédica, Universidad de los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

³ Department of Environmental Health Science, College of Public Health, University of Georgia, Athens, GA, USA

⁴ Department of Veterinary Pathology, College of Veterinary Medicine, University of Georgia, Athens, GA, USA

Background: Chagas' disease is a zoonosis caused by the parasite *Trypanosoma cruzi* and mainly transmitted through the feces of triatomine bugs. Inside triatomines, several *Rhodnius* species have been found associated with palms. Certain factors such as palm species and location have been related to the abundance and *T. cruzi* infection of *Rhodnius* insects in palms. However, evidence has not been conclusive among previous studies.

Methods: The main goal of this study was to determine that *Rhodnius* abundance and *T. cruzi* infection in palms depend on several factors and not just one. Triatomine sampling were performed in two palm species, *Attalea butyracea* and *Elaeis guineensis* in two sites of Casanare, Colombia. Predictors showing influence on *Rhodnius prolixus* abundance were palm species and food offer (bloodmeal species).

Results: Mean *R. prolixus* abundance was not significantly lower in *E. guineensis* than in *A. butyracea* palms, and the presence of certain bloodmeals demonstrated to be a factor positively or negatively related to triatomine abundance. Considering *T. cruzi* infection in *R. prolixus* insects, the palm where triatomines were sampled demonstrated to be the relevant factor for both insect infection (positive or negative) and parasitaemia. The other factor relevant to *T. cruzi* parasitaemia in *Rhodnius* bugs was insect developmental stage.

Conclusions: Triatomine abundance and *T. cruzi* infection appear to be influenced by different predictors. As similarity, both *R. prolixus* abundance and infection did not show spatial autocorrelation. Both variables seem not to be more similar among close palms than among faraway palms.

..... ✕

..... ✕

D119 - Aislamiento parasitológico y ensayo de infectividad en un caso clínico de leishmaniasis visceral canina urbana

Óscar Yesid Pérez-Vargas¹, Wilmer Andrés Mejía-Chima¹, Matilde Elena Rivero-Rodríguez^{1,2}, Alveiro José Pérez-Doria¹, Eduar Elías Bejarano-Martínez¹

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

² Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia

Introducción. Después del primer aislamiento de *Leishmania infantum* de un perro del área urbana del municipio de Ovejas, Sucre, en actividades de vigilancia epidemiológica, se identificó un nuevo caso clínico urbano de leishmaniasis canina en este municipio, el cual es descrito en el presente trabajo.

Materiales y métodos. Mediante búsqueda activa de casos de leishmaniasis canina en el barrio La Ciudadela de Ovejas, en julio del 2018, se encontró un perro que presentaba fiebre, lesión cutánea, alopecia y onicogriposis, y mediante la encuesta epidemiológica se determinó su autoctonía. Se tomó una muestra sanguínea y una biopsia de ganglio poplíteo, y esta última se inoculó en medio NNN/RPMI. Se hizo diagnóstico serológico de leishmaniasis canina mediante una prueba rápida e inmunofluorescencia indirecta (IFI), y se confirmó la especie infectiva mediante secuenciación de la región V7/V8 de ARNr del parásito. Tres meses después, se tomaron nuevas muestras biológicas del perro y se hizo un estudio de infectividad con *Lutzomyia evansi*.

Resultados. El perro fue positivo para leishmaniasis canina en ambas pruebas serológicas, hasta la dilución 1/256 en la primera muestra obtenida para IFI y hasta 1/512 en la muestra recopilada tres meses después. A partir de las biopsias, se aisló una cepa del parásito que fue tipificada como *L. infantum* con base en la secuencia nucleotídica de la región ribosómica V7/V8. En la prueba de infectividad, se obtuvo una frecuencia de infección con el parásito, en *Lu. evansi*, del 6,66 % (n:1/15).

Conclusiones. Se comprueba la infección por *L. infantum* en un perro del área urbana y su capacidad infecciosa para el vector *Lu. evansi*, componentes esenciales en el establecimiento del ciclo doméstico de transmisión, que explican la urbanización de la leishmaniasis evidenciada por la presencia de casos humanos autóctonos.

D120 - Detección de *Trypanosoma cruzi*, unidades de tipificación discretas y preferencias alimenticias en *Psammolestes arthuri*

Natalia Velásquez-Ortiz¹, Carolina Hernández¹, Giovanni Herrera¹, Lissa Cruz-Saavedra¹, Adriana Higuera¹, Luisa M. Arias-Giraldo¹, Plutarco Urbano², Andrés Cuervo³, Aníbal A. Teherán⁴, Juan David Ramírez¹

¹ Grupo de Investigaciones Microbiológicas, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de Investigaciones Biológicas de la Orinoquia, Fundación Universidad del Trópico Americano (Unitrópico), Yopal, Colombia

³ Secretaría Departamental de Salud de Arauca, Arauca, Colombia

⁴ Grupo de Investigación COMPLEXUS, Fundación Universitaria Juan N. Corpas, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. *Trypanosoma cruzi*, causante de la enfermedad de Chagas, es transmitido por insectos de la subfamilia Triatominae. *Psammolestes arthuri* es un triatomo considerado ornitofílico y, por ende, su papel en la transmisión de *T. cruzi* no se considera relevante.

El objetivo de este estudio fue evaluar la presencia de *T. cruzi* (sus unidades discretas de tipificación) y las fuentes alimenticias de *Ps. arthuri*, para evaluar posibles nuevas circunstancias de transmisión de la enfermedad de Chagas.

Metodología. Sesenta ejemplares de *Ps. arthuri* fueron recolectados en Arauca y Casanare. La recolección se hizo en viviendas y nidos de *Cacicus cela* y *Phacellodomus rufifrons*. Se realizó extracción de ADN, detección y genotipificación de *T. cruzi*, e identificación de preferencias alimenticias mediante PCR y secuenciación. Se exploraron las asociaciones entre la detección de ADN de *T. cruzi*, las unidades discretas de tipificación, las preferencias alimenticias y las características ecoepidemiológicas, mediante regresión logística y análisis de correspondencias múltiples.

Resultados. La tasa de infección de *T. cruzi* fue del 70,0 % (42/60) y se asoció, principalmente, con el estadio del insecto adulto, el sexo femenino, la recolección en nidos de *C. cela* y la alimentación con *Cranioleuca baroni*. En los insectos en que se logró la detección de *T. cruzi*, se encontró la unidad discreta de tipificación TcI en el 54,7 % de los ejemplares (21,7 % TcIDom / 52,1 % TcIDom-TcISylv). En el 14,2 %, se detectó TcII-TcVI y, en el 9,52 % (4/42), infecciones mixtas (TcI / TcII-TcVI). Se identificaron 15 fuentes de alimentación, y las más frecuentes fueron: *C. baroni* (35,85 %), *Homo sapiens* (26,42 %), *Thraupis episcopus* (11,32 %) y *Serinus albogularis* (3,77 %).

Conclusiones. La detección de *T. cruzi* en *Ps. arthuri* alimentados con sangre humana y de otros mamíferos, puede estar relacionada con el mantenimiento del ciclo zoonótico del parásito. Sin embargo, se resalta la necesidad de realizar estudios para evaluar el posible rol de esta especie como vector de la enfermedad de Chagas.

..... ✕

..... ✕

D122 - Implementación de un programa de medicina preventiva para toxocariasis para los felinos del Zoológico Andino Municipal de Oruro, Bolivia

Rodrigo Raúl Herbas-Rendón

Independiente
r18andliferrh@hotmail.com

Introducción. El éxito de la conservación de animales silvestres en cautiverio depende, en gran medida, del control de los parásitos. En la naturaleza, los animales presentan una relación de equilibrio con los parásitos y rara vez enferman; en cautiverio, esta resistencia se pierde.

El presente trabajo tiene como objetivo principal implementar un programa de medicina preventiva en toxocariasis para los felinos silvestres del Zoológico Andino Municipal de Oruro.

Métodos. El trabajo se realizó en el Zoológico Municipal de Oruro en Bolivia. Se estudiaron seis pumas (*Puma concolor*) que habitan dicho establecimiento. Se tomaron muestras fecales a los seis pumas de dos formas: en cubil y al azar. Se estableció el diagnóstico de parásitos por medio de la técnica de Ritchie y el antiparasitario de elección fue el albendazol, que se administró por medio del agua y el alimento. En total, se tomaron cinco muestras y se hicieron cuatro desparasitaciones.

Resultados. Se observó que tres felinos presentaron dos tipos de parásitos, *Toxocara* spp. en dos y *Entamoeba* spp. en uno. Después de la administración profiláctica del albendazol, se observó que tres felinos presentaron un parásito: *Isoospora* spp. Al finalizar el estudio, ninguno de los pumas presentó ningún tipo de parásito. Los resultados no difieren tanto de otros estudios; el hallazgo de *Toxocara* spp. en felinos silvestres coincide con los de otros autores.

Conclusiones. Finalizado el estudio, se llegó a la conclusión de que, para el establecimiento de un programa de medicina preventiva en toxocariasis, el Zoológico de Oruro puede emplear el protocolo de este trabajo porque se ha demostrado que el albendazol es eficaz como medicamento profiláctico.

..... ✕

D123 - Congenital atrial and ventricular septal defects, leg length discrepancy and syndactyly of left limb potentially related to *in utero* Chikungunya virus infection

Wilmer E. Villamil-Gómez^{1,2}, Ulises Enrique Mendoza-Olaya³, Ángel Monterrosa-Puente³, Luis Alfredo Blanco-Castiblanco¹, Jorge L. Alvarado-Socarrás⁴, Alfonso J. Rodríguez-Morales⁵

¹ Grupo de Investigaciones en Enfermedades Infecciosas y Control de Infecciones, Hospital Universitario de Sincelejo, Sincelejo, Colombia

² Programa del Doctorado de Medicina Tropical, SUE Caribe, Universidad del Atlántico, Barranquilla, Colombia

³ Ginecología, Clínica Santa María, Sincelejo, Colombia

⁴ Unidad Neonatal, Departamento de Pediatría, Fundación Cardiovascular de Colombia, Bucaramanga, Colombia

⁵ Grupo de Investigación Salud Pública e Infección Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

Introduction: Birth defects have been associated with the complex STORCHZ, (syphilis, toxoplasmosis, rubella, cytomegalovirus, herpes simplex, and recently zika). However, there is a lack of reports associating chikungunya virus (CHIKV) infection with congenital disorders, especially in Colombia.

Objective: To describe a case report of congenital CHIKV infection leading to a hypothesis of birth defects associated with *in utero* infection.

Methods: A case report of congenital CHIKV infection leading to a hypothesis of birth defects associated with *in utero* infection.

Results: A 25-year-old pregnant woman, in the 39th. gestational week, was referred to our hospital due to suspicion of previous arboviral infection, presenting fever, rash, and arthralgias during the first trimester. Her STORCHZ, HIV, hepatitis B, and Widal tests were negative. The karyotype was normal. The newborn was obtained by cesarean section. After birth, he presented respiratory distress, birth weight of 3,595 g, head circumference 36.5 cm. Physical examination: holosystolic murmur, at mitral focus, radiated to the axilla, with S1 splitting; bilateral pulmonary rhonchi; leg length discrepancy (left<right) and syndactyly of the left limb. A transfontanellar ultrasound was normal. An echocardiogram found atrial and ventricular septal defects. His blood CHIKV-RT-PCR was positive.

Conclusions: Congenital heart defects have been associated with multiple infectious disease agents, including recently ZIKV, but also other members of the STORCHZ complex. A study in Brazil found that ~11% newborn with ZIKV had major cardiac defects (including atrial and ventricular septal defects). Syndactyly has been associated with CMV.

In summary, the present case suggests that congenital CHIKV infection should be considered potentially associated with birth defects, as other ruled out causes were not related. Congenital and especially post-natal microcephaly, optic atrophy with consequent neurodevelopmental delay and cerebral palsy have been reported for CHIKV in Brazil and La Réunion, France, in recent publications.

..... ✕

D124 - Bibliometric assessment of the global scientific production on *Anaplasma*: Implications for further research in Latin America

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Samuel E. Idárraga-Bedoya¹, Mariana Chacón-Peña¹, Daniela Osorio-Navia¹, Jaime A. Cardona-Ospina^{2,3,4}, Erika V. Jiménez-Posada^{4,5}, Alfonso J. Rodríguez-Morales^{2,4}

¹ Semillero de Investigación en Zoonosis, Grupo de Investigación BIOECOS, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Grupo de Investigación Biomedicina, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

⁴ Grupo de Investigaciones en Enfermedades Infecciosas Emergentes y Medicina Tropical Medicine, Instituto para la Investigación en Ciencias Biomédicas, Pereira, Colombia

⁵ Grupo de Investigación Biotecnología – Productos Naturales, Facultad de Tecnologías, Universidad Tecnológica, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

Introduction: *Anaplasma* is a tick-borne bacteria which affects animals and humans. This pathogen emerged as a genus during the last decade, being before part of genus *Ehrlichia*. Still there are many aspects of this zoonotic bacteria that needs to be addressed. Although that, there are no bibliometric studies assessing advances in its research.

Methods: Bibliometric study at 6 databases: Web of Sciences (WoS), Scopus, Medline/PubMed, SciELO, LILACS and Google Scholar, assessing the global scientific production on *Anaplasma*, measuring the number of articles per countries, number of original articles, published historically and during last 5 years (2014-2018), citations and H index, among other indicators.

Results: Those most productive countries in WoS (n=3,821): USA (1596 [41.8%]), Brazil (296 [7.7%]) and Germany (285 [7.5%]). At Scopus (n=4,507): USA (1,659 [36.81%]), Brazil (268 [5.95%]) and Germany (230 [5.1%]). At PubMed (n=3,502): USA (784 [22.39%]), Brazil (177 [5.05%]) and Germany (162 [4.63%]). Production during 2014-2018 at WoS: 1,549 articles (40.5%); at Scopus: 1,413 articles (31.5%); PubMed: 1,083 articles (30.9%). At SciELO there were 153 (23.53% Brazil). At Lilacs there were 150 (27.33% Brazil). At Google Scholar there were: 27,800 (USA, 42.45%). The topic H index at WoS is 91 (72,960 citations). Top productive countries in H-index (Scopus): USA (90, 53,912 citations), Brazil (28, 3,427 citations), and Germany (43, 5,549 citations).

Discussion and conclusions: As in other bibliometric studies, scientific production by USA and their groups is predominant. In areas such as Latin America, investigation on *Anaplasma* should be increased, as besides Brazil the number of articles from other countries is still limited. Specially, more molecular epidemiological and clinical studies on humans and animals should be performed.

D125 - Research on *Borrelia*: A bibliometric assessment of a tick-borne pathogen neglected in Latin America

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Samuel E. Idárraga-Bedoya¹, Mariana Chacón-Peña¹, Daniela Osorio-Navia¹, Jessica Paola Martínez-Hidalgo¹, María Ágelica Reina-Mora¹, Jaime A. Cardona-Ospina^{2,3,4}, Erika V. Jiménez-Posada^{4,5}, Alfonso J. Rodríguez-Morales^{2,4}

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Agropecuarias, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de

la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Grupo de Investigación Biomedicina, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

⁴ Grupo de Investigaciones en Enfermedades Infecciosas Emergentes y Medicina Tropical Medicine, Instituto para la Investigación en Ciencias Biomédicas, Pereira, Colombia

⁵ Grupo de Investigación Biotecnología – Productos Naturales, Facultad de Tecnologías, Universidad Tecnológica, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

Introduction: Borreliosis is a tick-borne human and animal infection widely known in USA and Europe, however, detected in certain countries of Latin America, especially in Mexico, Brazil and Argentina, particularly in animals. Many aspects of this zoonotic bacteria need to be addressed including more research in Latin America. There are no bibliometric studies assessing advances in its research.

Methods: Bibliometric study at 3 databases: Web of Sciences (WoS), Scopus and Medline/PubMed, assessing the global scientific production on *Borrelia*, measuring the number of articles per countries, number of original articles, published historically and during last 5 years (2014-2018), citations and H index, among other indicators.

Results: Those most productive countries in WoS (n=10,488): USA (5,215 [49.7%]), Germany (1250 [11.9%]) and France (602 [5.7%]). At 16th. place, Brazil (183 [1.7%]). At Scopus (N=16584): USA (6578 [39.7%]), Germany (1873 [11.3%]) and France (870 [5.2%]). At 21th. place, Brazil (154 [0.9%]). At PubMed (n=11,999): USA (3,300 [19.9%]), Germany (964 [5.8%]) and France (414 [2.5%]); production during 2014-2018 at WoS: 2,860 articles (27.3%); at Scopus: 2,910 articles (17.5%); PubMed: 2,329 articles (19.4%). The topic H index at WoS is 171 (277,403 citations).

Discussion and conclusions: As in other bibliometric studies, scientific production by USA and their groups is predominant. In areas such as Latin America, investigation on *Borrelia* and other tick-borne pathogens should be increased, as besides Brazil the number of articles from other countries is still very limited. Specially, more molecular epidemiological and clinical studies on humans and animals should be performed.

..... ✘

D126 - Global scientific production on *Ehrlichia*: Implications for further research in Latin America of a bibliometric assessment

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Samuel E. Idárraga-Bedoya¹, Mariana Chacón-Peña¹, Daniela Osorio-Navia¹, Jessica Paola Martínez-Hidalgo¹, María Angélica Reina-Mora¹, Jaime A. Cardona-Ospina^{2,3,4}, Erika V. Jiménez-Posada^{4,5}, Alfonso J. Rodríguez-Morales^{2,4}

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Agropecuarias, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Grupo de Investigación Biomedicina, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

⁴ Grupo de Investigación en Enfermedades Infecciosas Emergentes y Medicina Tropical, Instituto para la Investigación en Ciencias Biomédicas, Pereira, Colombia

⁵ Grupo de Investigación en Biotecnología – Productos Naturales, Facultad de Tecnologías, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

Introduction: *Ehrlichia* are tick-borne protobacteria of the order Rickettsiales. Till few years ago, it was believed that it infects only animals. In recent years, studies demonstrated that it is also zoonotic, affecting humans. Still there are many aspects of this zoonotic bacteria that need to be addressed. There are no bibliometric studies assessing advances in its research.

Methods: A bibliometric study at six databases was done in Web of Sciences (WoS), Scopus, Medline/PubMed, SciELO, Lilacs and Google Scholar, assessing the global scientific production on *Anaplasma*, measuring the number of articles per country, number of original articles, published historically and during the last five years (2014-2018), citations and H index, among other indicators.

Results: The most productive countries were: in WoS (n=3,073): USA (1,468 [47.8%]), Brazil (271 [8.8%]) and France (198 [6.4%]); at Scopus, (n=3,864): USA (1,765 [45.68%]), France (248 [6.42%]) and Brazil (244 [6.3%]); at PubMed, (n=3,082): USA (900 [29.2%]), Brazil (188 [6.1%]), and South Africa (174 [5.65%]); production during 2014-2018 at WoS: 1,007 articles (32.8%); at Scopus: 873 articles (22.6%); PubMed: 652 articles (21.2%). At SciELO there were 146 (29.45%, Brazil). At Lilacs, 137 (40.15% Brazil). At Google Scholar: 34,300 (USA, 40.23%). The topic H index: at WoS is 96 (72,014 citations). Top productive countries, H-index (Scopus): USA (101, 1,868 citations), Brazil (35, 4,344 citations), and France (44, 6,489 citations).

Discussion and conclusions: As in other bibliometric studies, scientific production by USA and their groups is predominant. In areas such as Latin America, investigation on *Ehrlichia* and other tick-borne pathogens should be increased, besides Brazil, the number of articles from other countries is still limited. Specially, more molecular

epidemiological and clinical studies on humans and animals should be performed.

..... ✕

D127 - Evaluación de una nueva variante de PCR-RFLP del gen *hsp70* para la identificación de *Leishmania* spp. a partir de muestras clínicas en Colombia

Yhara Hernández-Tatis, Suljey Cochero-Bustamante, Lily Martínez-Abad, Luis E. Paternina*

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

* lepaterninat@gmail.com

Antecedentes. La identificación de especies de *Leishmania* requiere normalmente de laboriosos métodos para su tipificación, que suele incluir el cultivo de parásitos (técnica de alto costo y baja tasa de éxito) para su posterior identificación mediante métodos serológicos, métodos basados en secuenciación de ADN o PCR-RFLP para garantizar la correcta asignación de especies. En la región Caribe, se pueden encontrar 4 de las 9 especies de *Leishmania* registradas en Colombia; por ello, dadas las dificultades asociadas a la implementación del cultivo, nos propusimos diseñar y evaluar una variante de PCR-RFLP del gen *hsp70* para la identificación de especies, directamente a partir de muestras clínicas.

Materiales y métodos. Se analizó la entropía del gen *hsp70* y se diseñaron cebadores dirigidos contra 496 pb del extremo 3' del ORF con el fin de evaluar su utilidad en la separación de *Leishmania braziliensis*, *L. panamensis*, *L. guyanensis* y *L. infantum*. Los amplicones obtenidos de las cepas de referencia y de las muestras clínicas fueron sometidos a digestión con la enzima HaeIII, y con la enzima BclI en caso de patrones compatibles con *L. panamensis/L. guyanensis*.

Resultados. La digestión del fragmento con HaeIII permite tener perfiles de restricción únicos para *L. braziliensis* (268/129/59/40 pb), *L. infantum* (268/99/80/49 pb) y un patrón compartido para *L. panamensis/L. guyanensis* (268/169/59 pb), la distinción entre estas últimas es realizada al usar BclI que genera un perfil distintivo de *L. guyanensis* (258/238 pb) pero que no corta a *L. panamensis*. La aplicación de esta variante a seis muestras clínicas previamente tipificadas (hasta la fecha) ha permitido su rápida y exitosa tipificación como *L. braziliensis*.

Conclusiones. Pese a la incipiente evaluación realizada hasta la fecha, la nueva variante de PCR-RFLP diferencia exitosamente las cuatro especies presentes en la región Caribe, pudiendo distinguir exitosamente a *L. panamensis* de *L. guyanensis*. Además, experimentalmente permite la distinción de *L. colombiensis*.

Palabras clave. Leishmaniasis, taxonomía molecular, muestras clínicas, epidemiología, Caribe colombiano.

D128 - Integración del modelo de nicho ecológico de slevotomíneos y mapeo de datos de vigilancia de leishmaniasis cutánea para identificar áreas de riesgo de subregistro en Colombia

Clara B. Ocampo^{1,2}, Lina Guzmán-Rodríguez¹, Mabel Soraya Moreno², Carlos Valderrama-Ardila², Neal Alexander^{1,2}

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

² Universidad ICESI, Cali, Colombia

Introducción. Se considera que los sistemas de vigilancia pasiva, como el de la leishmaniasis cutánea, subestiman la verdadera incidencia de la enfermedad entre dos y cinco veces a la reportada.

El objetivo de este estudio fue integrar dos metodologías: el modelo de nicho ecológico para los flebotomos vectores y el mapeo de los datos de vigilancia, con el fin de identificar municipios o veredas con riesgo de transmisión mayor de lo reportado.

Metodología. El estudio se está realizando en un municipio de cada uno de los departamentos: Risaralda, Tolima (región Andina) y Nariño (costa del Pacífico). El mapeo del nicho ecológico, de entropía máxima, se realizó para las especies de flebotomos asociadas con la transmisión doméstica de los municipios de estudio, *Pintomyia (Pifanomyia) longiflocosa* y *Psychodopygus panamensis*, a partir de datos publicados y no publicados. Se recopilieron colecciones entomológicas para probar las predicciones del modelo. Los resultados del modelado del nicho se incluyeron en un modelo espacial condicional autorregresivo, cuya variable de respuesta fue la incidencia de la leishmaniasis cutánea con base en la vigilancia pasiva.

Resultados. Los datos de la vigilancia sobre la incidencia de la enfermedad y las colecciones de flebotomos en campo han corroborado el riesgo de transmisión en el sitio de estudio de Risaralda, Pueblo Rico. En campo, se capturaron en cinco sitios sugeridos por el modelo de nicho, once especies de flebotomos con predominando de *Ps. panamensis*.

Conclusiones. Mediante el modelado de nicho y los datos entomológicos y de vigilancia, se identificaron los lugares de riesgo de transmisión de la leishmaniasis cutánea donde se promocionan estrategias, como la vigilancia comunitaria, para estimar el grado de posible subestimación de casos.

..... ✘

D129 - Dinámica epidemiológica y espacio-temporal de la transmisión de chikungunya, Apartadó, Antioquia, Colombia, 2018

Pablo Uribe-Restrepo, Katerine Marín-Velázquez, Margarit Arboleda-Naranjo, Berta Nelly Restrepo-Jaramillo
Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Universidad CES, Medellín, Colombia

Introducción. El chikungunya es el arbovirus responsable de una artropatía febril, es una enfermedad emergente en las Américas. Los primeros casos fueron descritos en Tanzania en 1952; en el 2013 se ve por primera vez en el Caribe y para el 2014 pasa a la mayoría de los países de Suramérica y Centroamérica. Entre 2014 y 2017, la Organización Panamericana de la Salud reportó 2'449.606 casos de chikungunya, de los cuales Colombia aportó el 18,48 %.

Materiales y métodos. El presente estudio se realizó en el municipio de Apartadó, está constituido por casos índice y contactos. Los casos índice son pacientes con diagnóstico confirmado de chikungunya y los contactos son personas que residen o permanecen en el mismo domicilio o en un domicilio que está ubicado hasta a 100 m del domicilio del caso índice. A todos los participantes se les realizó detección de IgM con la prueba comercial Novalisa™.

Resultados. Se realizaron cuatro visitas de conglomerado en Apartadó. Se capturaron 34 contactos, de los cuales 12,5 % (2/16) de los contactos domiciliarios y 27,8 % (5/18) de los contactos geográficos fueron positivos para la infección por chikungunya. Los tiempos transcurridos entre el inicio del cuadro clínico del caso índice y las visitas fueron de 46, 41, 39 y 27 días.

Conclusiones. El estudio encontró un porcentaje mayor de contactos geográficos positivos para la infección que el porcentaje de contactos domiciliarios. En total, se evaluaron 15 viviendas en los cuatro conglomerados que incluían la vivienda de los casos índice, de las cuales el 53,3 % (8/15) presentaron contactos positivos. Entre los contactos positivos, el 62,5 % (5/8) presentaron síntomas, lo cual es compatible con lo reportado en la literatura.

..... ✘

D130 - Caracterización de portadores de gametocitos de malaria por *Plasmodium falciparum* en Quibdó, Chocó, 2018-2019

Luisa Carbal, Verónica Sierra, Alexandra Ríos, Tatiana Lopera, Lina Zuluaga
Grupo de Malaria, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La adición de primaquina al tratamiento de la malaria por *Plasmodium falciparum* se recomienda con el fin de eliminar los gametocitos; sin embargo,

esta recomendación no se ha implementado de manera uniforme en Colombia. El conocer la frecuencia de gametocitos y las características de la población portadora permite determinar la pertinencia del uso de la primaquina.

Métodos. Se realizó un estudio descriptivo longitudinal en individuos febriles con monoinfección por *P. falciparum* en Quibdó, Colombia, entre 2018 y 2019. Se estimó la parasitemia asexual y sexual por microscopía y se determinó la concentración de la hemoglobina en los días 0, 3 y 28. Se calculó el porcentaje de individuos portadores de gametocitos y se exploraron los factores asociados.

Resultados. Se ingresaron 506 individuos con monoinfección por *P. falciparum*, 1,4 % mujeres gestantes, 91,2% afrocolombianos, 57,3% hombres, edad (mediana) de 29 años (RIC: 17 a 43), 71,4 % con antecedentes de malaria y mediana de parasitemia total de 2.720 parásitos/ μ l (RIC: 736 a 8.744). El 14,2 % portaban gametocitos al ingreso con una mediana de gametocitemia de 48 parásitos/ μ l (RIC: 16 a 132). Solo fue posible hacer seguimiento a 45 y 19 participantes en el día 3 y 28, respectivamente. El estado de portador se asoció con el número de días con fiebre previos al diagnóstico (OR=1,6; IC_{95%} 1,4 - 1,9), la fiebre irregular (OR=4,7; IC_{95%} 2,4 - 9,5) y ser mujer gestante (OR=8,3; IC_{95%} 1,8 a 37,7). Las mediciones en los días 3 y 28 están en curso.

Conclusión. En este estudio hubo una frecuencia de gametocitos del 14,2 %; sin embargo, la microscopía tiene limitaciones en la detección, por lo tanto, la frecuencia de portadores puede ser mucho mayor. El 99,6 % de los individuos ingresados no tiene contraindicación para recibir la primaquina. Los factores asociados con ser portador parecen estar relacionados con características de infecciones persistentes.

..... X

D131 - Validación de una PCR anidada de OmpB-RFLP para la diferenciación de especies de *Rickettsia* encontradas en Colombia

Marcela Gómez-Gómez¹, Luis E. Paternina², Juan David Rodas¹

¹ Línea de Zoonosis Emergentes y Reemergentes, Grupo Centauro, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

* imarcelagomezg@gmail.com

Introducción. La rickettsiosis humana es una enfermedad emergente o reemergente, producida por bacterias del género *Rickettsia* por la picadura de garrapatas y otros artrópodos infectados y causan un síndrome febril agudo potencialmente letal. Para el diagnóstico de esta entidad se ha recurrido a pruebas serológicas, cultivos celulares y, más recientemente, a los métodos moleculares. No obstante, a pesar de la utilidad potencial de las técnicas

basadas en PCR y RFLP para el diagnóstico de las rickettsiosis, en Colombia no se han implementado aún, teniendo en cuenta que en el país han ocurrido brotes con altas letalidades de esta enfermedad.

Objetivo. Determinar la validez analítica de un sistema de tipificación de *Rickettsia* basado en PCR anidada-RFLP para la diferenciación de las especies reportadas en Colombia.

Materiales y métodos. La validación analítica se realizó mediante ensayos de límite de detección, repetibilidad, reproducibilidad, solidez a diferentes cambios de concentración de cloruro de magnesio, oligonucleótidos, Taq ADN polimerasa y cambios en la temperatura de alineamiento; además, se determinaron los perfiles de digestión AluI para cada especie de *Rickettsia* y se compararon con los perfiles determinados por la plataforma Benchling.

Resultados. El límite de detección de la PCR fue una copia del gen *OmpB* y la reproducibilidad de la prueba fue de 96,7 %. La técnica fue sólida a diferentes cambios de concentración de los reactivos evaluados, con excepción de la cantidad de Taq DNA polimerasa usada y se determinaron los perfiles de digestión para la mayoría de las especies circulantes en Colombia, los cuales fueron compatibles con los análisis *in silico*.

Conclusiones. La PCR anidada-RFLP validada analíticamente, es una buena opción para realizar una diferenciación preliminar de las especies de *Rickettsia*. Su convalidación por comparación con secuencias reconocidas de muestras, podría contribuir a la identificación temprana de la bacteria infectante en pacientes humanos, con fines pronósticos.

Proyecto financiado por el Comité para el Desarrollo de la Investigación (CODI), Universidad de Antioquia, código 2014-321.

..... X

D132 - Analysis of the spatial and temporal distribution of the dengue virus (2006-2017), Zika (2015-2017) and Chikungunya (2014-2017) in Colombia

Luz Elena Triana-Vidal¹, Mónica Morales¹, Janeth Arango¹, Marisol Badiel¹, Daniel Cuartas²

¹ Grupo de Investigación en Epidemiología y Servicios, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Libre de Colombia, Cali, Colombia

² Grupo de Epidemiología y Salud de la Población, Universidad del Valle, Cali, Colombia

Objective. To describe the spatial and temporal distribution of dengue, zika and chikungunya viruses in Colombia and to identify clusters at spatial, temporal and space-temporal levels.

Methods. A descriptive study was developed about the space and time distribution of the dengue virus (2006-2017), zika (2015-2017) and chikungunya (2014-2017) in Colombia, using principles of spatial statistics, namely the spatial data exploratory analysis.

Results. Areas of Colombia were identified where there is a higher density and prevalence of cases, and 1,124 municipalities were analyzed for each event (cases of dengue, zika and chikungunya). Significant clusters ($p < 0.05$) were proven in spatial, temporal and space-temporal analysis, in the southwestern zone of the Andean region and in the Orinoquia region.

Conclusions. Two conglomerates were confirmed for the dengue, zika and chikungunya events, that could be established as areas of higher risk of co-infection.

..... ✕

D133 - Aves silvestres y garrapatas duras (Acari: Ixodidae) infectadas con *Rickettsia* spp. en el departamento de Caldas, Colombia

Estefani T. Martínez-Sánchez¹, Marelid Cardona-Romero¹, Mateo Ortiz-Giraldo¹, William David Tobón-Escobar¹, Daniel Moreno-López¹, Paula A. López-Ossa¹, Jorge E. Pérez-Cárdenas², Fredy A. Rivera-Páez¹, Gabriel J. Castaño-Villa³

¹ Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

² Grupo de Investigación BIOSALUD, Departamento de Ciencias Básicas para la Salud, Facultad de Ciencias para la Salud, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

³ Departamento de Desarrollo Rural y Recursos Naturales, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

Antecedentes. Las aves silvestres han sido implicadas en el transporte y dispersión de garrapatas duras a largas distancias entre continentes y dentro de ellos. A su vez, estas garrapatas están involucradas en la transmisión de bacterias patógenas para los humanos, principalmente de bacterias del género *Rickettsia*, causantes de la fiebre de las Montañas Rocosas en Norteamérica, y la fiebre de Tobia en Colombia.

En las últimas décadas se ha registrado la presencia de *Rickettsia* spp. en garrapatas recolectadas de aves silvestres en América, por lo cual las aves silvestres pueden tener un rol en la epidemiología de las rickettsias.

En este sentido, el objetivo del trabajo fue determinar las asociaciones entre aves silvestres con las garrapatas duras infectadas con *Rickettsia* spp. en el departamento de Caldas, Colombia.

Métodos. Las aves silvestres se capturaron con redes de neblina en 19 municipios del departamento de Caldas entre 2015 y 2019. Las aves se examinaron visualmente en todo el cuerpo para la búsqueda de garrapatas y se identificaron

con guías de campo; posteriormente, se liberaron en los sitios de captura. Las garrapatas extraídas se sometieron a análisis moleculares por PCR, para el gen *16S* de garrapatas y los genes *gltA* y *ompA* para las especies de rickettsias.

Resultados. Se examinaron 2.314 individuos, representados en 132 especies de aves. En general, 77 individuos de 45 especies resultaron infestadas por garrapatas del género *Amblyomma*, *Ixodes* y *Haemaphysalis*. Se detectó infección por *Rickettsia* spp. en garrapatas recolectadas de aves silvestres capturadas en cuatro municipios del departamento de Caldas. Se reportan nuevas asociaciones aves-garrapatas y nuevos registros de infección por *Rickettsia* spp. en especies de garrapatas duras para el continente americano.

Conclusiones. Este estudio aporta información al conocimiento del papel de las aves silvestres en el transporte de garrapatas infectadas con *Rickettsia* spp. para Colombia y el continente americano.

..... ✕

D134 - Interacciones vector-huésped entre ectoparásitos (Diptera: Streblidae) y murciélagos (Mammalia: Chiroptera) en un gradiente altitudinal de los Andes centrales del departamento de Caldas, Colombia

Mateo Ortiz-Giraldo¹, Andrés Fernando Tamayo-Zuluaga², Hernando de Jesús Osorio-Acevedo², Héctor Emilio Ramírez-Chaves¹

¹ GEBIOME, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

² Programa de Biología, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

Antecedentes. El ectoparasitismo en murciélagos ha sido abordado por el dinamismo parasitario que las especies de moscas estréblidos (Diptera: Streblidae), sus principales parásitos, pueden presentar a lo largo de gradientes ambientales. Además, estos ectoparásitos cobran relevancia puesto que son vectores de una amplia variedad de agentes patógenos. Para explicar la alta especificidad de algunas especies de estas moscas se han sugerido implicaciones tanto ecológicas como evolutivas. Sin embargo, no existen estudios que asocien la altitud como una variable que condicione su especificidad.

Métodos. Para la captura de murciélagos, se dispusieron aleatoriamente redes de niebla en siete municipios de Caldas, con puntos de muestreo entre los 1.000 y los 2.250 metros de altitud. Posteriormente, se hizo una búsqueda visual de ectoparásitos en cada murciélago, los cuales se conservaron en tubos con etanol al 96 %. La identificación de los murciélagos y sus ectoparásitos se hizo mediante caracteres morfológicos. Por último, se construyó una red de interacción entre los murciélagos y los ectoparásitos con el paquete Bipartite del software R.

Resultados. Se capturaron 141 individuos de murciélagos, distribuidos en dos familias (Phyllostomidae y Vespertilionidae) y nueve especies. De estos, 82 se encontraron infestados por moscas ectoparasitas. Los análisis parciales arrojan la presencia de siete especies de estréblidos en los murciélagos registrados. Los análisis exploratorios arrojan que algunas asociaciones, como la de *Carollia perspicillata* y *Strebla* sp. se mantienen a lo largo de los gradientes altitudinales, pero, por otro lado, otras cambian drásticamente a medida que incrementa la altitud, como la de *Megistopoda aranea* y sus diferentes huéspedes.

Conclusiones. La especificidad de las relaciones vector-huésped entre estréblidos y murciélagos se ve afectada a medida que aumenta la altitud. Las interacciones varían debido a que la cantidad de huéspedes disminuye en tierras altas.

..... ✕

D135 - Garrapatas duras (Acari: Ixodidae) asociadas a aves silvestres y su papel en la transmisión de *Rickettsia* spp. en la región de la Orinoquia colombiana

Marelid Cardona-Romero¹, Estefani T. Martínez-Sánchez¹, Johnathan Álvarez-Londoño², Fredy A. Rivera-Páez³, Gabriel J. Castaño-Villa⁴, Paula A. Ossa-López³, Jorge E. Pérez-Cárdenas⁵

¹ Grupo de Investigación, Maestría en Ciencias Biológicas, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

² Grupo de Investigación GEBIOME, Programa de Biología, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

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

⁴ Grupo de Investigación GEBIOME, Departamento de Desarrollo Rural y Recursos Naturales, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

⁵ Grupo de Investigación BIOSALUD, Departamento de Ciencias Básicas para la Salud, Facultad de Ciencias para la Salud, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

Antecedentes. Las garrapatas son el segundo vector de enfermedades de mayor importancia en el mundo, después de los mosquitos. Las garrapatas duras (familia Ixodidae) están involucradas en la transmisión de agentes patógenos, un ejemplo de esto son las especies del género *Amblyomma*, involucradas en la transmisión de bacterias patógenas para los humanos como *Rickettsia* spp.

El ciclo de vida de las garrapatas involucra diferentes huéspedes vertebrados, entre ellos las aves, las cuales hospedan estadios de larvas y ninfas, donde las aves pueden actuar como reservorios o resistentes ante la presencia de agentes patógenos transmitidos por garrapatas.

La Orinoquia colombiana es una región importante para el estudio de las garrapatas, debido a la presencia

de especies del complejo *Amblyomma cajennense* s.l., involucradas directamente en la transmisión de rickettsias, agentes causales de las fiebres manchadas. La investigación evaluó el papel de las aves en la interacción garrapata y *Rickettsia* spp.

Métodos. En los municipios de Tame y Arauca (departamento de Arauca), se examinaron 471 aves silvestres para la búsqueda de garrapatas. Se tomaron 169 muestras de sangre para la detección de rickettsias por PCR utilizando el gen *gltA* y se hizo detección de anticuerpos en 99 sueros por inmunofluorescencia indirecta.

Resultados. Se recolectaron 12 garrapatas del género *Amblyomma* en estadios de larvas y ninfas, de las cuales el 11,1 % fueron positivas para *Rickettsia* spp. y el 0,6 % de las muestras de sangre fue positivo para *Rickettsia* spp. El 31,3 % de las aves presentó anticuerpos para rickettsias con titulaciones de 1:64.

Conclusiones. Las aves silvestres cumplen un rol como huéspedes de garrapatas con *Rickettsia* spp., pero parecen actuar como resistentes ante la presencia de rickettsias.

..... ✕

D136 - Evaluación comparativa de los métodos de conservación y extracción de ADN en sangre de mamíferos silvestres utilizada en el estudio de hemoparásitos

Juan David Carvajal-Agudelo¹, María Paula Trujillo-Betancur¹, Daniela Velásquez-Guarín¹, Jorge Enrique Pérez-Cárdenas², Héctor E. Ramírez-Chaves¹, Fredy A. Rivera-Páez^{1*}

¹ Grupo de Investigación GEBIOME, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

² Grupo de Investigación BIOSALUD. Departamento de Ciencias Básicas para la Salud, Facultad de Ciencias para la Salud, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

* fredy.rivera@ucaldas.edu.co

Introducción. En epidemiología y en genética es común la toma de sangre para el estudio de la detección, la caracterización y las dinámicas de especies parásitas importantes para la salud animal. Esta práctica involucra la conservación y extracción de ADN para el uso de metodologías más eficientes, sensibles y reproducibles, por ejemplo, las basadas en PCR. Aunque muchos protocolos se usan para extraer ADN, su comparación es vital para conocer qué métodos pueden usarse en muestras complejas y limitadas.

Métodos. Se tomaron 250 muestras de sangre de mamíferos silvestres (marsupiales, quirópteros y roedores) y se conservaron en cloruro de guanidina y tarjetas Whatman-FTA. Se realizó extracción de ADN usando los métodos basados en fenol-cloroformo alcohol isoamílico y tiocinato de guanidina, y los kits comerciales de extracción

de ADN genómico de *Bioline*, *Norgen*, *ZymoResearch*, *Invitrogen* y *Qiagen*. Los métodos se compararon mediante un ANOVA y se graficaron mediante *boxplots*. Además, se evaluaron muestras para la detección de *Trypanosoma* spp., *Rickettsia* spp. y *Plasmodium* spp.

Resultados. Las tarjetas FTA presentaron una mayor cantidad y calidad de ADN en comparación con el cloruro de guanidina ($p < 0,05$). Los mejores métodos de extracción de ADN, fueron los *kits* comerciales basados en columna. La extracción con tiocinato de guanidina y fenol-cloroformo alcohol isoamílico son exitosas para la amplificación por PCR, aunque con menor calidad y cantidad de ADN. Entre los *kits* de extracción resaltan aquellos con secciones específicas para sangre, como *Qiagen* ($p < 0,05$) y *Bioline* ($p < 0,01$).

Conclusiones. Las tarjetas FTA y los *kits* que presentan adecuaciones para la extracción en sangre (incluyendo sangre coagulada) presentan una mayor eficiencia en la extracción de ADN. Además, las tarjetas FTA permiten una toma más versátil de sangre en campo y como tal una mejoría en los procesos moleculares subsiguientes.

Financiamiento. Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e Innovación, Colciencias, proyecto “El papel de las aves y pequeños mamíferos silvestres en la circulación de garrapatas y rickettsias en el departamento de Arauca (Orinoquia Colombiana)”, código: 112777758193 y contrato N° 858 de 2017.

..... ✕

D137 - Diseño *in silico* de pequeños ARN de interferencia (siRNA) contra el virus del dengue

Carlos Andrés Rodríguez-Salazar, Jhon Carlos Castaño-Osorio, Leonardo Padilla-Sanabria, Delia Piedad Recalde-Reyes
Grupo de Inmunología Molecular, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

Introducción. El virus del dengue es un flavivirus envuelto, con genoma ARN+, el cual se une a ribosomas y traduce una poliproteína indispensable para su replicación. Los siRNA son moléculas que regulan la expresión genética. Sintéticamente, se han utilizado para el silenciamiento de los genes virales; sin embargo, el diseño de siRNA implica parámetros necesarios para la inhibición de los genomas virales.

Objetivo. Diseñar pequeños ARN de interferencia (siRNA) contra el virus del dengue (DENV) mediante herramientas computacionales.

Metodología. Se identificaron genomas completos de los cuatro serotipos del DENV mediante la base de datos ViPR; se realizaron alineamientos mediante Clustal Omega y se generaron secuencias consenso mediante Jalview; se analizaron secuencias conservadas y se diseñaron siRNA

teniendo en cuenta las reglas URA mediante siDirect2 y BLOCK-iT™RNAi Designer de Thermo Fisher. Se analizó el lugar de reconocimiento en el genoma, y la especificidad de cada siRNA mediante BLAST. Se realizó análisis estructural y termodinámico mediante RNAstructure. Se calculó la capacidad calorífica y la concentración dependientes de la temperatura de fusión mediante Dinamelt webserver; se validaron mediante siRNAPred server y se realizó una interacción ARN-proteína mediante ClusPro.

Resultados. El análisis preliminar de las secuencias mediante alineamientos múltiples y la eliminación de las secuencias redundantes con identidad del 95 %, permitió obtener finalmente 6 secuencias de DENV1, 13 de DENV2, 4 de DENV3, 7 de DENV 4. Se realizaron secuencias consenso para los cuatro serotipos y una secuencia consenso del genoma para cada serotipo. Se obtuvieron 84 siRNA específicos para dengue, de estos, 12 cumplen con los parámetros de especificidad contra el virus, termodinámicos y de estabilidad.

Conclusión. Se logró diseñar 12 secuencias de siRNA mediante parámetros computacionales que permiten establecer la especificidad y la eficiencia de silenciamiento de la expresión del genoma del virus del dengue que permiten ser considerados como candidatos a ser evaluados *in vitro*.

..... ✕

D138 - Atypical, severe and fatal chikungunya: A systematic review and meta-analysis

Diana Ávila-Reyes¹, Mateo Aguirre-Flórez², Jaime A. Cardona-Ospina^{2,3,4}, José Fernando Gómez¹, Alfonso J. Rodríguez-Morales^{2,4}

¹ Cuidado Crítico y Medicina Intensivista, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Risaralda, Colombia

² Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Risaralda, Colombia

³ Grupo de Investigación Biomedicina, Facultad de Medicina, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Risaralda, Colombia.

⁴ Grupo de Enfermedades Infecciosas y Medicina Tropical, Instituto para la Investigación en Ciencias Biomédicas, Pereira, Colombia

Introduction. While deaths due to CHIKV infection have been described, especially during epidemics in the Americas, reports of fatal cases have been considered infrequent, and no systematic reviews have been published so far.

Methods. We performed a literature systematic review in six databases (Web of Sciences/Scopus/PubMed/SciELO/Lilacs/Google Scholar) to assess the proportion of patients with CHIKV that developed atypical, severe and fatal evolutions, according to the 2015 WHO criteria, reported in single or multiple case reports (case series), cross-sectional and cohort studies. A meta-analysis with random-

effects model was performed to calculate the pooled prevalence of those stages, with their corresponding 95% confidence intervals (95%CI). Measures of heterogeneity (Cochran's Q-statistic, I^2 index, and τ^2 test), were reported. Subgroup analyses were conducted.

Results. Till August 15, 2019, the literature search yielded 698 articles, of which only 40 studies were valid for analysis (13 single-case reports, 14 case series, 12 cross-sectional studies and 1 cohort). The case series compromised a total of 109 cases. In cross-sectional studies (N=5,748), the pooled prevalence of atypical CHIKV was 32.6% [95%CI (15.4%-49.8%); $\tau^2=0.090$; $I^2=99.313$; $Q=1,601.122$; $p<0.001$]. For severe CHIKV was 32.9% [95%CI (20.2%-45.6%); $\tau^2=0.048$; $I^2=99.107$; $Q=1,232.114$; $p<0.001$]. For fatal CHIKV was 9.6% [95%CI (7.4%-11.9%); $\tau^2=0.001$; $I^2=97.584$; $Q=455.219$; $p<0.001$], being higher at the Americas, 32.4% (95%CI 0.0-74.2%). From the single-case reports, 10 were atypical, 3 severe and 7 of them died (53.8%). From the case series, 61.5% were atypical, 39.4% were severe and 46.8% died. At the 57 patient-cohort, 36.8% were atypical cases. At cross-sectional studies, comorbidities were found in 34.5% [95%CI (27.7%-41.3%); $\tau^2=0.012$; $I^2=99.861$; $Q=7,911.164$; $p<0.001$], with diabetes in 17.5% [95%CI (11.9%-23.2%); $\tau^2=0.008$; $I^2=98.761$; $Q=887.742$; $p<0.001$], among others.

Conclusions. CHIKV was not considered to be a dangerous, much less a lethal pathogen until very recently. However, an increasing number of fatalities have been published in the literature since the epidemics 2005-2006 in La Reunion, France. Additional research is needed to elucidate factors that may mediate the pathogenesis of atypical, severe, and fatal disease.

..... ✕

D139 - Hallazgo de *Leishmaniavirus* en cepas causantes de leishmaniasis aisladas en el departamento de Sucre, Colombia

Lina Marcela Acosta-Martelo, Jachie Xilena Beltrán-Abad, Lily Paola Martínez-Abad, Luis Enrique Paternina-Tuirán, Erwin Yesid Camacho-Burgos
Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. El departamento de Sucre es considerado uno de los focos más importantes de la leishmaniasis en la región Caribe; aporta, junto con el departamento de Córdoba, aproximadamente, el 83 % de los casos de leishmaniasis cutánea. Se ha planteado que esta forma clínica de la enfermedad está asociada a las fallas en los tratamientos, la reacción inmunitaria del huésped, la especie infectante y sus factores de virulencia.

En este sentido, se ha descrito la asociación entre la infección con *Leishmaniavirus* y la persistencia del

parásito y la diseminación de la enfermedad. Esto motivó el interés por conocer, mediante técnicas de biología molecular, la frecuencia de la infección con estos virus de las cepas causantes de leishmaniasis, que circulan en el departamento de Sucre.

Métodos. Se descongelaron 19 cepas del biobanco de parásitos de importancia médica de la Universidad de Sucre. Se extrajo el ARN con el método TRIsure y la detección del ARN de *Leishmaniavirus* se hizo por RT-PCR empleando los cebadores LRV1F y LRV1R que delimitan una región 245 pb de la región ORF1. Los productos de la PCR se sometieron a electroforesis por 50 minutos a 90 V en gel de agarosa al 2 %. Como control interno, se amplificó la región V7V8 del gen ribosómico de 18S de los parásitos del género *Leishmania*.

Resultados. De las 19 muestras evaluadas, una presentó el amplicón del tamaño esperado para las cepas de *Leishmaniavirus*. Esta muestra será secuenciada en ambos sentidos de la cadena para corroborar la identidad. La región V7V8 del gen ribosómico amplificó en 14 muestras.

Conclusión. Estos resultados revelan la virulencia de *Leishmaniavirus* en los parásitos de *Leishmania* que circulan en el departamento de Sucre, lo que representa un hallazgo que hace necesario el desarrollo de estudios que permitan determinar el papel del virus en la progresión de la enfermedad.

..... ✕

D140 - Reporte de un caso humano de *Rickettsia parkeri* cepa Atlantic Rainforest en Turbo, Colombia

Leidy Y. Acevedo-Gutiérrez¹, Margarita Arboleda², Dayro Ospina³, Alejandra M. Avila⁴, Andrés F. Londoño¹, Francisco J. Díaz⁵, Juan D. Rodas¹

¹ Grupo Centauro, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Apartadó, Colombia

³ Clínica Chinita, Apartadó, Colombia

⁴ Universidad Pontificia Bolivariana, Medellín, Colombia

⁵ Grupo de Inmunovirología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia
leidy.acevedo@udea.edu.co

Introducción. Las rickettsiosis causadas por agentes del grupo de las fiebres manchadas son zoonosis desatendidas en Colombia. A pesar de que se han demostrado, serológica y molecularmente, casos letales aislados y brotes relacionados con *Rickettsia rickettsii* en los departamentos de Antioquia, Cundinamarca y Córdoba, se sospecha la circulación de otras rickettsias patógenas aún sin descubrir.

Objetivo. Describir los hallazgos clínicos, serológicos, moleculares y filogenéticos de un caso humano de rickettsiosis causado por una nueva especie del grupo de las fiebres manchadas de las Montañas Rocosas en el Urabá antioqueño.

Descripción del caso. Un agricultor de 47 años de edad, previamente sano y residente en área rural del municipio de Turbo (Antioquia), consultó por fiebre, escalofríos, desaliento, náuseas e hiporexia, posterior a la picadura por garrapata en el lado izquierdo de su abdomen.

En el examen físico se encontró una escara de inoculación acompañada de adenomegalias en la región inguinal del mismo lado. Por la sospecha de rickettsiosis, se solicitaron pruebas hematológicas y bioquímicas (en la fase aguda), y pruebas moleculares y serológicas (en la fase aguda y en la convaleciente). Se inició manejo con doxiciclina, 200 mg al día.

La única prueba bioquímica levemente elevada fue la creatinofosfoquinasa. También, se detectó, por inmunofluorescencia indirecta, seroconversión para el grupo de las fiebres manchadas utilizando seis especies de *Rickettsia* con títulos entre 128 y 1.024, sin diferencia cuádruple entre los diferentes antígenos. Por PCR de la escara, se lograron amplificar los genes *gltA*, *sca0*, *sca4* y *sca5* para *Rickettsia* spp., los cuales por Blast y análisis filogenético, mostraron similitud con *Rickettsia parkeri* cepa Atlantic Rainforest.

Conclusión. Estos hallazgos evidencian la presentación de un nuevo agente causante de rickettsiosis de menor virulencia en Colombia, lo cual amplía el panorama de las enfermedades transmitidas por garrapatas en el país.

Proyecto financiado por el Comité para el Desarrollo de la Investigación (CODI), Universidad de Antioquia, código 2014-321.

..... ✕

D141 - Caracterización clínica y epidemiológica de pacientes con leishmaniasis mucosa coinfectados o no con *Leishmaniavirus*

Fredy Alexander Pazmiño¹, Diana Marcela Parra², Carlos Humberto Saavedra³, Clemencia Ovalle-Bracho⁴, Sandra Muvdi⁴, María Clara Echeverry^{2*}

¹ Maestría en Infecciones y Salud en el Trópico, Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia.

² Laboratorio de Parasitología, Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

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

⁴ Hospital Universitario Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta, Bogotá, D.C., Colombia

* mcecheverryg@unal.edu.co

Introducción. La leishmaniasis mucosa se caracteriza por la invasión y destrucción de la mucosa oral, nasal o ambas, y se presenta con mayor frecuencia en pacientes infectados con parásitos del subgénero *Leishmania* (*Viannia*). Los factores de riesgo para la leishmaniasis mucosa no son claros y se ha postulado la *Leishmania RNA virus 1* (LRV1) en el parásito infectante, lo que exagera la reacción inmunológica del huésped.

El presente trabajo describe el perfil clínico y epidemiológico de una serie de pacientes con leishmaniasis mucosa y su relación con la coinfección de LRV1.

Métodos. Se realizó un estudio descriptivo de una serie de pacientes con diagnóstico clínico de leishmaniasis mucosa (n=15), atendidos entre 2008 y 2013 en el Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta. Mediante la revisión de las historias clínicas se registraron las variables demográficas, epidemiológicas y de respuesta al tratamiento. En el Laboratorio de Parasitología de la Facultad de Medicina de la Universidad Nacional se procesaron las biopsias congeladas para la confirmación de la infección por *Leishmania* spp. mediante PCR de 18S y la detección de LRV1. Los resultados se presentan como frecuencias.

Resultados. La frecuencia del LRV1 en las muestras analizadas fue de 40 %. El 73,3 % de los pacientes eran del sexo masculino, con una mediana de edad de 40 años. Las regiones de infección fueron: la Andina (46,7 %) y la Orinoquia (40 %). El 93,3 % de los casos presentó leishmaniasis cutánea, entre 1 mes y 30 años antes de la leishmaniasis mucosa; de estos, el 78,6 % era localizada y el 21,4 % diseminada. La gravedad del cuadro de la leishmaniasis mucosa, según la clasificación de Lessa, fue: de grado II en el 26,7 %, III en el 40 %, y IV en el 26,7 %. El tratamiento para leishmaniasis mucosa se hizo con glucantime en el 80 % de los casos. No se encontraron diferencias en las variables analizadas con respecto a la infección con LRV1.

Conclusión. El 40 % de los pacientes estaban infectados del LRV1 y no presentaron diferencias clínico-epidemiológicas con los pacientes no infectados.

Agradecimientos. Este trabajo fue realizado gracias al apoyo y financiación de Colciencias (código de proyecto 110177758491).

..... ✕

E - SALUD PÚBLICA

E1 - Desafíos para la eliminación de la malaria urbana y periurbana en Guapi, Colombia, 2016O. Murillo¹, J. Padilla¹, J. P. Escobar², C. A. Morales^{3*}¹ Programa de Prevención y Control de Enfermedades Transmitidas por Vectores, Ministerio de Salud y Protección Social de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia² Facultad Nacional de Salud Pública, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia³ Secretaría de Salud del Cauca, Laboratorio de Salud Pública, Gobernación del Cauca, Popayán, Colombia

* cmorales@cauca.gov.co

Antecedentes. Las políticas y estrategias nacionales para la malaria, 2014-2021, contemplan eliminar la transmisión urbana de esta enfermedad en su primera fase en cuatro municipios. Por lo anterior, en coordinación con el Ministerio de Salud, el Instituto Nacional de Salud y la Organización Panamericana de la Salud, se adelantó una consultoría para articular un plan estratégico para el mejoramiento de las debilidades de la capacidad de respuesta técnico-administrativa para iniciar el proceso de transición de control a la pre-eliminación de la malaria periurbana.

Objetivo. Analizar la situación epidemiológica de la transmisión de la malaria urbana y periurbana en Guapi en el periodo 2011-2015, los desafíos en capacidad vectorial, receptividad, capacidad infecciosa y vulnerabilidad.

Metodología. Se realizó un estudio descriptivo y transversal con las actuales herramientas, asumiendo que no existen restricciones financieras. Después de recolectar la información sobre la malaria para el municipio de los últimos cinco años, se adaptaron y utilizaron en el contexto los formatos de eliminación de malaria propuestos por la Organización Mundial de la Salud (OMS), para evaluar la capacidad vectorial, la receptividad, la duración de la capacidad infectiva y la vulnerabilidad.

Resultados. Entre los años 2011 y 2015, se notificaron 1.097 casos, 39,5 % se registraron en el área urbana o periurbana y, a su vez, el 68 % de estos se concentraron en tres barrios. *Anopheles albimanus* es el vector primario, con sensibilidad a los insecticidas, múltiples criaderos y estrategias de instalación de mosquiteros con altas coberturas. Se encontró: predominio de las infecciones por *Plasmodium falciparum*, oportunidad de consulta en las primeras 48 horas del 48,1 % y automedicación; el 60,5 % de la vulnerabilidad correspondió a los casos no urbanos.

Conclusiones. La malaria se caracterizó por ser de baja intensidad, focalizada y con picos de incidencia. Los aspectos relacionados con la capacidad infectiva

y la vulnerabilidad son los más rezagados. Se sugiere implementar un plan encaminado a fortalecer las acciones en estos componentes, aprovechando la oferta institucional en la cabecera municipal.

..... X

E2 - Validación de una prueba molecular aplicable en campo para el diagnóstico de la leishmaniasis cutánea con participación de la comunidadAlexandra Cossio^{1,2}, Jimena Jojoa^{1,2}, María del Mar Castro^{1,2}, Ruth Mabel Castillo^{1,2}, Nancy Saravia^{1,2}, Bruno Travi³¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia² Universidad Icesi, Cali, Colombia³ Internal Medicine Department, Infectious Diseases, University of Texas Medical Branch, Galveston, TX, USA

Antecedentes. En Colombia, el 85 % de los casos de leishmaniasis cutánea ocurre en zonas rurales dispersas. El examen directo (frotis) es el método estándar de diagnóstico; su sensibilidad está limitada por la experiencia del operador, lo cual dificulta el diagnóstico. Se validó la prueba molecular isotérmica RPA-LF (*Recombinase Polymerase Amplification*) con visualización en una tira inmunocromatográfica, para el diagnóstico de leishmaniasis cutánea, usando muestras no invasivas. Se compararon los resultados entre un laboratorio de referencia y un centro de baja complejidad.

Métodos. Se incluyeron 118 participantes mayores de dos años de edad, con lesiones cutáneas sugestivas de leishmaniasis cutánea. Trabajadores de la salud y líderes comunitarios tomaron muestras de las lesiones con papel FTA Whatman™ e hisopos *HidraFlock*™. El rendimiento de la prueba RPA-LF se estimó utilizando dos métodos de referencia (frotis, cultivo o ambos) y la prueba molecular qPCR-18S rDNA.

Resultados. Los participantes fueron principalmente hombres (70 %), afrocolombianos (63 %), entre 2 y 85 años (mediana: 26 años), de áreas rurales de Tumaco (90 %). El tiempo de evolución de la primera lesión fue de 6 meses (rango: 1 a 36). Se confirmó el diagnóstico parasitológico en 80 participantes y, por qPCR-18S, en 74. Se aisló el parásito en 69 (86 %), y predominó *L.(V). panamensis* en 65/69 (94 %).

El rendimiento de la prueba RPA-LF (en un centro de referencia) comparada con el frotis, el cultivo o ambas fue: sensibilidad 90 % (IC_{95%} 81,2-95,6), especificidad 86,8 %

(IC_{95%} 71,9-95,6), VPP 93,5 % (IC_{95%} 85,5-97,9), y VPN 80,5 % (IC_{95%} 65,1-91,2). Comparado con el de la qPCR-18S, el rendimiento fue: sensibilidad 85,1 % (IC_{95%} 75-92,3), especificidad 68,2 % (IC_{95%} 52,4-1,4), VPP 81,8 % (IC_{95%} 71,4-89,7) y VPN 73,2 % (IC_{95%} 57,1-85,8). No hubo diferencias significativas entre el rendimiento de la prueba con toma de la muestra en campo y procesamiento en el nivel básico, y el de las muestras tomadas y procesadas en el laboratorio de referencia.

Conclusión. La prueba RPA-LF junto con el muestreo no invasivo con participación comunitaria, facilitaría el acceso al diagnóstico en zonas rurales dispersas endémicas para leishmaniasis cutánea.

..... ✕

E3 - Utilidad del marcador molecular miniexón (*spliced leader*) en la discriminación de subgrupos dentro de las unidades discretas de tipificación TcI, TcIII Y TcIV de *Trypanosoma cruzi*

Oneida Espinosa-Álvarez¹, Luciana Lima¹, Paola Andrea Ortiz-Vargas¹, Gladys Elena Crisante-Rojas², Julio César Carranza-Martínez³, Erney Felicio Plessman-Camargo¹, Marta Maria Geraldese-Teixeira

¹ Universidad de São Paulo, São Paulo, Brasil

² Universidad de Los Andes, Caracas, Venezuela

³ Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

Introducción. *Trypanosoma cruzi*, agente causal de la enfermedad de Chagas, posee una gran diversidad genética, especialmente en el ciclo de transmisión silvestre, que está muy subestimado y requiere ser investigado exhaustivamente. En estudios previos se ha demostrado la utilidad del miniexón, también conocido como *spliced leader*, para discriminar las unidades discretas de tipificación descritas para *T. cruzi* e, inclusive, para diferenciar grupos dentro de la TcI. Nuestro objetivo fue analizar el polimorfismo de secuencia del marcador molecular SL y su utilidad en la discriminación de grupos genéticos dentro de las DTU de *T. cruzi*.

Métodos. Se secuenció la unidad de repetición completa del miniexón de 158 aislamientos de *T. cruzi* (142 brasileños) pertenecientes a las unidades discretas de tipificación TcI, TcIII y TcIV. Se compararon las secuencias obtenidas con aquellas disponibles en el GenBank, y se hicieron análisis filogenéticos (*Split Network*) y estadísticos (escalamiento multidimensional).

Resultados. La inspección visual de la región intergénica del miniexón de aislamientos de TcI, permitió la discriminación de un mayor número de genotipos de los previamente reportados (TcIa-TcIf). No obstante, los análisis filogenéticos y estadísticos confirmaron la división en apenas tres grupos genéticos asociados con su origen

geográfico y no con el ciclo de transmisión del parásito. La evaluación por primera vez del polimorfismo del miniexón de aislamientos de TcIII y de TcIV, permitió observar cuatro grupos genéticos (TcIIIA-D; TcIVA-D) asociados con la procedencia geográfica de las muestras.

Conclusión. El miniexón demostró ser un marcador prometedor para una fácil evaluación de grupos genéticos dentro de las DTU de *T. cruzi*, y reveló una gran diversidad genética a pesar del limitado número de aislamientos analizados, lo cual debería ser evaluado a una mayor escala.

Palabras clave. *Trypanosoma cruzi*, unidades discretas de tipificación, *spliced leader*, diversidad genética, ciclo silvestre.

..... ✕

E4 - Vulnerabilidad social, un blanco fatal de la coinfección TB-HIV en Cali

J. D. Gómez¹, C. Candelo¹, S. Victoria^{2,3}, L. Luna², R. Pacheco⁴, B. E. Ferro⁴

¹ Universidad Icesi, Cali, Colombia

² Programa de Micobacterias, Secretaría de Salud Pública Municipal, Cali, Colombia

³ Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Javeriana Cali, Cali, Colombia

⁴ Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Icesi, Cali, Colombia

Introducción. La coinfección con tuberculosis y el virus de la inmunodeficiencia humana (HIV), representa un problema de salud pública a nivel mundial. Su complejo abordaje desde la perspectiva de factores determinantes sociales, conduce a ampliar el riesgo de enfermar y morir por esta causa. El municipio de Santiago de Cali aporta cerca del 8 % del total de casos de tuberculosis de Colombia; por ello, es importante conocer el perfil de los pacientes con coinfección y, en particular, caracterizar los casos fatales.

Métodos. Es un estudio observacional y descriptivo de una cohorte de pacientes coinfectados con TB y HIV que fallecieron y se registraron en el programa de micobacterias de Cali durante el año 2017. Se presenta información demográfica, clínica y programática, mediante estadística descriptiva.

Resultados. Durante 2017, el programa de micobacterias de Cali registró 283 casos fatales, 20,5 % (n=58) de estos tenían coinfección TB-HIV y su mediana de edad fue de 37 años (RIC=29-46). El 76 % (44/58) eran hombres, 72,4 % (42/58) pertenecían al régimen subsidiado, 85 % (47/55) eran casos nuevos de tuberculosis y, en el 76 % (44), la presentación fue pulmonar. Un tercio (29 %) de la población era habitantes de calle, el 56 % (30/54) reportó alguna dependencia (alcohol, tabaco, otros). El 71 % (41/58) de los casos de HIV fue detectado por el programa

de micobacterias. Según el análisis de mortalidad, el 84 % (43/51) fue clasificado como muerte con tuberculosis. No se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre la población asegurada y la no asegurada, en cuanto la oportunidad de diagnóstico y el tratamiento del HIV.

Conclusiones. Los casos fatales con coinfección TB-HIV son frecuentes en Cali, siendo más comunes en hombres en edad productiva y en población socialmente vulnerable, como habitantes de calle o dependientes de alcohol, tabaco u otras sustancias. Lo anterior soporta la necesidad de continuar dirigiendo las acciones programáticas hacia la intervención de estas vulnerabilidades.

..... ✕

E5 - Infecciones asintomáticas y submicroscópicas por *Plasmodium* spp. en la frontera colombo-peruana, Amazonas, 2017

Mónica Rondón-Cotacio¹, Olga Bellido², Luz Mila Murcia³, Gabriel Vélez-Tobón¹, Andrés Holguín-Rocha¹, Alberto Tobón-Castaño¹

¹ Grupo de Malaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Secretaría Departamental de Salud del Amazonas, Leticia, Colombia

³ Laboratorio Departamental del Amazonas, Leticia, Colombia

Resumen. Una de las dificultades para lograr la eliminación de la malaria es la presencia de infecciones asintomáticas y submicroscópicas. Con la microscopía, se subestima la prevalencia de *Plasmodium* spp. en el 51 %, aproximadamente, en comparación con el diagnóstico molecular. En Colombia, la región amazónica es endémica para malaria. Sin embargo, son pocos los estudios que abordan la problemática de las infecciones asintomáticas y submicroscópicas en esta zona del país.

Métodos. Para determinar las infecciones asintomáticas y submicroscópicas, se llevó a cabo un estudio descriptivo y transversal durante 2017. Se hizo un muestreo por conveniencia, en el que se evaluaron 267 habitantes de la Amazonia colombiana en 20 localidades de la frontera colombo-peruana. A cada sujeto se le hizo una encuesta, en la que se consignaron datos personales, sociodemográficos y antecedentes de malaria; además se midió la temperatura axilar y se interrogó sobre la presencia de síntomas. Finalmente, se tomó una muestra de sangre capilar para el diagnóstico parasitológico por microscopía y PCR en tiempo real (qPCR).

Resultados. La frecuencia de la infección por *Plasmodium* spp. fue del 15,7 % (42/267), de los cuáles el 97,6 % (41/42) presentó infecciones asintomáticas; asimismo, el 92,6 % (38/41) de las infecciones asintomáticas fueron submicroscópicas. La especie más frecuente entre las infecciones asintomáticas fue *P. vivax* con 31,7 % (13/41), seguida de *P. falciparum* con 12,2 % (5/41); además, se

identificaron 0,02 % (1/41) de coinfecciones de *P. vivax*, y 0,07 % (3/41) de *P. malariae* y *P. falciparum* más *P. malariae*. La amplificación mediante qPCR fue positiva en el 39 % (16/41) de las infecciones asintomáticas para el género mas no para la especie.

Conclusiones. Con este estudio, fue posible determinar una gran frecuencia de infecciones asintomáticas y submicroscópicas que difícilmente pueden ser identificadas mediante el método diagnóstico de rutina. Estos datos permiten analizar el problema de las infecciones asintomáticas y submicroscópicas, y darán pautas a las autoridades de salud en la toma de decisiones para abordar este problema.

..... ✕

E6 - Infección natural de *Didelphis marsupialis* (Mammalia: Marsupialia) con *Leishmania* spp. en el foco urbano de leishmaniasis del municipio de Ovejas, Colombia

Jorge Rodríguez-Jiménez^{1,2}, Matilde Rivero¹, Samanta das Chagas-Xavier³, Omar Cantillo⁴, Ana Jansen³, Alveiro Pérez-Doria¹, Eduar E. Bejarano¹

¹ Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

² Programa de Maestría en Biología, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

³ Laboratorio de Biología de Tripanosomatídeos, Instituto Oswaldo Cruz, FIOCRUZ, Rio de Janeiro, Brasil

⁴ Grupo de Biología y Control de Enfermedades Infecciosas, SIU, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. Los casos urbanos de leishmaniasis visceral y cutánea en Ovejas, Sucre, demuestran la urbanización de la enfermedad. *Didelphis marsupialis* (zarigüeyas) tiene antecedentes como huésped de *Leishmania* spp. en focos urbanos de Suramérica, pero se desconoce qué papel desempeña en el foco del municipio de Ovejas. En este trabajo, se estimaron la seroprevalencia y la frecuencia de la infección natural con *Leishmania* spp. en zarigüeyas del área urbana de este municipio.

Materiales y métodos. Entre agosto y septiembre de 2015, se visitaron 17 barrios donde residían pacientes con diagnóstico de leishmaniasis en años anteriores. Con trampas Tomahawk™, operadas entre las 18:00 y las 06:00 horas, se capturaron individuos de *D. marsupialis*, los cuales fueron examinados en busca de signos clínicos de infección, y se obtuvo una muestra de sangre por punción cardiaca, que fue usada para ensayos serológicos de inmunofluorescencia indirecta y reacción en cadena de la polimerasa (PCR) del minicírculo (ADNk). Además, se midieron algunas estructuras anatómicas, y se determinaron el sexo y la edad de cada animal, después de lo cual fueron marcados y liberados.

Resultados. Se capturaron 26 zarigüeyas en el peridomicilio de 20 de 71 viviendas visitadas. De estas, 61,5 % fueron adultos, 27,0 %, subadultos y, 11,5 %, juveniles. Se obtuvo una prevalencia de 23 % de anticuerpos IgG anti-*Leishmania* e igual frecuencia de infección mediante PCR-ADNk. No hubo asociación del sexo y la edad de las zarigüeyas con la infección ($p>0,05$), no obstante, todos los animales positivos fueron adultos. Tampoco se observaron signos clínicos en los animales positivos.

Conclusiones. Los hallazgos de seroprevalencia e infección natural con *Leishmania* spp. demuestran que *D. marsupialis* está expuesto a la transmisión de estos parásitos en el foco urbano de leishmaniasis de Ovejas, Sucre. Además, la ausencia de signos clínicos asociados a la enfermedad, podría indicar que estos individuos sufren una infección subclínica.

..... ✕

E7 - Detección de puntos calientes para la transmisión de la malaria en el sur de Córdoba, 2015-2017

María Camila Velasco-Pareja, María Fernanda Yasnot, Misael Pastrana, Gustavo Quintero
Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

Introducción. La malaria posee una distribución espacial heterogénea. Se observan áreas donde la incidencia excede a la de la zona geográfica circundante, denominadas 'puntos calientes', que sostienen la transmisión y se acentúan con la disminución de casos. Su identificación es fundamental para dirigir las estrategias de intervención, lo cual contribuye a una reducción sostenible de la carga de la malaria, y a un mejor entendimiento de la epidemiología y la dinámica de la transmisión.

Metodología. Es un estudio realizado a partir de la base de datos del reporte obligatorio de casos de malaria entre 2015-2017 en Córdoba, que hace parte de uno de los macrofocos de la malaria en Colombia –Urabá, bajo Cauca y alto Sinú–. La construcción y edición de mapas se hizo con el software QGIS (versión 2.18.10 Grass 7.2.1) y, el análisis espacio-temporal para detectar los puntos calientes, con el modelo de permutación espacio-temporal (software SatScan™, versión 9.6), mediante la ubicación espacial en forma de coordenadas de ocurrencia del caso (veredas de Tierralta, Puerto Libertador, Montelíbano, Valencia y San José de Uré) y fecha. Las coordenadas se obtuvieron del Departamento Administrativo Nacional de Estadística (DANE); se consideró significativo un valor de $p<0,05$.

Resultados. Se incluyeron 3.891 reportes de casos, de los cuales 1.011 correspondieron al 2015, 1.354, al 2016, y 1.529, al 2017. La detección de los puntos calientes por el número de casos fue de seis *clusters* (Montelíbano, 1; Puerto Libertador, 2; Tierralta, 3). Un análisis fraccionado

por especies permitió identificar siete *clusters* para *P. vivax* y dos para *P. falciparum*, los cuales se superponen y se ubican en Tierralta.

Conclusiones. Se establecieron puntos calientes de la malaria en el sur del departamento de Córdoba, que requieren intervenciones de control y prevención adaptadas a sus características, y que mejoraría la relación costo-beneficio.

..... ✕

E8 - Detección de *Toxoplasma gondii* en agua de consumo humano proveniente de jagüeyes del área rural de Sincelejo

Diana Marcela Campo-Portacio, Luisa Fernanda Guerrero-Velásquez, Angie Patricia Castillo-García, Pedro José Blanco-Tuirán

Antecedentes. La toxoplasmosis es una de las principales zoonosis que afecta la población mundial. Se transmite a los humanos por vía oral, al consumir alimentos contaminados con cualquier forma infectiva de *Toxoplasma gondii*. La transmisión por agua contaminada ha sido documentada en países como Panamá, Canadá, Brasil e India. La población rural de Sincelejo, al no contar con sistema de abastecimiento de agua potable, está expuesta al riesgo de contraer toxoplasmosis por esta vía.

Metodología. En este estudio se evaluó, mediante la prueba Fisher, la relación entre la contaminación por *T. gondii* en agua de jagüeyes de Sincelejo, y diferentes factores determinantes sociales de la salud. Se incluyeron 48 fincas ubicadas en ocho corregimientos. En cada una, se recolectaron dos muestras: una muestra de agua cruda de jagüey y una muestra destinada para consumo directo ($n=96$), que fueron analizadas por PCR anidada para amplificar un fragmento del gen *B1*, de *T. gondii*. En estas fincas, se hizo una encuesta que buscó información sobre: características físicas de la vivienda, presencia de gatos, y disponibilidad y usos del agua.

Resultados. De las 96 muestras analizadas, 13 resultaron positivas (13,5 %) para la contaminación con *T. gondii*. Nueve correspondieron a agua superficial cruda y cuatro, a muestras destinadas para consumo directo. No se encontró una asociación estadística entre las muestras positivas y los factores determinantes sociales de la salud evaluados en la zona de estudio ($p>0,05$).

Conclusiones. El significativo porcentaje encontrado de muestras de agua contaminadas con *T. gondii*, demuestra el riesgo de contraer toxoplasmosis al que está sometido la población rural de Sincelejo. La falta de asociación con los factores determinantes sociales estudiados, permite inferir que, en la zona de estudio, pudieran estar influenciando otros determinantes no estudiados.



E9 - Caracterización clínica del accidente ofídico en un centro de referencia del nororiente colombiano

Pedro Fabián López-Aldana¹, Jorge Andrés Rueda-Gutiérrez¹, Vladimir Alberto Jaimes-García¹, Mónica Alexandra Ramírez-Blanco^{1,2}

¹ Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

² Universitätsklinikum Düsseldorf, Düsseldorf, Germany

Introducción. El accidente ofídico es una intoxicación producida por la inoculación de veneno mediante la mordedura de serpiente, que genera alteraciones locales y sistémicas que, de no ser tratadas oportunamente, pueden tener resultados fatales. Colombia es un país tropical con una gran incidencia de estos casos. Se caracterizó el comportamiento del accidente ofídico en un hospital de tercer nivel, centro de referencia del nororiente colombiano.

Metodología. Se llevó a cabo un estudio retrospectivo y descriptivo de corte transversal. Se revisaron las historias clínicas de pacientes que ingresaron al Hospital Universitario de Santander entre 2012 y 2018 por accidente ofídico, se recolectaron las variables clínicas y sociodemográficas en un formato diseñado por los autores y, posteriormente, se hizo un análisis estadístico multivariado con el programa Epi-Info, versión 7.2.

Resultados. Se obtuvieron 176 casos, el 73,3 % ocurrió en hombres, el 88,1 % ocurrió en zona rural, y el 82,3 % correspondieron a mordedura por serpientes del género *Bothrops*. Las complicaciones presentadas fueron: celulitis (12,5 %), necrosis (9,7 %), daño renal agudo (8,0 %) y síndrome compartimental (6,25 %). El 11,4 % requirió manejo quirúrgico. El 34 % de los pacientes presentó envenenamiento serio, el 29 %, moderado, el 30,7 %, leve, y el 5,6 %, no presentó envenenamiento. Las principales alteraciones paraclínicas fueron: leucocitosis (67 %), tiempo de protrombina prolongado (51,7 %) y fibrinógeno disminuido (30,1 %).

Conclusiones. En este estudio, se evidenció que los accidentes ofídicos presentan mayor incidencia en hombres de la zona rural, siendo el género *Bothrops* el principal causante. Se encontraron más complicaciones clínicas y quirúrgicas que las reportadas en la literatura científica. Las principales alteraciones paraclínicas correspondieron a trastornos hematológicos y elevación de reactantes de fase aguda. Colombia posee un ecosistema tropical con una gran población rural con difícil acceso a servicios de salud, lo cual se convierte en un problema de salud pública que explica las altas tasas de morbilidad encontradas.



E10 - Detección de huevos de helmintos en aguas empleadas para riego de la sabana occidental de Cundinamarca, Colombia

L. E. Chandillo¹, G. Sánchez¹, D. F. Guevara¹, C. Ortiz², C. Sánchez³, A. Oviedo⁴, M. C. Bustos⁵, M. C. Echeverry², M. C. López²

¹ Programa de Bacteriología y Laboratorio Clínico, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá, D.C., Colombia

² Laboratorio de Parasitología, Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

³ Maestría en Ingeniería Ambiental, Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Maestría en Ciencias - Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

⁵ Departamento de Ingeniería Civil y Agrícola, Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. El uso de aguas residuales crudas o parcialmente tratadas para el riego de cultivos, es una práctica común en varias regiones del mundo, que proporciona grandes beneficios al suelo y a la productividad agrícola. Sin embargo, la irrigación de cultivos con estas aguas representa un riesgo para la salud pública, tanto humana como animal, por la contaminación con microorganismos.

Metodología. Se recolectaron 42 muestras de aguas de riego en seis puntos del Distrito de Riego La Ramada, de junio a agosto de 2019. La determinación y la cuantificación de huevos de helmintos se hizo por el método modificado de Bailenger (1996).

Resultados. Se evidenció la presencia de huevos de *Ascaris* spp. en 11/42 (26,19 %) y *Ancilostomideos* en 13/42 (30,9 %), con un promedio de 1,12 y 0,68 huevos por litro (h/L), respectivamente. Le siguieron: *Hymenolepis nana* 3/42 (7,14 %) con un promedio de 0,24 h/L, *Trichuris* spp. 1/42 (2,38 %) con un promedio de 0,23 h/L, y *Capillaria* spp. 1/42 (2,38 %) con un promedio de 0,79 h/L. Se observaron larvas en 16/42 (38,09 %) de las muestras, con un promedio de 3,46 larvas por litro.

Conclusiones. La presencia de huevos de helmintos en las muestras de agua evaluadas, representa un riesgo para la salud pública por el contacto directo o indirecto con estas fuentes. Los valores superiores a un huevo de helminto por litro en algunas muestras, alertan sobre la posible presencia de estos parásitos en los alimentos que han sido regados con estas aguas. Esta situación sugiere la urgente intervención de los entes reguladores para ejercer seguimiento y control al vertimiento de aguas residuales domésticas a los canales de riego y a las aguas utilizadas para riego de cultivos.

Agradecimientos. Estos resultados se encuentran dentro del proyecto CT 822-2018, financiado mediante la convocatoria 807 de 2018 de Colciencias.

..... ✕

E11 - Aislamiento de amebas de vida libre en fuentes de agua natural de Turbaco, Bolívar, Colombia

Marina Morales-Aleans, Mauricio Orozco-Ugarriza, Luisa Carbal, Linda Foen
Universidad de San Buenaventura, Cartagena, Colombia

Antecedentes. Las amebas de vida libre se han aislado de hábitats incluyendo agua, suelo y vegetación. Los cambios ecológicos y la incursión de estos hábitats, han hecho que puedan invadir un huésped y vivir como parásitos dentro de él. Por esto, las especies de los géneros *Acanthamoeba* y *Naegleria* se han asociado con infecciones oportunistas. El objetivo de este trabajo es determinar la presencia de las amebas de vida libre en fuentes de agua natural en el bosque húmedo tropical de Turbaco, Bolívar.

Metodología. Se llevó a cabo un estudio descriptivo y transversal con 54 muestras de agua de las cuencas de los arroyos Matute, Mameyal y Cucumán del municipio de Turbaco, Bolívar. La identificación se hizo mediante el estudio de los frescos de las fuentes de agua, observando características morfológicas de las amebas, mediante concentración por centrifugación de las muestras por duplicado y obteniendo el sedimento para su lectura microscópica.

Resultados. Se evaluaron 54 muestras, de las cuales el 55 % fue para una o más especies de amebas de vida libre; *Naegleria* sp. fue la más frecuente, con 44,4 %, y *Acanthamoeba* sp. Correspondió al 7,4 %. Además, se identificaron otros microorganismos responsables de parasitosis intestinales como *Giardia intestinalis*, *Blastocystis hominis* y *Retortomonas intestinalis*.

Conclusión. Los arroyos estudiados son hábitat de las amebas de vida libre; se demostró que están presentes en el ambiente y que son frecuentes en zonas donde el ser humano suele practicar ciertas actividades. Sin embargo, la proporción de *Naegleria* sp. permite alertar aún más a la población, puesto que esta ameba puede afectar a todo tipo de individuo, independientemente de su estado inmunológico.

..... ✕

E12 - Carga económica de la enfermedad de Chagas en Colombia, 2017

Mario J. Olivera¹, Giancarlo Buitrago^{2,3}

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

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

³ Hospital Universitario Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Aunque es bien sabido que la enfermedad de Chagas impone una gran carga social, hay pocos datos que confirmen esto para Colombia. Medir la carga

de enfermedades es esencial para apoyar los procesos de toma de decisiones que guían la planificación de políticas en salud. Este estudio tuvo como objetivo cuantificar los costos de la enfermedad de Chagas en Colombia, en 2017.

Materiales y métodos. Se adelantó un estudio de costo de la enfermedad, utilizando un enfoque basado en la prevalencia, para el año 2017 y desde la perspectiva de la sociedad. Los costos atribuibles a la enfermedad de Chagas se calcularon a partir de una estrategia *bottom-up*, utilizando fracciones atribuibles poblacionales. Los costos indirectos se calcularon utilizando el enfoque de capital humano.

Resultados. El costo total estimado de la enfermedad de Chagas diagnosticada en 2017 fue de USD\$ 18,9 millones, e incluyó USD\$ 5,7 millones en costos médicos directos, USD\$ 1,4 millones en costos no médicos directos y USD\$ 11,7 millones en costos indirectos: ausentismo (USD\$ 4,9 millones), presencia (USD\$ 6,2 millones) y muertes prematuras (USD\$ 521.000). En promedio, las personas diagnosticadas con la enfermedad de Chagas incurrieron en gastos médicos por USD\$ 594, y más de la mitad de ese gasto fue directamente atribuible a la enfermedad de Chagas. El costo anual para la sociedad de una persona con enfermedad de Chagas crónica fue de USD\$ 4.863.

Conclusiones. La enfermedad de Chagas impone una carga financiera sustancial a la sociedad. El impacto económico se extiende más allá de las finanzas del individuo y la familia, a las sociedades en su conjunto. Por lo tanto, reducir esta carga no es solo responsabilidad del sistema de salud.

..... ✕

E13 - Seroprevalence of *Neospora caninum* infection in cattle from Pereira, Colombia

Samuel E. Idarraga-Bedoya¹, Jaime Álvarez-Chica², D. Katterine Bonilla-Aldana^{3,4}, Alfonso J. Rodríguez-Morales^{4*}

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Agropecuarias, Fundación Universitaria de las Américas, Pereira, Colombia

² Universidad Libre, Pereira, Colombia

³ Semillero de Zoonosis, Grupo de Investigación en Biodiversidad y Conservación del Ecosistema, Fundación Universitaria de las Américas, Pereira, Colombia

⁴ Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

* arodriguez@utp.edu.co

Introduction: In this study, we assessed the seroprevalence of neosporiasis in 18 rural *veredas* of the municipality of Pereira, department of Risaralda, Coffee-Triangle Region of Colombia, a region with no previous reported studies about neosporosis.

Methods: This was a cross-sectional observational study. During 2017-2018 in the municipality of Pereira,

participating dairy and beef herds were randomly selected from all herds in the area. The test used for *N. caninum* antibodies was a cELISA kit.

Results: From the total number of animals (n=325), 67 (20.62%) were positive for *Neospora caninum*-specific IgG antibodies. Using a binary random-effects model, the estimate of seropositivity yield 17.0% (95%CI 12.3%-21.6%) From those seropositive animals, 61.19% had abortions (69.8% among seronegative). Among those in which the number of deliveries were known, the median number was 2 (IQR 0-4). According the reproductive management, there was a significantly higher seropositivity of those animals managed by natural breeding o biotechnological one (24.04%), compared to those by mixed techniques (14.53%) (OR=1.861; 95%CI 1.017-3.407). Seroprevalence by herds (n=25) was 92.00%, ranging from 0.0% to 46.15%. The median seropositivity rate was 15.38% (IQR 15.38-30.77%) (binary random-effects model estimates of 17.0%). Leaving one-by-one the herds out, the impact on the variation of the global result, is low, ranging from 15.6% (95%CI 11.3-20.0%) to 17.8% (95%CI 13.2%-22.4%). At herds, those for beef production had significantly higher seropositivity (50% of them above 35% of seropositivity) compared with those for milk purposes (4.8%) (OR=20.000; 95%CI 1.209-330.952).

Conclusions: Although, economically important, bovine neosporosis has been neglected in PubMed-indexed journals, from epidemiological studies in Colombia. In this study a similar prevalence, compared to other recently published in a systematic review (SRL), was yield. The pooled prevalence of *N. caninum* in cattle in that SRL was 18% (95% CI, 14-21) in South America.

..... X

E14 - Efecto de la infección por *Plasmodium* spp. en la reacción inflamatoria y angiogénica en mujeres gestantes de zonas endémicas para malaria en Colombia

Maritza Posada Vélez, Ana María Vásquez
Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La malaria en el embarazo se asocia con resultados adversos materno-neonatales. En *Plasmodium falciparum*, las complicaciones se atribuyen al secuestro y a la inflamación en la placenta, mientras que la patogénesis en *Plasmodium vivax* es menos conocida. Estudios en zonas de alta endemia sugieren que el desequilibrio de las citocinas inflamatorias y factores angiogénicos, se asocian con los resultados adversos, mientras que, en zonas de baja endemia, los mecanismos poco se conocen y han sido menos estudiados.

Objetivo. Evaluar los niveles plasmáticos de citocinas y factores angiogénicos en mujeres gestantes expuestas a

Plasmodium en cuatro zonas endémicas para malaria en Colombia y su asociación con características de la infección.

Metodología. Estudio de corte transversal, se incluyeron 90 mujeres gestantes (45 infectadas y 45 controles). A cada mujer gestante se le tomó una muestra de sangre para el diagnóstico microscópico y por PCR de *Plasmodium*, medición de la hemoglobina y cuantificación de factores angiogénicos por ELISA, y citocinas por citometría de flujo en plasma.

Resultados. Las mujeres gestantes infectadas tuvieron mayores niveles de IL-6 e IL-10 y menores niveles de IL-2 e IL-17 en comparación con las mujeres gestantes no infectadas. Se observó una disminución significativa de la Ang-1 y un aumento en la concentración de sFlt-1 y la sEng en las mujeres gestantes infectadas. Se encontró una correlación entre los niveles de la Ang-1 y la hemoglobina en las mujeres gestantes infectadas. Los niveles de IL-6, IFN e IL-10 se asociaron con la temperatura corporal. La concentración del TNF fue mayor en la infección por *P. vivax*, en comparación con la infección por *P. falciparum*.

Conclusión. La malaria en el embarazo induce una reacción inflamatoria y desregulación de la angiogénesis, y posiblemente, lleve a una disfunción endotelial y placentaria si no es controlada. La IL-17, sFlt-1 y sEng se han asociado con otras enfermedades.; se sugiere su posible participación en la patogénesis de la malaria durante el embarazo.

..... X

E15 - *Leishmania* en las Américas: desarrollo de una base de datos y mapas interactivos de la distribución de las especies de *Leishmania* circulantes en América

Giovanny Herrera¹, Marius Jean Bottin², Natalia Barragán¹, Nicolás Luna¹, David Martínez¹, Frasella De Martino¹, Julián Medina¹, Sergio Niño¹, Luisa Páez¹, Angie Ramírez¹, Laura Vega¹, Valeria Velandia¹, Michelle Vera¹, María Fernanda Zúñiga¹, Juan David Ramírez¹

¹ Grupo de Investigaciones Microbiológicas, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de Ecología Funcional y Ecosistémica, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

* juand.ramirez@urosario.edu.co

Introducción. El continente americano representa un escenario especial para la leishmaniasis, debido a que concentra dos terceras partes de los casos a nivel mundial, y allí se ubican los países con mayor número de especies circulantes del parásito. Hasta el momento, no existe una información centralizada sobre las especies circulantes en cada país, ni sobre su ubicación microgeográfica.

El objetivo de este trabajo fue desarrollar una base de datos y mapas interactivos de la distribución de las especies de *Leishmania* reportadas en América, así como

de las muestras empleadas, especies involucradas y técnicas usadas para su identificación.

Materiales y métodos. Se hizo una revisión bibliográfica sistemática en tres bases de datos sobre los reportes de especies de *Leishmania* en América. Se extrajo información sobre el tipo y la ubicación de la muestra, el huésped, la técnica de identificación y la especie infectiva. Se realizaron mapas interactivos empleando el paquete Shiny de RStudio.

Resultados. Se obtuvieron 487 artículos en los que identificaron especies de *Leishmania*, con 1.527 puntos georreferenciados en 16 países del continente. Brasil es el país de América que presentó mayor número de especies circulantes (16 en total), seguido de Colombia y Ecuador. La biopsia de piel fue la muestra más empleada en las investigaciones (51 %). Los mapas permiten la visualización de los resultados de una manera dinámica y, también, cruzar variables con el fin de determinar territorios en riesgo, así como los sitios que requieren fortalecimiento de la vigilancia epidemiológica.

Conclusión. La distribución de las especies de *Leishmania* en América requiere constante actualización, debido al impacto de la enfermedad en el continente. Se deben fortalecer los sistemas de vigilancia epidemiológica, ofreciendo herramientas que permitan la visualización dinámica de dicha distribución, con el fin de estratificar el riesgo y mejorar las políticas de prevención y control de los territorios.

..... ✕

E16 - Mapping the temporo-spatial trends of snakebites in the Colombian Amazonic gate department, Caquetá, 2007-2017

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Sandra Milena Londoño-Páez³, Jorge Luis Bonilla-Aldana³, Yury Katherine Mateus³, Ignacio Antonio Vásquez-Hoyos³, Cristian Armando Carvajal-Murcia³, Daniela Juliana Toro-Gómez³, Juan J. García-Bustos^{3,4}, José Antonio Suárez⁵, Alfonso J. Rodríguez-Morales²

¹ Semillero de Zoonosis, Grupo de Investigación BIOECOS, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Grupo de Investigación en Ciencias Animales Macagual, Universidad de la Amazonia, Florencia, Colombia

⁴ Grupo de Investigación en Patología e Inmunología, Doctorado en Medicina Tropical, Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

⁵ Departamento de Investigación Clínica, Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud, Panamá, Panamá

Introduction: Snakebite envenoming is a neglected tropical disease that kills >100,000 people and maims >400,000 people every year. Although that, certain areas

lack of studies, as is the case of Caquetá, the Amazonic gate of Colombia.

Objective: To assess the incidence of snakebites in Caquetá, Colombia, 2007-2017 and develop geographical information systems (GIS)-based municipal maps.

Methods: Using surveillance data of snakebites in Caquetá, Colombia, incidence rates were estimated (cases/100,000 population). Twelve GIS-based municipal maps were developed. GIS software used was Kosmo 3.0™.

Results: During the study period, 1,416 cases of snakebites were reported, for cumulated incidence rates of 307.9 cases/100,000 pop. Highest rates were at Albania, 654.0, Cartagena del Chairá, 613.5 and San Vicente del Caguán, 606.3. Rates per year ranged at department, from 11.2 in 2008 to 41.7 in 2016. In 2009, at Albania rates reached 109.3. San Vicente del Caguán concentrated 27.6% of the cases of the department, followed by Cartagena del Chairá, 13.3% and Albania, 8.5%.

From the total, 78.2% from the total cases occurred in the disperse rural area; 2.4% were Amerindians; 67.3% were male; 16.2% were <20 y-old, 35.9% 20-39 y-old; 53% were people affiliated to social support system (SISBEN), 7.8% internally displaced population, 69.5% were hospitalized. During the study period 5 deaths due to snakebites occurred, 0.3531% (CFR%),

Discussion: Confronting snakebite envenoming at a global level demands the implementation of an integrated intervention strategy involving the WHO, the research community, antivenom manufacturers, regulatory agencies, national and regional health authorities, professional health organizations, international funding agencies, advocacy groups and civil society institutions. In Caquetá, there is a significant diversity of relevant snakes, such as *Micrurus filiformis*, *M. hemiorichii*, *M. langsdorffi*, *M. spixii*, *Bothriopsis bilineata*, *Bothrops atrox*, and *B. brazili*, among others. Epidemiological analyses, including GIS-based maps are relevant in understanding the trends of snakebites.

..... ✕

E17 - Factores de riesgo asociados a muerte específica por tuberculosis en Colombia

Soraya Salas-Romero¹, Jaime Lorduy-Gómez²

¹ Programa de Medicina, Facultad de Ciencias de la Salud, Corporación Universitaria Rafael Núñez, Cartagena, Colombia

² Programa de Instrumentación Quirúrgica, Facultad de Ciencias de la Salud, Corporación Universitaria Rafael Núñez, Cartagena, Colombia

Introducción. La tuberculosis continúa siendo una de las diez principales causas de muerte a nivel mundial. En los estudios, se han relacionado diferentes factores sociodemográficos, características clínicas de la enfermedad,

estatus inmunológico y condiciones comórbidas, con un mayor riesgo de muerte a causa de la tuberculosis.

Objetivo. Identificar los factores de riesgo asociados con la muerte específica por tuberculosis en adultos, de los casos notificados al sistema de vigilancia epidemiológica nacional.

Materiales y métodos. Se llevó a cabo un estudio descriptivo y de corte transversal a partir de la información notificada al Sivigila. La muestra estuvo integrada por 12.778 casos que cumplieron simultáneamente los criterios de inclusión y exclusión. Se hizo un análisis bivariado y se construyó un modelo multivariado de regresión logística.

Resultados. Las muertes específicas por tuberculosis se asociaron con: sexo masculino (AOR=1,49; IC_{95%} 1,14-1,95); **índice de masa corporal** menor de 18,5 kg/m² (AOR=1,32; IC_{95%} 1,04-1,68); coinfección por el HIV (AOR=1,46; IC_{95%} 1,06-2,00), y pertenencia a la población indígena (AOR=1,76; IC_{95%} 1,09-2,85). Las formas extrapulmonares, excluyendo las formas meníngeas, se asociaron con un menor riesgo de muerte por tuberculosis (AOR=0,44; IC_{95%} 0,29-0,67).

Conclusión. Los anteriores resultados demuestran que la población indígena, el bajo peso y la coinfección con HIV, se asocian con alto riesgo de muerte, por lo que se hace necesario fortalecer las estrategias de abordaje integral del paciente con tuberculosis.

..... ✕

E18 - Perfil de las enfermedades infecciosas y parasitarias en bovinos de los municipios de Patía y Mercaderes, Cauca

Julio César Tobón¹, Diego Ortiz-Ortega², Lina María Muñoz³, Diego Vergara⁴, Mercedes Adriana Tutalchá⁵, Santiago Cruz⁵, Ana Emilce Hurtado⁵, Milton Ramiro Imbachi⁵, Luis Reinel Vásquez^{4*}

¹ Empresa Colombiana de Productos Veterinarios, VECOL, Bogotá, D.C., Colombia

² Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – Agrosavia, Bogotá, D.C., Colombia

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

⁴ Grupo de Investigación SISIMPRO, Departamento de Ciencias Agropecuarias, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

⁵ Ingeniería Agropecuaria, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

* Ireinel@unicauca.edu.co

Introducción. El sector ganadero pierde alrededor de COP\$ 500.000 millones por concepto de mortalidad por diferentes causas. En esta cifra, no están incluidas las pérdidas por mermas en la producción, animales enfermos, abortos o tasas bajas de natalidad. El desconocer la epidemiología de las regiones no ha permitido avanzar en los planes de prevención.

Objetivo. El objetivo fue determinar el perfil de las enfermedades infecciosas y parasitarias en bovinos de los municipios de Patía y Mercaderes, Cauca.

Métodos. Se hizo un estudio transversal, descriptivo y observacional en dos municipios del Cauca, Mercaderes y Patía, mediante la recolección de muestras de sangre para la técnica ELISA y de heces de 1.058 bovinos, en 2018, para determinar: leucosis viral bovina, diarrea viral bovina, rinotraqueítis infecciosa bovina, virus sincitial respiratorio, leptospirosis, babesiosis y anaplasmosis, paratuberculosis, parainfluenza, brucelosis y parásitos. La información de las variables se recolectó mediante una encuesta semiestructurada después del consentimiento informado. El análisis estadístico se hizo con el programa Epi-Info 7.

Resultados. Se evaluaron 1.058 animales de 65 predios distribuidos en los dos municipios. La prevalencia general de leucosis viral bovina fue de 16,1 %, la de diarrea viral bovina, de 42,8 %, la de rinotraqueítis infecciosa bovina, de 61,5 %, la de paratuberculosis, de 28,26 %, la de parainfluenza, de 74,6 %, la de leptospirosis, de 16,1 %, la de babesiosis, de 7,8 %, la de anaplasmosis, de 0,1%, la de neosporosis, de 3,1 %, la de distomatosis hepática, de 6,7 %, la de parásitos gastrointestinales, de 5,4 %, y la de coccidiosis, de 1,6 %.

Los factores de riesgo asociados fueron la reutilización de agujas y mangas desechables, la movilización de animales sin área de cuarentena, el confinamiento de animales sanos y enfermos, el manejo inadecuado de excretas, el manejo inadecuado de corrales, los terrenos inundados o de baja filtración y la presencia de terneros.

Conclusiones. Este es el primer estudio epidemiológico realizado en Mercaderes y Patía sobre la epidemiología de las infecciones en el ganado bovino. Se requiere la implementación y el mantenimiento, de las prácticas de prevención y control en la región.

..... ✕

E19 - Bovine brucellosis in Latin America: A systematic review and meta-analysis

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Adrián Esteban Trejos-Mendoza³, Soffia Pérez-Vargas³, Estefany Rivera-Casas³, Alfonso J. Rodríguez-Morales²

¹ Semillero de Zoonosis, Grupo de Investigación en Ciencias Agropecuarias, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Programa de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

Introduction: Bovine brucellosis is still a significant public health problem in different countries with economical

and zoonotic implications. Although relevant, there are no previous systematic reviews and meta-analysis about bovine brucellosis in Latin America.

Methods: We performed a literature systematic review in six databases (Web of Sciences, Scopus, PubMed, SciELO, Lilacs, and Google Scholar) to assess the seroprevalence of cattle to *Brucella*. A meta-analysis with a random-effects model was performed to calculate the pooled prevalence, and 95% confidence intervals (95%CI). Measures of heterogeneity (Cochran's Q-statistic, I^2 index, and τ^2 test), were reported. Subgroup analyses were conducted by countries, subregions and years.

Results: Till August 1st, 2019, the literature search yielded 3,403 articles, of which 87 studies were fully valid for analysis. The pooled seroprevalence for *Brucella* at individual level (N=47,395,535) was 5.1% [95%CI (4.6%-5.7%); $\tau^2=0.001$; $I^2=99.989$; $Q=778210.586$; $p<0.001$], highest value, 72.8% (México, 2010). Studies from México (n=1191) yield a seroprevalence of 56.3% [95%CI (23.5%-89.0%); $I^2=98.74$; $Q=79.464$; $p<0.001$]. In Costa Rica (n=547,863) yield 1.5% [95%CI (0.8%-2.2%); $I^2=98.74$; $Q=158.329$; $p<0.001$]. By subregions, the highest seroprevalence is in México, Central America and the Caribbean islands, 13.0% [95%CI (11.0%-15.0%); $I^2=99.84$; $Q=6061.863$; $p<0.001$]. The lowest is in the Andean subregion, 4.4% [95%CI (3.6%-5.2%); $I^2=99.99$; $Q=324353.800$; $p<0.001$]. The evolution by years was from 0.6% in 2004 reaching 40.2% in 2010 and ending in 2019 with 12.2%. Seroprevalence was associated with climate conditions in the region, associated with ONI ($r^2=0.8862$; $p=0.0002$).

Conclusions: The persistent high seroprevalence of bovine brucellosis would be related to social, natural and raising conditions, such as: climate conditions favoring the survival and spread of pathogens in the environment; farms located in regions bordering forest areas, in areas of difficult access to the veterinary service; extensive beef herds raised at pastures with different age and productive groups inter-mingled; and minimal concerns regarding hygiene practices and disease prevention measures. Bovine brucellosis has not been eliminated and needs to be considered with new tools for prevention and control, specially being a zoonosis.

..... ✕

E20 - Red de parasitismo intestinal: experiencia y resultados del Distrito Capital

Marisol García-Villamarín, Zuly Arévalo-Gálvez
Laboratorio de Salud Pública, Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes. El análisis parasitológico de materia fecal no contaba con seguimiento ni control que verificaran la calidad

de los diagnósticos hechos por los laboratorios clínicos del Distrito. Tras la conformación de la Red de Laboratorios de Parasitismo Intestinal del Distrito Capital, se pretende dar a conocer la experiencia y los resultados obtenidos después de doce años de su puesta en funcionamiento.

Métodos. El Laboratorio de Salud Pública de Bogotá realizó, en el 2006, un ensayo piloto con 22 laboratorios clínicos, y obtuvo las herramientas necesarias para conformar la red de laboratorios de este evento e implementar las respectivas actividades. Dicha red se inició en el 2007 con la actividad de capacitación. Se implementaron las actividades de confirmación diagnóstica, de evaluación externa del desempeño, de estadística anual de parásitos, y de asesoría y asistencia técnica.

Resultados. En 2007, se inició con la capacitación teórico-práctica de 53 profesionales, logrando la estandarización de procesos, el establecimiento de claves morfológicas, el uso del micrómetro ocular y la normalización del informe de resultados. Se implementaron las actividades propias de la red de laboratorios con la participación de 28 laboratorios y 334 muestras evaluadas. En 2018, ya se cuenta con alrededor de 2.500 profesionales capacitados o reentrenados, 215 laboratorios en promedio que participan activamente en las actividades de red y más de 27.239 muestras evaluadas.

Conclusiones. Con la conformación de la Red de Laboratorios de Parasitismo Intestinal y la puesta en marcha de sus actividades, se logró mejorar la calidad del diagnóstico y, a su vez, se identificaron los parásitos circulantes en la Capital. Bogotá ha sido el pionero en la implementación de las actividades de red en este evento en el país, manteniendo activo el control de calidad de su diagnóstico y ampliando año a año su cobertura, contribuyendo de esta forma a la vigilancia de la salud pública.

..... ✕

E21 - La carga de la microcefalia asociada con Zika en Colombia: estimación de los años perdidos ajustados por discapacidad en los años 2015 y 2016

A. Mora-Salamanca¹, A. Porras-Ramírez^{2,3,4}, F. P. De la Hoz-Restrepo²

¹ Grupo de Infecciones y Salud en el Trópico, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de Epidemiología y Evaluación en Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

³ Grupo de Medicina Comunitaria y Salud Colectiva, Facultad de Medicina, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Coordinación de Epidemiología, Los Cobos Medical Center, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. En el 2015, se introdujo en Colombia el virus del Zika. La emergencia de esta arbovirosis supone un desafío en salud pública para el país, dada la asociación

entre el virus y alteraciones congénitas como la microcefalia. Por estos motivos, se estimó la carga de enfermedad por microcefalia asociada con Zika en Colombia, y sus subdivisiones administrativas en los años 2015 y 2016.

Metodología. Se llevó a cabo un estudio ecológico de tipo exploratorio, utilizando como unidad de medida los años ajustados por discapacidad (AVAD). Se utilizaron las bases de datos nacionales y departamentales 2015-2016 sobre Zika del Sistema Nacional de Vigilancia en Salud Pública (Sivigila). Las muertes por microcefalia se estimaron a partir de estudios previos. Las muertes y los casos de microcefalia asociada con Zika se ajustaron para controlar sesgos. Posteriormente, se sometieron a un análisis de sensibilidad bajo tres escenarios (conservador, medio y extremo).

Resultados. En el periodo 2015-2016, se estimaron 10.609,4 AVAD por microcefalia asociada con Zika en Colombia. El 71 % de los AVAD correspondió a años perdidos por muerte prematura y, el 29 % restante, a años vividos con discapacidad. Los departamentos de Meta, Córdoba, Tolima, Valle del Cauca y Norte de Santander contribuyeron con el 71 % del total de AVAD.

Conclusiones. La carga de microcefalia asociada con el Zika superó la carga de otras alteraciones congénitas, como los defectos del tubo neural y el síndrome de Down, en los niños entre 0 y 4 años en Colombia. Se deben realizar esfuerzos en salud pública para la prevención y el seguimiento de estos casos.

Palabras clave: virus del Zika, microcefalia, carga global de la enfermedad, años de vida perdidos por discapacidad, Colombia.

..... ✕

E22 - Orthohantavirus pulmonary syndrome in Santa Cruz and Tarija, Bolivia, 2018

Roberto Torrez-Fernández¹, Dagner Montalván-Plata², Claudia Marcela Montenegro-Narváez^{3,4}, Jorge Luis Avilés-Sarmiento⁵, Juan Pablo Escalera-Antezana⁶, Lucía Elena Alvarado-Arnez⁶, D. Katterine Bonilla-Aldana^{7,8}, Alfonso J. Rodríguez-Morales^{6,7,*}

¹ Unidad de Epidemiología, Servicio Departamental de Salud (SEDES), Santa Cruz, Bolivia

² Programa de Control de Hantavirus y Leptospirosis, Servicio Departamental de Salud (SEDES), Santa Cruz, Bolivia

³ Enfermedades Infecciosas, Servicio Departamental de Salud (SEDES), Tarija, Bolivia

⁴ Sociedad Boliviana de Salud Pública, Tarija, Bolivia

⁵ Instituto de Investigaciones Biomédicas, Cochabamba, Bolivia

⁶ Universidad Franz Tamayo, Cochabamba, Bolivia

⁷ Semillero de Zoonosis, Grupo de Investigación en Biodiversidad y Conservación del Ecosistema, Fundación Universitaria de las Américas, Pereira, Colombia

⁸ Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

* arodriguez@utp.edu.co

Introduction: Orthohantaviruses still cause significant public health threats in endemic countries, with high case fatality rates (CFR%). In Bolivia, small outbreaks have been reported until 2012. Herein, we report the findings of 40 laboratory-confirmed cases diagnosed in two departments.

Methods: For this observational, retrospective and cross-sectional study, the data were collected from the hospitals and the *Servicio Departamental de Salud* (SEDES) of Santa Cruz and Tarija, obtaining the information of the cases that were laboratory-diagnosed them, during 2018. All samples were tested by ELISA for IgM antibody to hantavirus.

Results: A total of 40 cases were IgM+. The median age of patients was 24 y-old (IQR 19-41), 72.5% were male. All were hospitalized, 57.5% were admitted to the ICU and had cardiopulmonary compromise, with 83% of these, presenting ADRS, and of these, 89.5% required mechanical ventilation. Six patients died (CFR 15%). Patients <15 or >60 y-old were more prone to die, OR=10.33 (95%CI 1.411-75.694), as well as those with comorbidities, OR=16.5 (95%CI 1.207-225.540).

Conclusions: Orthohantaviruses led to a high CFR. These cases occurred in areas prone for ecoepidemiological conditions, including the rodent presence, for viral transmission and the risk of spillover to humans due to social, environmental and occupational factors.

..... ✕

E23 - Modelo de vigilancia comunitaria aplicado a la detección y el seguimiento de casos de leishmaniasis cutánea, un aporte desde la innovación social en salud

Martha Milena Bautista

Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

Antecedentes. Desde una perspectiva interdisciplinaria, en la que la investigación biomédica se articula con las ciencias sociales, mediante la innovación social en salud, en el marco del desarrollo del proyecto TMRC (estimación de la carga oculta de la leishmaniasis cutánea mediante el mapeo predictivo del riesgo y la cuantificación del subregistro y la efectividad del tratamiento estándar), este proyecto propone el diseño de un modelo de vigilancia comunitaria en el municipio de Pueblo Rico (Risaralda) como una estrategia para mejorar la detección y el seguimiento de casos de leishmaniasis cutánea, desde el enfoque de la participación comunitaria.

Metodología. Usando métodos cualitativos y siguiendo fundamentos de la investigación participativa basada en comunidad, la recolección de datos se inició con el trabajo de campo en abril de 2019. El corpus metodológico consta de 20 entrevistas a líderes comunitarios y trabajadores de

la salud, 20 guías de observación registradas en diarios de campo y un mapeo de instituciones en salud. La sistematización y análisis del contenido se están llevando a cabo mediante el Nvivo.

Resultados. Los hallazgos preliminares sugieren que el diseño del modelo piloto de vigilancia comunitaria para el manejo de la leishmaniasis, comprende dos procesos fundamentales: 1. El análisis de contexto: territorio, comunidad y salud. 2. Propuesta de intervención para la vigilancia comunitaria, basada en: a) transferencia del conocimiento, mediante el diseño de un programa pedagógico y, b) canales efectivos de notificación y comunicación de casos, mediante la conformación de un equipo de voluntarios en salud, y la articulación interinstitucional.

Conclusión. La construcción de este modelo piloto de vigilancia comunitaria evidencia que la participación comunitaria, el desarrollo de capacidad instalada en las comunidades y la apropiación social del conocimiento, son ejes fundamentales de la intervención en salud en comunidades.

..... ✕

E24 - Incidence of bites and injuries due to *Crocodylia* (Owen, 1842) in Colombia, 2009-2018

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Jaime A. Cardona-Ospina^{2,3}, Samuel E. Idarraga-Bedoya¹, Guillermo J. Lagos-Grisales², José Antonio Suárez⁴, Alfonso J. Rodríguez-Morales²

¹ Semillero de Investigación en Zoonosis (SIZOO), Grupo de Investigación BIOECOS, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Grupo de Investigación Biomedicina, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

⁴ Departamento de Investigación Clínica, Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud, Ciudad de Panamá, Panamá

Introduction: Animal bites represent a significant global health issue. In some countries they cause significant morbidity and even, mortality. Most of them, caused by dogs and cats; however also by wild animals, including members of the order *Crocodylia* (crocodilians). Studies estimating crocodilian bites and injuries lack in Latin America.

Methods: Observational study assessing the incidence of crocodilian bites (ICD-10 code W58), Colombia, 2009-2018, based on data extracted from the personal health records system (RIPS). Using population estimates, incidence rates were estimated (cases/1,000,000pop [cpmp]).

Results: 454 cases were reported (median 44/year), for cumulated national rate of 9.58 cpmp. Highest number was reported in 2009 and 2015 (90 and 67); 28/32 departments

plus Bogota-DC reported cases. Norte de Santander reported 73 cases (54.5 cpmp), Antioquia 34 (0.5 cpmp), Magdalena 32 (2.6 cpmp), Córdoba 28 (1.7 cpmp) and Atlántico 23 (1.0 cpmp). According age, 5.7% occurred among <10 y-old (3.03 cpmp) and 18.3% among those 10-19 y-old (9.55 cpmp); the highest incidence rate was among ≥80 y-old (16 cases, 24.19 cpmp); 61% occurred in males, 30.2% occurred at home, 13.7% farms and 12.3% streets and road. Only 93(20.5%) were hospitalized. No deaths reported.

Conclusions: There are six species of *Crocodylia* in Colombia, *Crocodylus acutus*, *C. intermedius*, *Caiman crocodilus*, *Melanosuchus niger*, *Paleosuchus palpebrosus* and *P. trigonatus*. Animal bites not related to rabies-risk are not under surveillance in Colombia. Despite the limitations of this study, this is the first attempt to provide estimates of national incidence in the country, with consistent findings regard affected age-groups and geographical distribution. More studies are expected and deserved.

..... ✕

E25 - Características clínicas y demográficas de los pacientes con diagnóstico de leptospirosis reportados al Laboratorio Departamental de Salud Pública del Valle del Cauca entre 2017 y 2018

Andrés Augusto González¹, Sebastián Baena¹, Durney Palomino², Beatriz E. Ferro^{1,3}, Robinson Pacheco^{1,3}

¹ Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Icesi, Cali, Colombia

² Laboratorio Departamental de Salud del Valle del Cauca, Cali, Colombia

³ Departamento de Salud Pública y Medicina Comunitaria, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Icesi, Cali, Colombia

Introducción. La leptospirosis se considera la principal zoonosis bacteriana, es más frecuente en climas tropicales y afecta principalmente a personas en contacto con animales. La mayoría de los casos cursa de manera benigna, lo cual conlleva subregistro. En Colombia, la prevalencia oscila entre el 6 y el 35 %, y el Valle del Cauca es uno de los territorios con más casos. Los estudios sobre la enfermedad son limitados. Este estudio caracteriza los casos de leptospirosis confirmados por el Laboratorio Departamental de Salud Pública del Valle del Cauca y notificados al Sivigila.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo del registro de pacientes con sospecha de leptospirosis, remitidos al Laboratorio Departamental de Salud Pública del Valle del Cauca y notificados al Sivigila entre el 2017 y el 2018. Mediante estadística descriptiva, se presentan las características demográficas, clínicas y de laboratorio, de la población de estudio.

Resultados. Se remitieron 256 casos sospechosos de leptospirosis y 106 fueron confirmados por prueba

serológica. La mediana de edad fue de 33 años (RIC=19-53); 71 (67,6 %) casos fueron hombres. Cali fue la procedencia más frecuente, con 36 (34,3 %) casos y el área urbana fue la más reportada, con 73 (70,2 %) casos. Con respecto a las exposiciones laborales, 33 (31,4 %) casos pertenecían al sector agropecuario, El contacto con animales se reportó en 85 (79,8 %) ocasiones y 46 (43,8 %) casos reportaron contacto con roedores. El principal síntoma fue la fiebre, reportada en 98 (92,4 %) pacientes. Solo 54 (51,4 %) tenían una prueba positiva tomada en el puesto de atención inicial.

Conclusiones. Los resultados de este estudio confirman, para el Valle del Cauca, lo descrito en otras regiones: la leptospirosis es más frecuente en hombres en edad productiva, y en personas que tienen contacto con animales y el agro. Aunque la presentación clínica leve sin compromiso fue frecuente, es necesario fortalecer la capacidad local de confirmación por laboratorio de esta enfermedad.

..... ✕

E26 - Estimación de la carga de la enfermedad de dengue, chikunguña y Zika en Colombia entre 2013 y 2016

A. Mora-Salamanca¹, A. Porras-Ramírez^{2,3,4}, F. P. De la Hoz Restrepo²

¹ Grupo de Infecciones y Salud en el Trópico, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de Epidemiología y Evaluación en Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

³ Grupo Medicina Comunitaria y Salud Colectiva, Facultad de Medicina, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Coordinación de Epidemiología, Los Cobos Medical Center, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. Durante el periodo 2013-2016, se presentaron tres epidemias de arbovirosis en Colombia (dengue, chikunguña y Zika), las cuales afectaron a más de un millón de personas. Por ello, se estimó la carga de la enfermedad por dengue, chikunguña y Zika en Colombia y sus subdivisiones administrativas, entre los años 2013 y 2016.

Metodología. Se realizó un estudio ecológico de tipo exploratorio, utilizando como unidad de medida los años ajustados por discapacidad (AVAD). Se utilizaron las bases de datos sobre mortalidad del Departamento Administrativo Nacional de Estadística (DANE) y las bases de datos de morbilidad del Sistema Nacional de Vigilancia en Salud Pública (Sivigila). Las muertes y los casos por cada arbovirus se agruparon por grupos de edad y por sexo, los cuales se ajustaron para controlar sesgos. Posteriormente, se sometieron a un análisis de sensibilidad bajo tres circunstancias: conservador, medio y extremo.

Resultados. En el periodo 2013-2016, se estimaron 491.629,2 de AVAD por arbovirosis en Colombia. El 26,6 % de los AVAD correspondió a dengue, el 71,3 %, a

chikunguña, y el 2,2 % restante, a Zika. La fase aguda de la enfermedad representó el 31,8 % y, las complicaciones crónicas, el 68,2 %. Los departamentos de Valle del Cauca, Tolima, Norte de Santander, Huila y Bolívar representaron el 50,5 % del total de los AVAD.

Conclusiones. La carga de enfermedad de las arbovirosis en el periodo 2013-2016 superó la de otras enfermedades infecciosas, como el HIV-sida y la tuberculosis, en Colombia. Se deben hacer esfuerzos en salud pública para mitigar nuevas epidemias de estos arbovirus.

Palabras clave: dengue, fiebre chikunguña, virus del Zika, carga global de la enfermedad, años de vida perdidos por discapacidad, Colombia.

..... ✕

E27 - *Trypanosoma cruzi* and *Leishmania* (Euglenozoa: Kinetoplastea, Trypanosomatidae) in synantropic *Didelphis marsupialis* of Los Montes de María, El Carmen de Bolívar (Bolívar, Colombia)

Marlon Mauricio Ardila¹, Yeisson Cera-Vallejo², Roberto García-Alzate³, Daisy Lozano-Arias³, Leidi Herrera⁴, Alveiro Pérez-Doria⁵

¹ Grupo Interdisciplinario en Ciencias Marinas y Ambientales, Universidad del Atlántico, Puerto Colombia, Colombia

² Ciencia, Educación y Tecnología, Universidad del Atlántico, Puerto Colombia, Colombia

³ Facultad Ciencias de la Salud, Fundación Universitaria San Martín, Puerto Colombia, Colombia

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

⁵ Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Background: *Didelphis marsupialis* (Didelphimorphia) is considered a reservoir of *Trypanosoma cruzi* and *Leishmania* spp. in several countries in South America, including Colombia. Nevertheless, its epidemiological role in the presence of Chagas disease and/or leishmaniasis is scarcely known in *Los Montes de María*. We proposed to study the presence of trypanosomatids in this marsupial in relation with its synantropic behavior.

Methods: *Didelphis marsupialis* were caught in human and animal traffic trails of the *El Alférez* village (*Carmen de Bolívar*), using Tomahawk traps during the evening in the proportion of 3 traps/day/man, during three consecutive nights since January, 2018, until June, 2019. Captured animals were identified, marked and anesthetized for cardiac puncture and sampling blood for culture in biphasic medium (NNN/RPMI). The positive cultures with hemoflagellates in microscopy (400X) were donors for total DNA extraction and amplification of V7V8 region of 18S rRNA generic trypanosomatids gen. The amplicons obtained were sequenced, whose consensus sequences were compared with those available in GenBank to make the species identification.

Results: Thirty-two *D. marsupialis* (62.5% females/37.5% males) were caught with a percentage of infections by trypanosomatids of 56.25% (18/32). Eighteen trypanosomatids isolates were obtained, being 3 isolates of *T. cruzi* (9.4%), 1 of *Leishmania* spp. (3.1%) and 1 co-infection *T. cruzi*-*Leishmania* spp. phylogenetically identified by the method of maximum likelihood.

Conclusions: The infection of *D. marsupialis* with *T. cruzi*, and the co-infection *T. cruzi*/*Leishmania* spp. constitutes the first record in El Carmen de Bolívar. The synanthropic habits, the sampling marsupial abundance and the presence of unique or mixed infection, suggest that *D. marsupialis* could act as a potential reservoir for these parasites and represent a potential risk to establishment of these zoonosis.

..... X

E28 - Frecuencia de geohelminthos intestinales presentes en la población infantil de un municipio de Bolívar, Colombia

Dilia Aparicio-Marengo¹, Diana Duarte-Amador¹, Andrés Sánchez-Caraballo¹, Mavianis Pinilla-Pérez², Julio Daniellies Díaz³

¹ Grupo GINUMED, Programa de Medicina, Corporación Universitaria Rafael Núñez, Cartagena de Indias, Colombia

² Grupo GEPSA, Programa de Bacteriología, Corporación Universitaria Rafael Núñez, Cartagena de Indias, Colombia

³ Corporación Universitaria Rafael Núñez, Cartagena de Indias, Colombia

Introducción. Se estima que, aproximadamente, 2.000 millones de personas en el mundo sufren de geohelminthiasis y, de ellos, 300 millones sufren morbilidad grave. Los factores de riesgo asociados son déficit de atención, desnutrición, y trastornos de crecimiento y desarrollo, principalmente en poblaciones infantiles desatendidas y con poco acceso a los servicios de salud. Por esto, se hace necesario conocer la prevalencia de estas parasitosis en niños vulnerables, para hacer intervención, promoción y prevención.

Métodos. Estudio descriptivo y prospectivo realizado en el 2018 en una población de 110 niños asistentes a una fundación sin ánimo de lucro localizada en el municipio de La Boquilla (Bolívar). Se obtuvo asentimiento y consentimiento informado de los menores y acudientes, antes de la recolección de muestra de heces fecales, las cuales fueron analizadas por la técnica de Kato-Katz como identificador de la intensidad de la infección al estimar el número de huevos de parásitos por gramo de heces. Los resultados se presentan en frecuencias relativas y absolutas, y para encontrar la relación entre las infecciones, se practicó la prueba de ji al cuadrado.

Resultados. De los participantes, 52,7 % eran niños y 47,3 % niñas. Las edades oscilaron entre 5 y 14 años, con una media de 9 años. El 17,3 % de las muestras presentaron huevos de, al menos, un parásito. El más frecuente de los

helminthos fue *Trichuris trichiura*, con una frecuencia de 13,6 %, seguido de *Ascaris lumbricoides*, con 6,4 %. El 26,6 % de los niños infectados (3,6 % del total) presentaron una coinfección de *T. trichiura* y *A. lumbricoides*, con una relación significativa ($p=0,001$; $RR=0,478$).

Conclusión. A pesar de que la geografía y las condiciones higiénico-sanitarias favorecen la transmisibilidad de las parasitosis, se evidencia una baja frecuencia de estos helmintos en la población estudiada. Es necesario ampliar la muestra para confirmar la prevalencia de estas infecciones.

..... X

E29 - Conocimientos, actitudes y prácticas ante la malaria en un municipio del oriente colombiano

Gloria Isabel Jaramillo¹, César García¹, Carol Yovana Rosero², Franco Andrés Montenegro²

¹ Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, Villavicencio, Colombia

² Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, Pasto, Colombia

Introducción. Vistahermosa, municipio del Meta, es un enclave para la transmisión de la malaria, por su topografía de planicie, características bioclimáticas y conflicto social, los cuales favorecen el desarrollo del vector. Entre 2017 y 2018, la incidencia de la malaria disminuyó, y va en aumento en lo que va del 2019. Se desconoce la percepción de la población sobre el cambio en este evento de salud pública. Es importante identificar los conocimientos, actitudes y prácticas de la comunidad sobre la malaria, y su biología, ecología y prácticas para su control.

Metodología. Se trata de un estudio observacional, descriptivo y transversal. Una encuesta de conocimientos, actitudes y prácticas sobre malaria, fue hecha con residentes mayores de edad para conocer las percepciones y acciones del sistema de salud sobre la comunidad. Se utilizó estadística univariada y bivariada.

Resultados. Participaron 45 personas. El 89 % considera la malaria como problema de salud pública, el 62,2 % atribuye la enfermedad a la picadura de cualquier mosquito y el 58 % afirma nunca haberse hecho un examen diagnóstico. Para el 53,3 %, cada persona es responsable de prevenir la malaria, y el 22,2 % asigna esta responsabilidad a la Secretaría de Salud. El 35,6 % prefiere tratamiento formulado por el médico, y el 29 % afirma curarse con otros medicamentos. El 89 % aseguraron cumplir con el tratamiento contra la malaria. El 66,7 % utiliza toldillos. El 69 % acuden al centro de salud o al hospital cuando enferman de malaria. El 62 % no recibe buena atención de los funcionarios de salud. El 67 % dice que el sistema de salud no hace trabajo comunitario contra la malaria.

Conclusiones. La percepción comunitaria sobre el sistema de salud es negativa, lo valoran como ineficaz o inexistente frente a la prevención de malaria. Hay un alto porcentaje de desconocimiento de la enfermedad, su transmisión, tratamiento y prevención. Se requiere mayor sensibilización, educación y capacitación comunitaria, y acciones de movilización y comunicación social, para cambiar el comportamiento de las personas en riesgo, con un enfoque en la atención primaria en salud por parte del sistema de salud.

..... ✕

E30 - Leishmaniasis y su vector en zonas de expansión urbana de Villavicencio (Meta): una amenaza creciente

Brayan Ávila¹, Kenny Santodomingo¹, Luz Stella Buitrago², Gloria Isabel Jaramillo¹

¹ Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, Villavicencio, Colombia

² Laboratorio de Entomología, Secretaría de Salud del Meta, Villavicencio, Colombia

Introducción. La leishmaniasis es un problema de salud pública en zonas tropicales y subtropicales. En Colombia, se han incrementado los casos, debido al crecimiento en la domiciliación y la urbanización del ciclo de transmisión. En Villavicencio, su presencia se entrelaza con la actividad humana y los cambios climáticos, que influyen en la distribución y la hacen una enfermedad emergente. El objetivo de este estudio fue analizar la situación de la leishmaniasis y su vector en zonas de expansión urbana de Villavicencio.

Métodos. Es un estudio observacional llevado a cabo en el área urbana y la periurbana. Se analizaron los casos de leishmaniasis reportados a la Secretaría de Salud del Meta durante 2010-2018, y también, los datos de captura de *Lutzomyia* durante 2005-2017. En noviembre y diciembre de 2018, se hicieron nuevas recolecciones utilizando trampas de luz de tipo CDC, y la identificación se hizo hasta la especie. Se utilizó el análisis estadístico no paramétrico.

Resultados. De 377 casos, dos resultaron autóctonos del casco urbano, y 45 muestras de *Lutzomyia* spp. fueron recolectadas en el área urbana y la periurbana. El 93,63 % (IC_{90%} 70-95,65) de los casos de leishmaniasis eran hombres, la mayoría, militares. Entre el inicio de los síntomas y la consulta, se presentaron tiempos de hasta 8 meses (media=52,65 días; DE=41,68). El 50,9 % de los pacientes recibió tratamiento, al menos una vez, y al 93,36 % se les administró N-metil-glucamina. De las especies capturadas, el 21,87 % fue *Lutzomyia antunesi*, la especie más registrada en el país, seguido por *Lu. walkery* (12,9 %) y *Lu. gomezi* (6,4 %).

Conclusiones. La presencia de *Lutzomyia* spp. en las áreas urbanas y periurbanas de Villavicencio ha aumentado, y está relacionada con la expansión y el crecimiento urbano. La población más afectada son las fuerzas militares, la cual representa un problema por su gran movilidad. Las especies de *Lutzomyia* encontradas son vectores primarios, lo que hace a Villavicencio una ciudad con alto riesgo de propagación de la enfermedad.

..... ✕

E31 - Presencia de nematodos *Anisakis* en peces comercializados en la costa del Pacífico colombiano

Jennifer Alejandra Castellanos¹, Rubén Mercado², Sebastián Peña², Liliana Salazar¹, María Carolina Pustovrh¹

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

² Unidad Docente de Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile

Introducción. La anisakidosis es una enfermedad zoonótica causada por el consumo de pescado crudo o poco cocido o crustáceos, parasitados por larvas de nematodos de la familia Anisakidae. El objetivo de este estudio fue identificar la presencia de larvas de anisákidos en especies de peces de consumo de la costa del Pacífico colombiano.

Métodos. Se recolectaron 71 muestras agrupadas en nueve especies de peces de consumo, capturadas en los puertos pesqueros de Buenaventura y Tumaco. La identificación morfológica de las larvas se hizo mediante taxonomía clásica y, para la identificación a nivel de especie, se utilizó la PCR múltiple. Finalmente, se calculó el porcentaje de infección.

Resultados. Con la revisión taxonómica, se identificaron cuatro especies de peces como huéspedes de los géneros *Anisakis* y *Pseudoterranova*. Las larvas se aislaron principalmente del intestino, con un porcentaje de infección entre 42 y 100 %. Con la PCR múltiple, se identificó *P. decipiens* como huésped de *Mugil curema* (lisa) y la especie *A. physeteris* como parásito de los peces de consumo *Centropomus armatus* (róbalo), *Larimus argenteus* (tamborero), *Mugil cephalus* (lisa) y *Mugil curema* (lisa).

Conclusión. La identificación de estas especies de anisákidos en peces de consumo, se informa por primera vez en esta región geográfica. Se deben continuar las investigaciones en esta área, y se propone incrementar los controles para la prevención y el control de la anisakiasis como una posible enfermedad emergente en el Pacífico.

..... ✕

E32 - Potenciales áreas de circulación de *Rickettsia* spp. en el noroeste de Colombia a partir del uso de equinos como centinelas

Leidy Y. Acevedo-Gutiérrez^{1*}, Luis E. Paternina², René Ramírez³, Marcelo B. Labruna⁴, Juan D. Rodas González¹

¹ Línea de Zoonosis Emergentes y Reemergentes, Grupo de Investigación en Ciencias Veterinarias-Centauro, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

³ Grupo de Investigación INCA-CES, Universidad CES, Medellín, Colombia

⁴ Departamento de Medicina Veterinaria Preventiva y Salud Animal, Universidad de São Paulo, Brasil

* leidy.acevedo@udea.edu.co

Introducción. Las rickettsiosis transmitidas por garrapatas son enfermedades zoonóticas desatendidas. En los últimos años, en Colombia se ha demostrado la circulación de rickettsias en huéspedes silvestres, sinantrópicos y domésticos. Se han detectado casos y brotes humanos en áreas de Antioquia, pero se sospecha que la distribución es más amplia.

Objetivo. Identificar potenciales áreas de circulación de *Rickettsia* spp. en el noroeste de Colombia, empleando equinos como centinelas de la infección.

Métodos. Se hizo un análisis de decisión multicriterio en un sistema de información geográfico, en el cual se integró información serológica, molecular, acarológica y climática, derivada de un estudio descriptivo transversal con muestras de equinos llevados a la Planta de Beneficio La Rinconada, en Rionegro, Antioquia. Se recolectó sangre, garrapatas y datos epidemiológicos de los animales, y se utilizó inmunofluorescencia para *Rickettsia*. A las garrapatas se les practicaron pruebas moleculares para detectar la infección.

Resultados. Se muestrearon 649 equinos provenientes de 28 municipios de los departamentos del noroeste del país, infestados con *Amblyomma cajennense* s.l., *Amblyomma ovale*, *Rhipicephalus microplus* y *Dermacentor nitens*. Se encontró una seroprevalencia del 53 % (IC_{95%} 49,5-57,2) y un porcentaje mínimo de infección en garrapatas del 2,6 % (IC_{95%} 1,7-3,4). En las garrapatas, se identificaron diversas especies de *Rickettsia* de los grupos ancestral, transicional y de las fiebres manchadas. Se sugieren áreas potenciales para *Rickettsia* spp., entre las cuales sobresalen el noroeste de los departamentos de Antioquia, Córdoba y Sucre.

Conclusión. El sistema de información geográfico, junto con los datos sobre los equinos como centinelas, permitió establecer que la distribución geográfica de *Rickettsia* spp. es potencialmente mayor que la descrita previamente en el país. Estas áreas son candidatas para estudios de vigilancia de la rickettsiosis en el noroeste de Colombia.

* Este proyecto fue financiado por el Comité para el Desarrollo de la Investigación (CODI) de la Universidad de Antioquia (Código 2014-321).

..... X

E33 - Mapping the incidence of animal bites potentially transmitting rabies and its importance for rabies surveillance, Caquetá, Colombia, 2007-2018

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Jorge Luis Bonilla-Aldana³, Daniel Mateo Varón-Suárez³, Marlon Mauricio Soto-Daza³, Sandra Milena Londoño-Páez³, Juan J. García-Bustos^{3,4}, Alfonso J. Rodríguez-Morales²

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Agropecuarias, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Grupo de Investigación en Ciencias Animales Macagual, Universidad de la Amazonia, Florencia, Colombia

⁴ Grupo de Investigación en Patología e Inmunología – Doctorado en Medicina Tropical, Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

Introduction: Rabies-risk bites represent a significant global health threat given the impact of its associated viral zoonotic disease. In some countries, they cause significant morbidity and even, mortality especially in children and adolescents. Most of them, caused by domestic animals. Recently, its incidence in Colombia has been increasing.

Objective: To assess the incidence of rabies-risk bites in Caquetá, Colombia, 2007-2018 and develop geographical information systems municipal maps.

Methods: Observational study assessing the incidence of rabies-risk bites (from the surveillance system Sivigila) in Caquetá, Colombia, 2008-2018. Using municipal-population estimates, incidence rates were estimated (cases/pop.). GIS used Kosmo-3.0.

Results: 5,134 RRB occurred in the study period (ranging, 19 [2007] – 1,060 [2017]), representing a cumulated of 1,110.1 RRB/100,000 population (ranging, 4.4 [2007] – 216.3 [2017]). Twelve GIS-based maps were developed (one/year/department/municipalities). Municipalities with the highest number of RRB were Florencia 2,641 (51.4%) (1,602.3 RRB/100,000 pop.), San Vicente del Caguán 630 (12.3%) (962.2 RRB/100,000 pop.), and El Paujil 253 (4.9%) (1,297.2 RRB/100,000 pop.). Albania had the highest cumulated incidence rate (2,567.7 RRB/100,000 pop., 165 cases), followed by El Paujil and Puerto Rico (1,200.4 RRB/100,000 pop., 164 cases). No cases of human rabies were reported during the study period.

Conclusions: Animal bites related to rabies-risk are under surveillance in Colombia and other countries and they are increasing. The role of wildlife in the rabies transmission has been recognized and outbreaks affecting domestic

animals occur, then surveillance for it is also needed and enhanced. In 2018, multiple departments of Colombia presented wildlife-rabies hotspots, then deserving more research and enhanced integrated surveillance, including the use of GIS-based maps. In 2018 and 2019, Caquetá reported 2 wildlife-rabies hotspots, respectively.

..... ✕

E34 - Bibliometric assessment of the global scientific production on parvovirus: implications for further research in Latin America

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Adrián Esteban Trejos-Mendoza³, Soffia Pérez-Vargas³, Estefany Rivera-Casas³, Alfonso J. Rodríguez-Morales²

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Agropecuarias, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Programa de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

Introduction: Although parvovirus infections are referred as among the most common in veterinary medicine, particularly in dogs, in some countries there is a significant lack of publications on this genus member of the family Parvoviridae. Also as expected, there are no bibliometric studies assessing advances in its research.

Objective: To assess the global scientific production on parvovirus.

Methods: Bibliometric study at 6 databases: Web of Sciences (WoS), Scopus, Medline/PubMed, SciELO, LILACS and Google Scholar, assessing the global scientific production on parvovirus, measuring the number of articles per countries, number of original articles, published historically and during last 5 years (2014-2018), citations and H index, among other indicators.

Results: Those most productive countries in WoS (N=8,297): USA (2,432 [28.2%]), Germany (938 [11.3%]) and China (285 [8.3%]). At Scopus (N=18,307): USA (6,765 [37.0%]), Germany (1,660 [9.1%]) and United Kingdom (1,525 [8.3%]). At PubMed (N=8,998): USA (1,026 [11.4%]), Brazil (667 [7.41%]) and United Kingdom (221 [2.46%]). At SciELO there were 200 (63.5% Brazil collection, 8.5% Chile, 4% Argentina, Colombia, Cuba, Spain). At LILACS, 287 (40.8% Brazil, 6.6% Chile and Argentina 4.5%). Google Scholar: 164,000 (USA, 11.8%; Canada, 10.7%, and Australia, 9.5%). The topic H index at WoS is 138 (167,114 citations). Top productive countries H-index (Scopus): USA (112, 70,955 citations), Germany (68, 22,294 citations), and China (35, 6,818 citations).

Conclusions: As in other bibliometric studies, scientific production by USA and their groups is predominant. In areas

such as Latin America, investigation on parvovirus should be increased, as besides Brazil the number of articles from other countries is still limited. Specially, more molecular, serological, epidemiological and clinical studies on animals should be performed. For example, from Colombia at PubMed, there are only 3 publications on it till July 17, 2019.

..... ✕

E35 - Bibliometric assessment of the global scientific production on canine Distemper virus: Implications for further research in Latin America

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Keidenis Quintero-Rada³, Juan Pablo Montoya-Posada³, Sebastián Ramírez², Alfonso J. Rodríguez-Morales²

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Agropecuarias, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Programa de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

Introduction: Canine distemper virus (CDV), currently termed canine morbillivirus, is a very contagious infection in the group of viruses of the family Paramyxoviridae, affecting dogs. Its host range includes a vast array of species. Although its pathogenicity, research on it would be still lacking globally and especially in Latin America.

Objective: To assess the global scientific production on CDV.

Methods: Bibliometric study at 6 databases: Web of Sciences (WoS), Scopus, Medline/PubMed, SciELO, LILACS and Google Scholar, assessing the global scientific production on CDV, measuring the number of articles per countries, number of original articles, citations and H index, among other indicators.

Results: Those most productive countries in WoS (N=2,166): USA (703 [32.5%]), Germany (243 [11.2%]), United Kingdom (196 [9.0%]) and Brazil (160 [7.4%]). At Scopus (N=3,384): USA (988 [29.2%]), United Kingdom (386 [11.4%]) and Germany (245 [7.2%]). At PubMed (N=2,728): USA (267 [9.8%]), Germany (149 [5.5%]) and Japan (133 [4.9%]). At SciELO there were 71 (81.7% Brazil collection, 4.2% Peru, 4.2% South Africa). At LILACS 83 (81.9% Brazil, Chile 2.4% and 1.2% Colombia). Google Scholar: 77,000 (Canada 20.4%, China 20.1% and India 19.7%). Top productive countries H-index (WoS): USA (65, 19,074 citations), United Kingdom (17, 1,911 citations), and Canada (16, 843 citations).

Conclusions: As in other bibliometric studies, scientific production by USA and their groups is predominant. In areas such as Latin America, there is a clear lack of investigation on CDV, then, this should be increased, as besides Brazil the number of articles from other countries

is still very limited. Specially, more molecular, serological, epidemiological and clinical studies on animals and humans should be performed. Initially described as an infectious disease of domestic dogs, it is now recognized as a global multi-host pathogen, infecting and causing mass mortalities in a wide range of carnivore species. Then, CDV has emerged as a significant disease of wildlife.

..... ✕

E36 - Seroprevalencia de *Brucella canis* en caninos de un refugio para mascotas ubicado en Bogotá, Colombia

Astrid J. Laverde-Castellanos, Daniela Restrepo-Botero, Diego Hernández-Pulido, Isabel S. Sandoval-Bolaño
Fundación Universitaria Agraria de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia
sandoval.isabel@uniagraria.edu.co

Antecedentes. La bacteria *Brucella canis* es el agente etiológico de mayor importancia para la brucelosis canina, una enfermedad potencialmente zoonótica. No obstante ser considerada una cepa de baja patogenicidad, la infección asintomática en los caninos y la exposición constante a la bacteria, aumentan el riesgo de transmisión a otros perros y al ser humano.

Objetivo. Establecer la prevalencia de *B. canis* en la sangre de caninos de un refugio para mascotas destinadas a la adopción.

Metodología. Se llevó a cabo un estudio de carácter descriptivo y de corte transversal, en un refugio de animales destinados a programas de adopción en Bogotá. En una primera fase del estudio, se tomaron muestras de sangre a 51 perros (machos y hembras), para establecer la seroprevalencia cualitativa de IgG contra *B. canis*, empleando inmunocromatografía rápida. Los animales seropositivos fueron confirmados mediante aglutinación en placa con 2-mercaptoetanol (PARP-2ME), antes de pasar a la segunda fase, consistente en determinar la prevalencia de bacteriemia mediante la detección de un fragmento del gen *bp26* del género *Brucella* por reacción en cadena de la polimerasa (PCR).

Resultado. Se muestrearon 51 caninos. La seroprevalencia para *B. canis* fue de 1,96 % (1/51). La presencia de IgG en el suero del animal seropositivo se confirmó mediante PARP-2ME. No hubo amplificación en la PCR.

Conclusiones. Aunque no se comprobó bacteriemia, el hallazgo de un canino serológicamente positivo para *B. canis*, indica exposición a la bacteria y, por lo tanto, riesgo de infección persistente y de contagio potencial del humano.

Palabras clave: salud pública, inmunocromatografía rápida, zoonosis, refugio canino.

..... ✕

E37 - Increase in the incidence of animal bites potentially transmitting rabies and its importance for rabies surveillance, report, and GIS-mapping by different health information systems in children and adolescents, Colombia, 2009-2017

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Jaime A. Cardona-Ospina^{2,3}, Samuel E. Idarraga-Bedoya¹, Guillermo J. Lagos-Grisales², José Antonio Suárez⁴, Julieth Paola Suárez-De la Ossa⁵, Alfonso J. Rodríguez-Morales²

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Agropecuarias, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Grupo de Investigación Biomedicina, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

⁴ Departamento de Investigación Clínica, Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud, Ciudad de Panamá, Panamá

⁵ Grupo de Investigación Biología de Nutrientes, Universidad del Atlántico, Barranquilla, Colombia

Introduction: Rabies-risk bites represent a significant pediatric health threat. In some countries, they cause significant morbidity and even, mortality in children and adolescents. Most of them, caused by domestic animals. Recently, its incidence in Colombia has been increasing in children and adolescents.

Objective: To assess the incidence of rabies-risk bites and its relationship with dog and other mammal bites in Colombia, 2009-2017.

Methods: Observational study assessing the incidence of rabies-risk bites (from the surveillance system Sivigila) and dog and other mammal bites (ICD-10 codes W53-W55, from the personal health records system, RIPS), Colombia, 2009-2017. Using age-specific-population estimates, incidence rates in children and adolescents were estimated (cases/pop.). GIS used Kosmo-3.0.

Results: 261,454 rabies-risk bites occurred in children and adolescents (34.4% of all age-groups) (ranging, 7,390 [2009]-47,000 [2017]), representing a cumulated of 1,512.04 rabies-risk bites/100,000 children and adolescents (ranging, 42.41 [2009]-273.70 [2017]) (since 2015 higher than adults >4-7%); 88,867 dog-bites (4,469-14,809), 11,668 other-mammals-bites (738-2,013), and 3,216 rat-bites (260-497) were reported. Dogs, mammals and rat bites, were associated with the number of rabies-risk bites ($r^2=0.9762$; $r^2=0.9586$; $r^2=0.8868$) (all: $p<0.001$). Ninety GIS-based maps were developed (one/year/departments/municipalities). Municipalities with the highest number of pediatric rabies-risk bites were Bogotá, 33,874; Cali, 11,901; Medellín, 9,655; Barranquilla, 5,062, and Cúcuta, 4,800. Only 1 case of human rabies was reported in children and adolescents (from 9 in all age-groups).

Conclusions: Animal bites related to rabies-risk are under surveillance in Colombia and other countries and they are increasing especially in children and adolescents. The role of wildlife in the rabies transmission has been recognized and outbreaks affecting domestic animals occur, then surveillance for it is also needed. In 2018, multiple departments of Colombia presented wildlife-rabies hotspots, then deserving more research and enhanced integrated surveillance.

..... X

E38 - Aislamiento y caracterización molecular de *Cryptococcus neoformans* en heces de *Columba livia* en el perímetro urbano de Ibagué, Colombia, 2019: estudio preliminar

Adriana Vásquez¹, Luis Reinel Vásquez², Maryeimy Varón¹, Patricia L. Escandón³, Fabiola E. González²

¹ Grupo de Investigación en Genética y Biotecnología Vegetal y Microbiana, Programa de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

² Centro de Estudios en Microbiología y Parasitología, Departamento de Medicina Interna, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

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

Antecedentes. La investigación en Colombia de criptococosis se ha llevado a cabo desde 1956 y, con el aumento de pacientes con sida, se ha observado un aumento en la frecuencia de esta micosis. Hay pocos datos sobre la morbilidad, debido a que no es de registro obligatorio en el país y no hay el conocimiento epidemiológico en el departamento del Tolima. Se examinaron muestras de heces de *Columba livia* con el objetivo de estimar la prevalencia de *Cryptococcus neoformans* en el casco urbano de Ibagué.

Metodos. Se llevó a cabo la recolección de muestras de heces de *C. livia* en siete sitios, para aislar y estimar la prevalencia de *C. neoformans* en la ciudad, entre noviembre y abril de 2018 y 2019, teniendo en cuenta factores ambientales como temperatura, humedad relativa, posición geográfica y mpH. Se estimaron el número de aislamientos recuperados y el patrón molecular de cada uno.

Resultados. Entre noviembre y abril de 2018 y 2019, el 19,77 % de las muestras fueron positivas para *C. neoformans*. Además, el punto de muestreo del centro de la ciudad tuvo una prevalencia del 55,74 %, lo cual es de gran importancia epidemiológica. En el Tolima, se han registrado 23 casos de pacientes con *C. neoformans* por medio de encuestas voluntarias realizadas por Instituto Nacional de Salud, lo que reafirma la presencia de la levadura en la ciudad.

Conclusiones. Este es el primer estudio epidemiológico en el departamento del Tolima, en el cual se presentan hallazgos de *C. neoformans* en Ibagué, donde se demuestra

una mayor prevalencia en el sector del centro de la ciudad. Esto es de gran importancia en el sector de salud pública, debido a que es el lugar donde más transitan los habitantes, lo que indica que se deben hacer más estudios.

..... X

E39 - Bibliometric assessment of the global scientific production on *Neospora*: implications for further research in Latin America

Samuel E. Idarraga-Bedoya¹, D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Mariana Chacón-Peña¹, Daniela Osorio-Navia¹, Jéssica Paola Martínez-Hidalgo¹, María Angélica Reina-Mora¹, Alfonso J. Rodríguez-Morales²

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Agropecuarias, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

Introduction: *Neospora caninum* is regarded as one of the most important infectious causes of abortions in cattle worldwide. During last decade there have been evidence of exposition and seroprevalence of *N. caninum* in HIV patients. Although that, there are no bibliometric studies assessing advances in its research.

Methods: Bibliometric studies at 3 databases: Web of Sciences (WoS), Scopus, and Medline/PubMed, assessing the global scientific production on *Neospora*, measuring the number of articles per countries, productive institutions, number of original articles, published historically and during last 5 years (2014-2018), citations and H index, among other indicators.

Results: Those most productive countries in WoS (N=3102): USA (779 [25.1%]), Brazil (473 [15.2%]) and Spain (267 [8.6%]). At Scopus (N=2818): USA (694 [24.6%]), Brazil (420 [14.9%]) and UK (230 [8.2%]). At PubMed (N=2240): USA (617 [27.5%]), UK (543 [24.2%]) and Germany (153 [6.8%]); production during 2014-2018 at WoS: 879 articles (28.3%, increasing $r^2=0.855$, $p<0.001$); at Scopus: 708 articles (25.1%, increasing $r^2=0.8776$, $p<0.001$); PubMed: 516 articles (23%, increasing $r^2=0.7885$, $p<0.001$). The topic H index at WoS is 90 (61,996 citations). Top productive countries H-index (Scopus): USA (79, 29,690 citations), Brazil (36, 5,297 citations), and UK (57, 8,652 citations). Most productive institutions on the topic (WoS): USDA, USA (294 articles), University of Bern, Switzerland (176) and Universidad Complutense, Spain (148).

Discussion: As in other bibliometric studies, scientific production by USA and their groups is predominant. In areas such as Latin America, investigation on *Neospora* should be increased, beginning with epidemiological studies. As this is apicomplexan parasite, closely related to *Toxoplasma gondii*, that should be evaluated in detail and reported among the research still to be done.

E40 - La vigilancia serológica y molecular de *Trypanosoma cruzi* en perros (*Canis lupus familiaris*) sugiere áreas con potencial riesgo de transmisión en el área Metropolitana de Bucaramanga, Colombia

Jeiczon Jaimes-Dueñez^{1,2*}, Ángela Patricia Jiménez-Leaño², María Esteban-Mendoza², Iván Mauricio Villamizar-Rivera², María Fernanda Castellanos-Banda², Lucas Moreno-Salcedo², Omar Cantillo-Barraza², Omar Triana-Chávez¹

¹ Grupo BCEI, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Grupo GRICA, Universidad Cooperativa de Colombia, Bucaramanga, Colombia

* jeiczon05@gmail.com

Introducción. La enfermedad de Chagas es una infección zoonótica ampliamente distribuida en las regiones subtropicales de América, incluyendo más del 50 % del territorio colombiano. En el último año, se ha observado un incremento de los brotes de enfermedad aguda de Chagas en los municipios del área metropolitana de Bucaramanga, debido a cambios medioambientales y movimientos de fauna silvestre hacia los asentamientos humanos.

Materiales y métodos. Dada la importancia de los perros (*Canis lupus familiaris*) como reservorios y huéspedes centinelas de la infección por *Trypanosoma cruzi* en diferentes regiones de América, el presente estudio reporta la detección molecular y serológica de *T. cruzi* en 215 perros de cuatro municipios del área metropolitana de Bucaramanga (noreste de Colombia).

Resultados. La seroprevalencia de *T. cruzi* en caninos detectada mediante las técnicas de inhibición de la hemaglutinación (IHA) y ELISA indirecto, fue de 14,0 % (IC_{95%} 9,0-19,0 %), con valores altos, de 21,0 % (IC_{95%} 1,0-41,0 %) en Piedecuesta, de 16 % (IC_{95%} 2,0-29,0 %) en Girón, de 17,4 % (IC_{95%} 9,2-25,6 %) en Bucaramanga y de 9 % (IC_{95%} 0,0-18 %) en Floridablanca. No se detectaron animales positivos mediante los métodos moleculares (PCR convencional). Las variables epidemiológicas, como la frecuencia de recolección de basuras y el avistamiento de triatominos por parte de los habitantes, estuvieron estadísticamente asociadas con la prevalencia de la infección ($p > 0,05$).

Conclusiones. Estos resultados muestran una seroprevalencia de infección moderada en caninos, sin circulación activa del parásito en estos huéspedes. Sin embargo, la falta de recolección de basuras mostró estar asociada con una mayor seroprevalencia, lo cual puede incrementar el riesgo de infección por *T. cruzi* en los humanos. Los resultados del presente estudio deben ser tenidos en cuenta cuando se realicen programas de prevención y control de la enfermedad de Chagas en estos municipios.

Palabras claves: *Trypanosoma cruzi*, perros, infección, Bucaramanga, Colombia.

E41 - Prevalencia de crisis convulsivas tardías en pacientes con neurocisticercosis en un hospital de tercer nivel en Popayán, Cauca

Karolina Stefany Hurtado-Campo¹, Brenda Yuliana Giraldo-Jiménez^{1*}, Jorge Alfredo Daza-Pérez¹, Mario Ernesto Galíndez-Muñoz¹, Luis Reinel Vásquez², Carlos Velasco³

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

² Centro de Estudios en Microbiología y Parasitología, Departamento de Medicina Interna, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

³ Departamento de Cirugía, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

* brenday@unicauca.edu.co

Antecedentes. La teniosis y cisticercosis es una zoonosis desatendida, considerada un problema de salud pública en países en vías de desarrollo. Es causada por el cestodo *Taenia solium* y las personas infectadas desarrollan teniasis o cisticercosis, neurocisticercosis o ambas. El objetivo fue determinar la prevalencia de crisis convulsivas tardías en pacientes con neurocisticercosis en el Hospital Universitario San José, entre enero de 2014 y diciembre del 2018.

Métodos. Se llevó a cabo un estudio retrospectivo sobre todos los pacientes con neurocisticercosis que ingresaron al Hospital Universitario San José, durante el periodo comprendido entre enero de 2014 y diciembre de 2018, y que cumplieran los criterios de inclusión. Se solicitó el consentimiento institucional y el del comité de ética. Se hizo el análisis respectivo con el paquete estadístico SPSS™.

Resultados. De los 53 casos estudiados, se encontraron 50 pacientes con neurocisticercosis. La prevalencia de las crisis convulsivas tardías fue de 74 %. La media de la edad fue de 42,9 años y el 54 % eran mujeres. Predominaron los adultos entre 41 y 60 años. Solo se hallaron cinco casos en edad pediátrica. El 96 % provenían del departamento del Cauca y, los restantes, de Nariño, destacándose un predominio (66 %) del área rural; entre los municipios, se destacó el de Mercaderes. El régimen subsidiado fue el más prevalente (80 %), seguido del contributivo (20 %).

Conclusiones. Es el primer estudio epidemiológico a nivel hospitalario en pacientes con crisis convulsivas. El departamento del Cauca se considera como una de las áreas endémicas para neurocisticercosis en Colombia. Es necesario hacer más estudios en pacientes que presentan crisis convulsivas tardías secundarias a neurocisticercosis.

E42 - Bibliometric assessment of the global scientific production on coronaviruses: Implications for further research in Latin America

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2}, Keidenis Quintero-Rada³, Juan Pablo Montoya-Posada³, Sebastián Ramírez², Alfonso J. Rodríguez-Morales²

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Agropecuarias, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

² Grupo y Semillero de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia

³ Programa de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Colombia

Introduction: Coronaviruses cause respiratory and intestinal infections in animals and humans. They were not considered to be highly pathogenic to humans until the outbreak of severe acute respiratory syndrome (SARS) in 2002 in China. Then, research among them would be still lacking.

Objective: To assess the global scientific production on coronaviruses.

Methods: Bibliometric study at 6 databases: Web of Sciences (WoS), Scopus, Medline/PubMed, SciELO, LILACS and Google Scholar, assessing the global scientific production on coronavirus, measuring the number of articles per countries, number of original articles, citations and H index, among other indicators.

Results: Those most productive countries in WoS (N=11,447): USA (4,032 [35.2%]), China (2,546 [22.2%]) and Germany (772 [6.7%]). At Scopus (N=17,675): USA (5,551 [31.4%]), China (2,396 [13.6%]) and United Kingdom (1,300 [7.4%]). At PubMed (N=14,158): USA (2,953 [20.9%]), China (2,567 [18.1%]) and United Kingdom (402 [2.8%]). At SciELO there were 100 (48% Brazil collection, 12% Cuba, 8% Colombia). At LILACS 158 (41.1% Brazil, 8.2% Argentina 4.5% and 7.6% Colombia). Google Scholar: 153,000 (China 19.7%, Australia 11.9% and Canada 11.7%). Top productive countries H-index (WoS): USA (136, 133,331 citations), China (98, 67,004 citations), and Germany (89, 33,174 citations).

Conclusions: As in other bibliometric studies, scientific production by USA and their groups is predominant. In areas such as Latin America, there is a clear lack of investigation on coronaviruses, then, this should be increased, as besides Brazil the number of articles from other countries is still very limited. Specially, more molecular, serological, epidemiological and clinical studies on animals should be performed. Coronaviruses are members of the subfamily Coronavirinae in the family Coronaviridae and the order Nidovirales. This subfamily consists of four genera, Alphacoronavirus, Betacoronavirus, Gammacoronavirus and Deltacoronavirus, based on their phylogenetic

relationships and genomic structures. Ten years after SARS, another highly pathogenic coronavirus, Middle East respiratory syndrome coronavirus emerged in Middle Eastern countries, and both are zoonotic and requiring more investigation, especially in Latin America.

..... ✕

E43 - Detección de *Giardia lamblia* y *Toxoplasma gondii* en muestras de suelo y agua asociadas al río Quindío

Valeria Alejandra Pinto-Duarte^{1,2}, Gloria Deicy Muñoz-Sánchez¹, Fabiana Lora-Suárez¹, Jorge Enrique Gómez-Marín¹

¹ Grupo GEPAMOL, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

² Maestría en Ciencias Biomédicas, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

Antecedentes. Se han desarrollado diferentes estudios, tanto en el agua como en el suelo, durante los últimos años, y la biología molecular es la técnica predilecta para el análisis de estas muestras. En Colombia, el estudio más reciente en agua es del 2018. Sin embargo, en dicho estudio no se reportó la presencia de *Toxoplasma gondii*. Por otro lado, se llevó a cabo un estudio en suelos en el 2015, en el cual se reportó *Giardia* sp. La técnica empleada en este trabajo fue únicamente la microscopía convencional.

Metodología. Este es un proyecto que se desarrolló en el Centro de Investigaciones Biomédicas de la Universidad del Quindío, en Armenia. Las muestras se recolectaron durante agosto, septiembre, octubre y noviembre del presente año. Se hizo un muestreo simple, tomando once puntos en la cuenca alta del río Quindío y una muestra por punto, para un total de 44 muestras de agua de 10 litros cada una. Se tomó una muestra de suelo de 200 g que estuviera relacionada con el punto tomado en la cuenca. Las muestras se trasladaron hasta el laboratorio de parasitología, donde se concentraron, se extrajo ADN y se practicó la PCR.

Resultados. Se tomaron 44 muestras de agua y 40 muestras de suelo, y se pudo observar la amplificación, tanto de muestras de agua en diferentes puntos, como de suelo para los dos protozoos estudiados.

Conclusión. Se identificaron puntos críticos en el afluente con respecto a la presencia de *G. lamblia* y *T. gondii*.

..... ✕

E44 - Parásitos intestinales de baja circulación detectados en el control de calidad realizado a la Red Distrital de Laboratorios de Parasitología en el periodo 2015-2019 de Bogotá

Zuly Arévalo-Gálvez, Catalina Figueroa-Niño, Marisol García-Villamarín

Laboratorio de Salud Pública de Bogotá, Bogotá, D.C., Colombia

Antecedentes. Dadas las dificultades para una identificación acertada de parásitos poco frecuentes en zonas urbanas cosmopolitas como Bogotá, no se cuenta con datos sobre la circulación de especies que, si bien no todas son autóctonas de la capital, sí pueden convertirse en un foco de diseminación dentro de la ciudad o en poblaciones aledañas que cuentan con las características climáticas y ambientales para su propagación. El presente informe pretende dar a conocer los parásitos intestinales de importancia clínica y baja circulación, encontrados con las herramientas disponibles.

Métodos. El Laboratorio de Salud Pública de Bogotá cuenta con un Sistema de Información del Laboratorio de Salud Pública (SILASP), donde se registran todas las muestras de materia fecal remitidas para la evaluación externa indirecta del desempeño y la confirmación diagnóstica remitidas desde los laboratorios clínicos. Basados en el análisis del SILAPS de los últimos cinco años, se hizo el presente reporte.

Resultados. En los últimos cinco años, hemos observado parásitos como *Paragonimus* sp., *Myxobolus* sp., *Cyclospora cayetanensis*, *Balantidium coli*, *Diphyllobothrium* sp. y *Cistoisospora* sp., entre otros, en muestras de materia fecal de pacientes que, principalmente, han migrado a la capital, así como parásitos de origen exclusivamente animal, como huevos de *Toxocara canis*.

Conclusiones. Es importante estar alerta ante la identificación de especies de baja circulación en el Distrito Capital, dada su característica cosmopolita y el constante paso de viajeros nacionales y extranjeros. El Laboratorio de Salud Pública brinda de forma permanente asesoría y confirmación diagnóstica para hacer una identificación temprana, evitando la propagación de estas parasitosis. De igual forma, cuenta con la actividad de capacitación masiva para todos los laboratorios clínicos de su jurisdicción.

..... X

E45 - Hospital surveillance network for influenza virus and other respiratory viruses in Cartagena

Juan Manuel Quintero-Soto, Miguel Ángel Cardales-Periñán, Deivis Javier Villanueva-Pájaro, Víctor Alberto Laguna-Torres, Doris Gómez-Camargo

Grupo UNIMOL, Facultad de Medicina, Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia

Background: The influenza virus can infect annually around 10% of the world's population. Those with associated illnesses, as well as those under 2 years of age and those over 65 years of age, are most at risk. There is a significant deficit in the world in the knowledge of which etiological agents are related to influenza type disease and severe acute respiratory infection (SARI).

Methodology: Type of active; epidemiological surveillance study - prospective study. Two hundred patients hospitalized for different diagnoses that could be related to severe acute respiratory infection (SARI) were enrolled from May to October, 2019. Patients admitted to specialized internment or intensive care units at Napoleón Franco Pareja and Universitario del Caribe hospitals in Cartagena de Indias, Colombia, were included. By nasal and pharyngeal swabbing; transfer in a viral transport medium and storage at -80°C of the sample. PCR-multiplex was made with specificity for 17 viruses and 3 bacteria, to detect viral RNA, including influenza A, B and their subtypes.

Results: 1) Influenza is not the main virus isolated in influenza-like illness but the respiratory syncytial and rhinovirus in children and adults respectively. 2) The incidence of ITD, and laboratory confirmation, in adult population with associated chronic disease, is more frequent than, in children under 5 years, with incidence rates of 1:7 and 1:25 respectively. 3) Influenza disease is a cause of SARI in a very low percentage, and its morbidity and mortality depend on chronic pathologies based on the individual.

Conclusion: Influenza-type illness is very frequent in our environment in adults, however, it is not the main cause of SARI.

..... X

E46 - Cobertura y fidelidad de la implementación del Xpert MTB/RIF en un área de alta carga para tuberculosis pulmonar en Colombia

Freddy Agredo^{1,2}, Lyda Osorio²

¹ Secretaría de Salud, Cali, Colombia

² Universidad del Valle, Cali, Colombia

Introducción. El Xpert MTB/RIF es una prueba molecular de ADN rápida que diagnostica simultáneamente tuberculosis y resistencia a la rifampicina. Desde 2010, se recomienda por la OMS y se introduce en Colombia desde 2012 pero se desconocen los resultados de su implementación. El objetivo de este estudio fue describir la cobertura y fidelidad en la implementación del Xpert® MTB/RIF en pacientes con tuberculosis pulmonar en Cali.

Metodología. Se realizó un estudio descriptivo con un total 5.231 registros de tuberculosis de datos del programa de tuberculosis y Sivigila de la Secretaría de Salud de Cali. Se incluyeron todos los casos de tuberculosis

pulmonar que ingresaron entre 2013 y 2017. La cobertura del Xpert® MTB/RIF se estimó como el número de personas a quienes se les practicó la prueba sobre el número de pacientes inscritos en el programa durante el mismo periodo. Fidelidad se definió como el grado en que Xpert® MTB/RIF se implementó según el protocolo de la Organización Mundial de la Salud del 2014. Se hizo un análisis multivariado de correspondencias múltiples para describir la relación entre el uso del Xpert® MTB/RIF y las variables sociodemográficas.

Resultados. La fidelidad fue mejor para los grupos de mayor riesgo de tuberculosis multirresistente (TB MDR) y la cobertura del Xpert® MTB/RIF en Cali es baja; además, su uso no sigue, necesariamente, la priorización recomendada para su implementación. Se requiere evaluar estrategias de implementación del Xpert® MTB/RIF, para contribuir a su uso adecuado y a las metas nacionales e internacionales de poner fin a la tuberculosis.

..... X

E47 - *Trypanosoma cruzi* and *Leishmania* (Euglenozoa: Kinetoplastea, Trypanosomatidae) in synantropic *Didelphis marsupialis* of Los Montes de María, El Carmen de Bolívar, Bolívar, Colombia

Marlon Mauricio Ardila¹, Yeisson Cera-Vallejo², Roberto García-Alzate³, Daisy Lozano-Arias⁴, Leidi Herrera⁵, Alveiro Pérez-Doria⁶

¹ Grupo Interdisciplinario en Ciencias Marinas y Ambientales, Universidad del Atlántico, Puerto Colombia, Colombia

² Ciencia, Educación y Tecnología, Universidad del Atlántico, Puerto Colombia, Colombia

³ Ciencia, Educación y Tecnología, Universidad del Atlántico, Puerto Colombia, Colombia

⁴ Facultad de Medicina, Fundación Universitaria San Martín, Puerto Colombia, Colombia

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

⁶ Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Background: *Didelphis marsupialis* (Didelphimorphia) is considered a reservoir of *Trypanosoma cruzi* and *Leishmania* spp. in several countries in South America, including Colombia. Nevertheless, its epidemiological role in the presence of Chagas disease and/or leishmaniasis is scarcely known in Los Montes de María. We proposed to study the presence of trypanosomatids in this marsupial in relation with its synantropic behavior.

Methods: *Didelphis marsupialis* were caught in human and animal traffic trails of the El Alférez village (El Carmen de Bolívar), using Tomahawk traps during the evening in the proportion of 3 traps/day/man, during three consecutive nights since January, 2018, until June, 2019. Captured animals were identified, marked and anesthetized for cardiac puncture and sampling blood for culture in biphasic medium (NNN/RPMI). The positive cultures with

hemoflagellates in microscopy (400X) were donors for total DNA extraction and amplification of V7V8 region of 18S rRNA generic trypanosomatids gen. The amplicons obtained were sequenced, whose consensus sequences were compared with those available in genebank to make the species identification.

Results: Thirty-two *D. marsupialis* (62.5% females/37.5% males) were caught with a percentage of infections by trypanosomatids of 56.25% (18/32). Eighteen trypanosomatids isolates were obtained, being 3 isolates of *T. cruzi* (9.4%), 1 of *Leishmania* spp. (3.1%) and 1 co-infection *T. cruzi*-*Leishmania* spp. phylogenetically identified by the method of maximum likelihood.

Conclusions: The infection of *D. marsupialis* with *T. cruzi*, and the co-infection *T. cruzi*/*Leishmania* spp. constitutes the first record in El Carmen de Bolívar. The synanthropic habits, the sampling marsupial abundance and the presence of unique or mixed infection, suggest that *D. marsupialis* could act as a potential reservoir for these parasites and represent a potential risk to establishment of these zoonosis.

..... X

E48 - *Leptospira* spp. y *Mycobacterium* en ganado bovino del municipio de Los Palmitos, Sucre

Lina Lineth Durán-Cueto, Pedro José Blanco-Tuirán, Libardo Caraballo-Blanco

Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Antecedentes. *Mycobacterium* y *Leptospira* spp incluyen especies de bacterias que infectan al ganado bovino y causan grandes pérdidas económicas en el sector ganadero. El objetivo de esta investigación fue detectar la presencia de *Leptospira* spp y *Mycobacterium*, mediante técnicas moleculares, en ganado bovino del municipio de Los Palmitos, Sucre.

Metodología. Se analizaron 172 muestras de sangre de ganado bovino, almacenadas a -20 °C del banco de muestras del Laboratorio de Investigaciones Biomédicas. Las muestras fueron colectadas en 12 fincas ganaderas del municipio de Los Palmitos-Sucre, previa firma de un consentimiento informado por parte del propietario del ganado. A partir de sangre periférica se realizó la extracción de ADN genómico siguiendo el método de altas concentraciones de sales. Luego, las muestras fueron analizadas mediante la reacción en cadena de la polimerasa utilizando los cebadores que amplifican una región del gen 16S rRNA de *Mycobacterium* y la subunidad Beta de la ADN girasa de *Leptospira*. Las muestras que dieron positivas fueron secuenciadas para identificar hasta el nivel de especie.

Resultados. De las 172 muestras analizadas, 35 fueron positivas para *Mycobacterium* y tres para *Leptospira*

spp. Entre las que destacan las especies: *Leptospira interrogans*, *Mycobacterium abscessus*, *Mycobacterium flavescens*, *Mycobacterium phlei*, *Mycobacterium saopaulense* y *Mycobacterium chelonae*. En seis de las 12 fincas estudiadas se obtuvieron muestras positivas para las bacterias patógenas investigadas en este estudio.

Conclusión. Este es el primer estudio realizado en el municipio de Los Palmito-Sucre en el que se demostró que circulan especies de *Mycobacterium* y *Leptospira* en el ganado bovino; lo anterior indica un riesgo para la producción ganadera, y las distintas especies animales y humanos que habitan en la zona, debido a la patogenicidad de las especies detectadas.

..... X

E49 - Tripanosomatídeos (Kinetoplastea: Tripanosomatidae) en *Gonotodes albogularis* (Duméril & Bibron, 1836) (Reptilia: Squamata) visitantes sinantrópicos de la vereda El Alférez, El Carmen de Bolívar, Bolívar, Colombia

J. Sarmiento¹, D. Lozano², L. Herrera³, R. García-Alzate¹

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

² Facultad de Ciencias de la Salud, Fundación Universitaria San Martín, Puerto Colombia, Colombia

³ Instituto de Zoología y Ecología Tropical, Facultad de Ciencias, Universidad Central de Venezuela, Caracas, Venezuela

Investigación en curso con resultados

Eje temático: salud pública y enfermedades tropicales

El estudio del parasitismo en reptiles entomófagos, potenciales predadores de vectores de *Trypanosoma*, es poco frecuente, lo que conlleva desconocimiento del rol

de estos vertebrados en los ciclos de vida de agentes etiológicos presentes en sus presas o posibles insectos vectores, si son huéspedes de estos, específicamente hemoparásitos tripanosomatídeos de interés en salud pública. *Gonotodes albogularis* es un reptil predador de insectos, generalista, el cual habita diversos ambientes silvestres y zonas con intervención antrópica. Este trabajo tiene como objetivo identificar hemoparásitos tripanosomatídeos en *G. albogularis*, presentes y visitantes peridomiciliares de las viviendas humanas en la vereda El Alférez, El Carmen de Bolívar (Colombia), en la cual se ha evidenciado la presencia de tripanosomiasis americana o enfermedad de Chagas, así como leishmaniasis, zoonosis del hombre y otros mamíferos. Se propone capturar ejemplares reptiles con un esfuerzo de 32h/hombre en todo el proyecto, en el domicilio, el peridomicilio y el ambiente silvestre, para su posterior reconocimiento, sexado, toma de datos morfométricos e identificación con uso de claves. Se tomará sangre de la vena caudal de los ejemplares, para diagnóstico microscópico y molecular de tripanosomatídeos; además, se evaluará la relación entre ecótopos, carga parasitaria y potenciales especies de Tripanosomatidae. Se espera conocer la composición de tripanosomatídeos en *G. albogularis* en relación con el buen estado del reptil y los ecótopos que este habita. La investigación permitirá vislumbrar si existe un posible rol de estos gecónidos en la cadena de control y transmisión de tripanosomatídeos de interés en salud pública. Hasta la fecha, se ha realizado el 50 % de la investigación, en la cual se ha determinado la presencia de hemoflagelados con características de tripanosomatídeos en el 90 % de la población de *G. albogularis* en el área de estudio, mediante observación directa.

Palabras clave: tripanosomatídeos, reptiles entomófagos, hemoparásitos.

..... X

F - PATOGÉNESIS

F1 - Efecto de variantes en los genes *IL6R*, *TLR3* y *DC-SIGN* sobre el desarrollo del dengue

Efrén Avendaño-Tamayo^{1,2}, Álex Rúa¹, María Victoria Parra-Marín¹, Winston Rojas², Omer Campo², Juan Chacón-Duque², Piedad Agudelo-Flórez³, Carlos F. Narváez⁴, Doris M. Salgado⁵, Bertha Nelly Restrepo⁶, Gabriel Bedoya²

¹ Laboratorio de Genética Molecular, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Grupo de Investigación en Ciencias Básicas Aplicadas, Tecnológico de Antioquia, Medellín, Colombia

³ Escuela de Graduados, Universidad CES, Medellín, Colombia

⁴ Programa de Medicina, Facultad de Salud, Universidad Surcolombiana, Neiva, Colombia

⁵ Unidad de Infectología Pediátrica, Hospital Universitario de Neiva, Neiva, Colombia

⁶ Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Universidad CES, Sabaneta, Colombia

Antecedentes. Uno de los aspectos más influyentes en el desarrollo de la enfermedad del dengue, es la composición genética del huésped. Los efectos de los factores hereditarios que predisponen a las enfermedades transmisibles pueden confundirse debido a la mezcla de poblaciones.

Objetivo. Evaluar la asociación del dengue con los polimorfismos rs8192284 del gen *IL6R*, rs3775290 del *TLR3* y rs7248637 del *DC-SIGN*, controlando la mezcla poblacional.

Metodología. El estudio de casos y controles se realizó con 292 colombianos encuestados: 191 confirmados para dengue y 101 controles. Los genotipos se resolvieron mediante la reacción en cadena de la polimerasa y los polimorfismos de la longitud de los fragmentos de restricción. Se analizaron los alelos, los genotipos y las combinaciones alélicas en tres estudios independientes. La proporción de alelos se comparó entre grupos mediante la prueba de ji al cuadrado después del conteo directo. Los genotipos y las combinaciones alélicas se sometieron a regresión logística. Todas las pruebas se ajustaron independientemente por autoidentificación o componente genético ancestral.

Resultados. En los afrocolombianos, el alelo C rs8192284 ofreció protección contra el dengue (OR=0,425; IC_{95%} 0,204-0,887; p=0,020). Los alelos A rs7248637 y A rs3775290 incrementaron el riesgo de dengue para los afrocolombianos (OR=2,389; IC_{95%} 1,170-4,879; p=0,015) y los mestizos (OR=2,329; IC_{95%} 1,283-4,226; p=0,005), respectivamente. La reproducibilidad para C/C rs8192284 (OR=2,45; IC_{95%} 1,05-5,76; p=0,013) permaneció después

del ajuste por el componente genético ancestral amerindio (OR=2,52; IC_{95%} 1,04-6,09; p=0,013). La reproducibilidad del A/A rs3775290 (OR=2,48; IC_{95%} 1,09-5,65; p=0,033) se mantuvo después del ajuste por cualquier componente (europeo, amerindio o africano). La asociación del dengue con la combinación alélica CAG (OR=2,07; IC_{95%} 1,06-4,05; p=0,033) persistió después del ajuste por componente amerindio (OR=2,16; IC_{95%} 1,09-4,28; p=0,028).

Conclusiones. Los polimorfismos rs8192284 en *IL6R*, rs3775290 en *TLR3* y rs7248637 en *DC-SIGN*, se asociaron con la propensión a sufrir dengue en una muestra de población colombiana.

..... ✕

F2 - Evaluación de citocinas proinflamatorias y reguladoras como candidatas a biomarcadores pronóstico de complicaciones en pacientes con infección por *Plasmodium vivax*

Catalina Tovar-Acero^{1,2}, María Camila Velasco¹, Paula Avilez-Vergara², Dina Ricardo-Caldera², Ana Rodríguez³, María Fernanda Yasnot-Acosta¹

¹ Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

² Grupo de Enfermedades Tropicales y Resistencia Bacteriana, Universidad del Sinú, Montería, Colombia

³ Department of Medical Parasitology, Department of Microbiology, New York University School of Medicine, New York, NY, USA

Introducción. En los últimos años se ha incrementado el número de casos de malaria complicada atribuida a *Plasmodium vivax*, y la patogénesis de esta especie es poco conocida; sin embargo, una de la hipótesis postula que la reacción inflamatoria exacerbada durante la infección contribuye al desarrollo de los cuadros clínicos complicados.

Objetivo. Evaluar la concentración de citocinas proinflamatorias y reguladoras, e identificar los perfiles de estas citocinas en los diferentes desenlaces clínicos observados en la malaria por *P. vivax*.

Métodos. Se llevó a cabo un estudio descriptivo de corte transversal en el departamento de Córdoba, cuya población estuvo conformada por tres grupos: malaria complicada (n=50), malaria no complicada (n=56) y controles sanos de área endémica (n=50). Se excluyeron del estudio las mujeres embarazadas, los menores de dos años, personas con malaria por *P. falciparum*, personas con enfermedades de base y personas con virosis endémicas de la zona. La confirmación de mono infección por *P. vivax*

se hizo por PCR anidada, se practicaron hemogramas, y cuantificación de parámetros parasitológicos, bioquímicos y de citocinas plasmáticas (TNF- α , IL-10, IL-1 β , TGF- β , IL-2, IL-6 y IFN- γ) por citometría de flujo.

Resultados. La concentración plasmática de IL-6, IL-10 e IFN- γ se encontró más elevada en los pacientes con malaria complicada, en comparación con los pacientes con malaria no complicada ($p < 0,00001$, $p = 0,0064$ y $p = 0,0028$, respectivamente); también, se identificó una diferencia significativa para estas tres moléculas comparadas con los controles sanos ($p < 0,00001$). En los pacientes con malaria complicada, los niveles elevados de IL-6 se correlacionaron con trombocitopenia grave ($p = 0,0017$) y los niveles aumentados de IFN- γ lo hicieron con un aumento plasmático de las transaminasas (GOT: $p = 0,0033$ y GPT: $p = 0,017$) comparados con el grupo de malaria no complicada y con los controles sanos.

Conclusiones. La cuantificación de IL-6, IL-10 e IFN- γ permite diferenciar los desenlaces clínicos de la malaria por *P. vivax*. Estas moléculas pueden proponerse como biomarcadores pronósticos de complicaciones y continuar con estudios que permitan mejores aproximaciones terapéuticas.

..... ✕

F3 - *Ehrlichia canis* (Rickettsiales: Anaplasmataceae) en garrapatas duras asociadas a mamíferos domésticos y aves silvestres en el departamento de Caldas, Colombia

Antecedentes. El primer reporte de erliquiosis en humanos en Colombia ocurrió en el 2014. Esta es una enfermedad causada por bacterias del género *Ehrlichia* y transmitida por garrapatas, y se considera desatendida en Latinoamérica. Por otro lado, *Ehrlichia canis* se ha asociado especialmente con garrapatas de caninos; se ha demostrado que genera complicaciones en estos animales e, incluso, su muerte. No obstante, en estudios recientes se ha demostrado que también causa patogenicidad en los humanos, lo que ha planteado un riesgo epidemiológico.

Métodos. Se dispusieron aleatoriamente redes de niebla para la captura de aves en 13 municipios del departamento de Caldas. Posteriormente, se hizo la búsqueda visual de garrapatas, se extrajeron con pinzas entomológicas y se conservaron en tubos con etanol al 96 %. En los mamíferos, las garrapatas se obtuvieron de manera similar. Después, se llevaron a cabo la extracción, la amplificación por PCR y la visualización de ADN, tanto para identificar las garrapatas, como para la detección e identificación molecular de *E. canis*. Por último, se hicieron análisis filogenéticos para evaluar la identidad y la similitud

de las secuencias obtenidas, y compararlas con las del GenBank.

Resultados. Se obtuvieron 239 garrapatas procedentes de mamíferos domésticos y 32 de aves silvestres. Algunas de las especies de garrapatas encontradas fueron *Amblyomma mixtum*, *A. longirostre*, *A. nodosum* y *Rhipicephalus sanguineus*, entre otras. De ellas, 21 garrapatas de mamíferos domésticos y 15 de aves silvestres marcaron como positivas para *E. canis*. cuatro de las muestras positivas correspondían a garrapatas asociadas a aves migratorias boreales.

Conclusiones. Este estudio confirma la circulación de *E. canis* en el departamento de Caldas, debido a que en nueve de los 13 municipios evaluados se encontraron garrapatas positivas para la bacteria. Asimismo, se plantea la posibilidad de que *A. mixtum* sea un vector de la bacteria, sin confirmar hasta el momento.

..... ✕

F4 - Farmacometabolómica del antimonio de meglumina en pacientes con leishmaniasis cutánea

Deninson Alejandro Vargas^{1,2}, Miguel Darío Prieto¹, Álvaro José Martínez-Valencia¹, Alexandra Cossio^{1,3}, Karl E. V. Burgess^{4,5}, Richard J. S. Burchmore^{4,5}, María Adelaida Gómez^{1,3}

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

² Universidad del Valle, Cali, Colombia

³ Universidad ICESI, Cali, Colombia

⁴ Glasgow Polyomics, Wolfson Wohl Cancer Research Centre, College of Medical, Veterinary and Life Sciences, University of Glasgow, Glasgow, United Kingdom

⁵ Institute of Infection, Immunity and Inflammation, College of Medical, Veterinary and Life Sciences, University of Glasgow, Glasgow, United Kingdom

Antecedentes. El control de la leishmaniasis cutánea en las Américas recae principalmente en la quimioterapia con antimonio de meglumina. Las altas tasas de falla terapéutica (≈ 30 %) estimulan la búsqueda de biomarcadores predictivos o pronósticos del tratamiento que permitan realizar un abordaje terapéutico más apropiado y dirigido a las necesidades del paciente.

Objetivo. En este estudio, se busca identificar biomarcadores de la reacción terapéutica durante el tratamiento con antimonio de meglumina en pacientes con leishmaniasis cutánea.

Metodología. Se practicó un perfil metabólico en muestras de plasma de pacientes ($n = 25$ curaciones; $n = 14$ fallas terapéuticas) recolectadas antes del tratamiento y después de él. Los metabolitos se identificaron mediante cromatografía líquida de alta eficiencia acoplada a espectrometría de masas (CL-EM). Además, se empleó un modelo de infección de células mononucleares de sangre

periférica obtenidas de los pacientes, para evaluar el efecto terapéutico de los biomarcadores seleccionados. El análisis de los datos de CL-EM se hizo a partir de las intensidades relativas detectadas para cada metabolito después de la normalización. Se realizaron análisis univariados (t test, FDR) y multivariados (ANOVA, OPLS-DA), empleando el *software* de uso gratuito MetaboAnalyst 4.0 y se establecieron como valores significativos un $p \leq 0,05$ y un $FDR \leq 0,1$.

Resultados. El análisis de las muestras, antes del tratamiento y después de él de pacientes con leishmaniasis cutánea, mostró perturbación en la β -oxidación de ácidos grasos de cadena larga y la producción energética. Además, la comparación de los grupos de curación o falla mostró un incremento significativo de la alantoína, N-acetilglutamina, taurina y piruvato en el grupo de las curaciones y estos fueron predictivos o pronósticos de la reacción terapéutica en nuestra cohorte de pacientes ($AUC > 0,7$). En el modelo de infección con células mononucleares de sangre periférica, la alantoína, pero no la taurina, potenció el efecto del antimonio frente a parásitos intracelulares de *Leishmania panamensis* ($p < 0,05$).

Conclusiones. Se postularon cuatro biomarcadores predictivos o pronósticos de la reacción terapéutica, los cuales, a su vez, participan en el equilibrio de la oxidorreducción y en la cicatrización de heridas. Además, la alantoína potenció el efecto leishmanicida del antimonio de meglumina, evidenciando la interrelación existente entre el metabolismo y la reacción inmunológica frente a la respuesta terapéutica.

..... X

F5 - Exploración de la contribución de las células Th17 en el desenlace terapéutico de la leishmaniasis cutánea causada por *Leishmania (Viannia)*

Adriana Navas^{1,2}, Eliana Ceballes², María Adelaida Gómez^{1,2}

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

² Universidad Icesi, Cali, Colombia

Introducción. La patogénesis de la leishmaniasis cutánea es mediada por la reacción inflamatoria. En estudios previos se demostró que, en las lesiones de los pacientes con falla terapéutica al antimonio de meglumina, había una gran expresión de genes relacionados con la presencia de células Th17, comparadas con las lesiones de los pacientes que mejoraban con el tratamiento. Las células Th17 secretan IL-17A y otros mediadores que actúan sobre las células epiteliales e inducen el reclutamiento de neutrófilos y monocitos en el sitio de la inflamación.

Objetivo. Evaluar la presencia de células Th17 en pacientes con leishmaniasis cutánea y establecer su relación con el desenlace terapéutico.

Metodología. Se aislaron células mononucleares de sangre periférica de voluntarios sanos y de pacientes con leishmaniasis cutánea, para caracterizar fenotípica y funcionalmente la población de células Th17 mediante citometría de flujo.

Los análisis citométricos y estadísticos se realizaron con FlowJo-TreeStar, versión 10, y GraphPad, versión 6, respectivamente.

Resultados. La frecuencia de células Th17 en sangre no difirió entre los voluntarios sanos y los pacientes con leishmaniasis cutánea. Al discriminar según la respuesta terapéutica, se encontró que, antes de iniciar tratamiento, los pacientes que fallaban tenían disminuida la población CD3+ CD4+ IL17A+ IFN- γ +, en comparación con los voluntarios sanos y los pacientes que curaron. Lo anterior se observó también para la población de linfocitos T CD4^{neg} doble productores de IFN- γ e IL-17A. Durante el tratamiento con fármacos anti-leishmania, se encontró una tendencia a la disminución de los linfocitos T CD4+ y CD4^{neg} productores de IL-17A, desde la segunda semana hasta finalizar el esquema terapéutico. Para los marcadores funcionales CCR6 e IL23R, no se observaron cambios en su expresión a lo largo del tratamiento, contrario a lo observado en la población doble positiva IL17A+IFN- γ +, en la que disminuyó al final.

Conclusión. La reducción de las poblaciones CD4+ Th17 y CD4^{neg} IL17+ IFN- γ + al final del tratamiento, sugiere que la regulación de las funciones efectoras de estas células podría favorecer la reacción terapéutica.

..... X

F6 - *Galleria mellonella* (Lepidoptera) un modelo para el estudio de la patogénesis de microorganismos causantes de infección humana

María del Pilar Crespo-Ortiz, María Elena Burbano, Mauricio Barreto

Grupo de Microbiología y Enfermedades Infecciosas, Departamento de Microbiología, Universidad del Valle, Cali, Colombia

Introducción. Las larvas de *Galleria mellonella* han sido utilizadas en estudios de virulencia, patogénesis y efectividad antimicrobiana, generando datos concordantes con aquellos obtenidos en modelos mamíferos convencionales. Este modelo invertebrado es rápido, de bajo costo y fácil implementación, y posee un sistema inmunológico con una reacción inmunitaria innata similar a la de los vertebrados. Por lo anterior, es una alternativa para el estudio de aislamientos microbianos en laboratorios de países de mediano o bajo ingreso.

Objetivo. Establecer *G. mellonella* como modelo para la infección por *Streptococcus* del grupo B y su capacidad para discriminar el grado de virulencia en aislamientos humanos. *Streptococcus* del grupo B es un colonizador

habitual de las vías digestivas y de la vagina, y su invasión produce infecciones graves en neonatos, mujeres embarazadas y adultos vulnerables.

Metodología. Se determinó la viabilidad de las larvas de *G. mellonella* inoculadas con las cepas de referencia ATCC 12386 (*Streptococcus* del grupo B de tipo Ia) y ATCC 12403 (*Streptococcus* del grupo B de tipo III). Se analizaron los efectos de la temperatura, el pH y la competencia bacteriana en la viabilidad de las larvas, al igual que la reacción de los hemocitos a la infección.

Resultados. *Streptococcus* del grupo B se multiplicó e infectó el modelo en forma dependiente de la dosis (dosis letal 50 %: 1×10^7 UFC/larva a las 24 horas). La infección causó melanización con vacuolización y depleción de hemocitos. La letalidad en *Galleria* fue mayor en pH 7,2 y 37 °C, condiciones similares a las observadas en la sangre. Un aislamiento previamente identificado como el clon hipervirulento ST17 mostró una letalidad reproducible y significativamente mayor que los demás (100 %, 24 a 48 horas). La colonización de las larvas con *Lactobacillus gasseri* mejoró la supervivencia ante la infección por *Streptococcus* del grupo B.

Conclusión. Estos hallazgos fueron similares a los observados en otros sistemas, lo cual sugiere que *G. mellonella* puede usarse para estudiar aislamientos humanos invasivos y no invasivos de *Streptococcus* del grupo B.

..... ✕

F7 - Reacción de anticuerpos naturalmente adquiridos a *Plasmodium falciparum* y *Plasmodium vivax* en dos zonas endémicas para malaria en Antioquia

Jehidys Montiel¹, Berlin Londoño², Gabriel Vélez¹, Verónica Sierra¹, Luisa Carbal¹, Ana Vásquez¹

¹ Grupo de Malaria, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Vector Biology Laboratory, Entomology, Kansas State University, Manhattan, KS, USA

Introducción. El entendimiento de la inmunidad naturalmente adquirida a *Plasmodium* spp. en diferentes contextos endémicos, es necesario para mejorar el diseño de vacunas e identificar biomarcadores de exposición a la malaria. Los estudios de inmunidad natural en malaria son escasos en Colombia.

Objetivo. En este trabajo se evaluó la reacción inmunitaria frente al antígeno MSP-1 de *P.falciparum* y *P.vivax* en residentes de dos municipios endémicos para malaria en Antioquia.

Métodos. Se incluyeron 78 individuos con malaria aguda asistentes a los centros de salud de los municipios de Turbo y El Bagre, 14 individuos con infección asintomática y 88 individuos sanos no infectados que fueron captados

mediante búsqueda activa entre los residentes de las veredas endémicas de cada sitio. Los niveles de anticuerpos IgG frente a los antígenos PfMSP-1 y PvMSP-1, se midieron mediante ELISA.

Resultados. La mayoría de los individuos fueron seropositivos para PfMSP-1 y PvMSP1, 72,2 y 83,3 %, respectivamente. El nivel de anticuerpos contra PfMSP-1 fue mayor en los residentes de El Bagre que en los de Turbo [mediana de densidad óptica (OD): 0,410 Vs. 0,518; $p=0,001$], y los hallazgos fueron similares para el PvMSP-1. Los niveles altos de anticuerpos se correlacionaron con la edad (r de Spearman=0,404; $p=0,0001$) y con episodios previos de malaria (r de Spearman=0,379; $p=0,0001$). Los individuos infectados tuvieron mayores concentraciones de anticuerpos para ambos antígenos ($p<0,05$). Se observaron anticuerpos con reacción cruzada frente a PfMSP-1 y PvMSP-1.

Conclusión. La reacción de anticuerpos contra MSP-1 varía entre dos zonas con diferencias en la carga de la enfermedad. Los individuos residentes de zonas donde coexisten *P. vivax* y *P. falciparum*, desarrollan una reacción cruzada de anticuerpos frente a los antígenos PvMSP-1 y PfMSP-1, la cual aumenta con la edad y el número de episodios previos. La presencia de anticuerpos en la población sana indica un potencial uso de estos anticuerpos como marcadores de exposición en los estudios epidemiológicos.

..... ✕

F8 - Respuesta de anticuerpos a *Plasmodium falciparum* y *Plasmodium vivax* naturalmente adquiridos en dos zonas endémicas para malaria en Antioquia

Jehidys Montiel¹, Berlín Londoño², Gabriel Vélez¹, Verónica Sierra¹, Luisa Carbal¹, Ana Vásquez¹

¹ Grupo de Malaria, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Vector Biology Laboratory, Entomology, Kansas State University

Introducción. El entendimiento de la inmunidad naturalmente adquirida a *Plasmodium* spp. en los diferentes contextos endémicos es necesario para mejorar el diseño de vacunas e identificar los biomarcadores de la exposición a malaria. Los estudios de inmunidad natural en malaria son escasos en Colombia. En este trabajo se evaluó la respuesta inmunitaria frente al antígeno MSP-1 de *P. falciparum* y *P. vivax* en residentes de dos municipios endémicos para malaria en Antioquia.

Métodos.: Se reclutaron 78 individuos con malaria aguda en los centros de salud de los municipios de Turbo y El Bagre, 14 individuos con infección asintomática y 88 individuos sanos no infectados que fueron captados mediante la búsqueda activa en residentes de veredas endémicas de cada sitio.

Los niveles de anticuerpos IgG frente a los antígenos PfMSP-1 y PvMSP-1 se midieron mediante ELISA.

Resultados. La mayoría de los individuos fueron seropositivos para PfMSP-1 y PvMSP-1 (72,2 y 83,3 %, respectivamente). El nivel de anticuerpos contra PfMSP-1 fue mayor en los residentes de El Bagre que en los de Turbo (mediana de densidad óptica [OD]: 0,410 Vs. 0,518, $p=0,001$), hallazgos similares se observaron para PvMSP-1. Altos niveles de anticuerpos se correlacionaron con la edad (r de Spearman=0,404, $p=0,0001$) y con episodios previos de malaria (r de Spearman=0,379, $p=0,0001$). Los individuos infectados tuvieron mayores niveles de anticuerpos para ambos antígenos ($p<0,05$). Se observó presencia de anticuerpos con reacción cruzada frente a PfMSP-1 y PvMSP-1.

Conclusión. La respuesta de anticuerpos contra MSP-1 varía entre dos zonas con diferencias en la carga de la enfermedad. Los individuos residentes de zonas donde coexisten *P. vivax* y *P. falciparum* desarrollan una respuesta cruzada de anticuerpos frente a los antígenos PvMSP-1 y PfMSP-1, que aumenta con la edad y con el número de episodios previos. La presencia de anticuerpos en la población sana indica el uso potencial de estos anticuerpos como marcadores de exposición en los estudios epidemiológicos.

..... X

F9 - Alteraciones fenotípicas y funcionales en los monocitos de pacientes con sífilis secundaria

L. G. Ramírez^{1,2}, J. A. García¹, K. L. Hawley^{3,4}, L. C. Rubiano¹, J. C. Salazar^{3,4}

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

² Universidad Icesi, Cali, Colombia

³ Division of Infectious Diseases, Department of Pediatrics, University of Connecticut Health, Farmington, CO, USA

⁴ Connecticut Children's Medical Center, Farmington, CO, USA

Introducción. Según estudios *ex vivo*, *Treponema pallidum* –bacteria causante de la sífilis– puede ser eliminada mediante opsonofagocitosis, debido a la inducción de una reacción inflamatoria importante dirigida principalmente por monocitos. En pacientes con sífilis secundaria, se han identificado alteraciones fenotípicas y funcionales en células de la inmunidad innata; no es claro cómo el monocito dirige una reacción que conduzca a eliminar *T. pallidum* o, por el contrario, promueva su persistencia.

Métodos. Se aislaron células mononucleares de sangre periférica de 16 pacientes con sífilis secundaria y de 8 voluntarios sanos, para caracterizar los monocitos por citometría de flujo según: identificación de fenotipo: CD14/CD16; actividad antimicrobiana (MPO y ROS); actividad fagocítica (CD32-CD64), y marcadores de inflamación

(CCR2, IL-12, IL-6, IL-10 y TNF- α). En paralelo y mediante inmunohistoquímica, se evaluaron los patrones de inflamación, así como la presencia de *T. pallidum* en las biopsias de los pacientes con lesiones de sífilis secundaria.

Resultados. Los pacientes con sífilis secundaria presentaron un bajo número de monocitos circulantes, siendo más pronunciada la diferencia en la coinfección con HIV, aunque esta diferencia no fue estadísticamente significativa ($p=0,096$). Los monocitos CD14⁺/CD16⁻ (Mon1), de mayor actividad inflamatoria o fagocítica, se encontraron disminuidos en la sífilis secundaria ($p=0,0189$), mientras que, los monocitos con fenotipo CD14⁺/CD16⁺ estuvieron aumentados ($p=0,0522$). No se observaron diferencias en cuanto a la actividad antimicrobiana y antiinflamatoria según los marcadores evaluados, mientras la capacidad fagocítica de los monocitos de pacientes con sífilis secundaria estaba considerablemente disminuida ($p=0,0358$). En 2/13 pacientes se identificó *T. pallidum* en las lesiones, y se encontró un infiltrado celular con predominio de macrófagos (CD68+) y linfocitos T CD4/CD8+.

Conclusiones. En la patogénesis de la sífilis existe una dualidad entre la evasión inmunitaria y el reconocimiento bacteriano, lo cual permite que la infección tome un curso crónico. Los monocitos de los pacientes con sífilis secundaria participan en esta reacción, y su capacidad inflamatoria y fagocítica es modulada por la infección por *T. pallidum*.

..... X

F10 - Determinación de los anticuerpos antifosfatidilserina asociados a anemia y trombocitopenia en pacientes con malaria del noreste de Colombia

María Fernanda Yasnot¹, Juan Rivera², Rossana Villegas¹, Ana Rodríguez²

¹ Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba, Programa de Bacteriología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

² Department of Microbiology, School of Medicine, New York University, New York, NY, USA

Antecedentes. La malaria se ha asociado con el desarrollo de autoinmunidad en pacientes y modelos de ratones que inducen la generación de anticuerpos contra una variedad de antígenos propios, lo cual se ha estudiado poco en humanos, asociado con anemia y trombocitopenia.

Objetivo. El propósito de este estudio fue conocer la asociación entre los anticuerpos antifosfatidilserina con la anemia y la trombocitopenia.

Métodos. Se hizo seguimiento a 20 pacientes con malaria por *Plasmodium vivax* ($n=10$) y *P. falciparum* ($n=10$) en los días 1, 7, 14, 21 y 28 después del tratamiento. Cada día de seguimiento se tomó una muestra de 5 ml sangre para la

realización del hemograma y la detección de anticuerpos antifosfatidilserina. Un grupo de individuos sanos fue involucrado como grupo control. Los anticuerpos IgG antifosfatidilserina se determinaron mediante ELISA indirecta en todas las muestras tomadas (n=100). Los análisis se realizaron con un intervalo de confianza del 95 % mediante las pruebas U de Mann-Whitney, de regresión lineal y de Spearman en SPSS™, versión 25.0.

Resultados. El 65 % de los pacientes presentó disminución de la hemoglobina al día 7 después del tratamiento. Se encontró una diferencia significativa ($p < 0,0001$) entre el grupo de pacientes con malaria y el grupo control para los valores de densidades ópticas de anticuerpos antifosfatidilserina. Se encontró una correlación inversa entre la concentración de hemoglobina y los anticuerpos antifosfatidilserina ($r = -0,41$) solo en los pacientes con malaria por *P. vivax*. No se encontró correlación entre el número de plaquetas con IgG antifosfatidilserina en ninguno de los grupos de pacientes con malaria ($r = -0,27$ para *P. vivax*; $r = -0,35$ para *P. falciparum*). No se encontró correlación entre los anticuerpos antifosfatidilserina y la parasitemia, ni con las malaras previas.

Conclusiones. Los anticuerpos IgG antifosfatidilserina parecen estar involucrados en uno de los mecanismos causantes de la anemia, en este caso, un mecanismo autoinmunitario durante la malaria por *P. vivax*.

..... X

F11 - Estado clínico, epidemiológico e inmunológico de los pacientes con síndrome febril agudo inespecífico en un hospital de tercer nivel en el departamento de Córdoba

Yira Estefani Reyes¹, Ena Luz Torres-Arroyo¹, Virginia Rodríguez¹, María Camila Velasco¹, Gustavo Quintero¹, Onay Salgado², María Fernanda Yasnot¹

¹ Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba, Programa de Bacteriología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

² E. S. E. Hospital San Jerónimo de Montería, Montería, Colombia

Objetivo. El propósito de este estudio fue determinar el estado hemático, bioquímico y de citocinas, inducidos por el cuadro febril en pacientes del departamento de Córdoba.

Métodos. Se estudiaron 123 pacientes que llegaron al hospital con síndrome febril agudo inespecífico durante ocho meses, de los cuales 57 fueron clasificados en dos grupos (pacientes hospitalizados estables y pacientes hospitalizados complicados). En cada grupo de individuos, se practicaron pruebas de laboratorio de diagnóstico (convencional y molecular) y bioquímico, hemograma, inmunológicas (concentración plasmática de citocinas proinflamatorias y antiinflamatorias). Los resultados se analizaron mediante estadística descriptiva y los grupos

se compararon mediante la prueba de Kruskal-Wallis y la U de Mann-Whitney (GraphPad Prism 6.0).

Resultados. Se identificaron tres enfermedades causantes del síndrome febril agudo inespecífico (dengue, 42 %; malaria, 39 %, y leptospirosis, 19 %), de las cuales la malaria y el dengue presentaron grupos comparativos de graves y no graves; para el caso de la leptospirosis, los pacientes se encontraban en estado de gravedad. Se encontraron diferencias significativas entre los grupos en los parámetros hemáticos y bioquímicos, predominando las alteraciones en hematocrito, hemoglobina y recuento de plaquetas, y aumento en transaminasas y bilirrubina. Por otro lado, se encontró disminución de los niveles séricos de albúmina y proteínas totales.

Como marcadores tempranos de gravedad para la malaria, se encontraron recuentos de plaquetas inferiores o iguales a $62,86 \pm 46,66 \times 10^6/L$ y niveles de albúmina menores o iguales a $2,34 \pm 0,52/dl$, y como marcadores de gravedad para dengue, recuento plaquetario $\leq 41,28 \pm 27,36 \times 10^6/L$ y niveles séricos de $AST \geq 306,5 U/L$. Las citocinas IL6 e IL10, se encuentran alteradas en la infección por el virus del dengue y por *Plasmodium*, y la IP10, en infecciones por *Leptospira* y *Plasmodium*.

Conclusión. Los hallazgos obtenidos se pueden extrapolar a poblaciones puntuales, con perfil epidemiológico similar y, así, apoyar el sistema de vigilancia en salud pública, que diseña estrategias de prevención, diagnóstico y pronóstico, con el fin de establecer un protocolo terapéutico apropiado.

..... X

F12 - Asociación entre interleucina-6 (IL-6), trombocitopenia y parasitemia en pacientes con malaria por *Plasmodium vivax*, Córdoba, Colombia

Myriam Elena Cantero^{1,2}, Yuranis Andrea García^{1,2}, Jhonatan Peña^{1,2}, María Camila Velasco¹, María Fernanda Yasnot¹

¹ Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba, Programa de Bacteriología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

² Grupo de Investigaciones Bioquímicas, Programa de Química, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

Antecedentes. La malaria es responsable de una gran carga de mortalidad, asociada a las complicaciones derivadas de la fisiopatología en el hombre, la cual es poco estudiada en infecciones por *Plasmodium vivax* en relación con la trombocitopenia, parasitemia e IL-6.

Objetivo. Evaluar la concentración plasmática de IL-6 y su asociación con trombocitopenia en pacientes con malaria por *P. vivax*.

Métodos. Se evaluó la concentración plasmática de IL-6 por ELISA, en 60 muestras recolectadas en un periodo comprendido entre febrero y marzo del 2019, clasificadas

en tres grupos: control sano, pacientes con malaria no complicada, y pacientes con malaria complicada con menos de 50.000 plaquetas por mm³. Los análisis se realizaron con un intervalo de confianza del 95 % mediante la prueba de Kruskal-Wallis, la U de Mann-Whitney y la de Spearman, en SPSS™, versión 25.0.

Resultados. Se encontró una diferencia significativa al comparar los tres grupos de estudio según las concentraciones de IL-6 ($p=0,000$) y el recuento de plaquetas ($p=0,000$), y en los recuentos parasitarios entre los grupos de malaria no complicada y de malaria complicada ($p=0,021$). Se encontró una correlación inversa entre la concentración de IL-6 y el número de plaquetas, tanto en la malaria no complicada ($r=-0,233$) como en la malaria complicada ($r=-0,298$). No se encontró una correlación significativa entre la concentración de IL-6 y la parasitemia en malaria no complicada ($r=0,053$), mientras que, en la malaria complicada, se evidenció una correlación significativa ($r=0,298$). Además, hubo una correlación inversa entre la parasitemia y el número de plaquetas en la malaria no complicada ($r=-0,294$) y en la malaria complicada ($r=-0,194$).

Conclusiones. La correlación entre el aumento en los niveles de IL-6 y la disminución del recuento de plaquetas, sugiere que la molécula puede estar involucrada con mecanismos inmunopatológicos de la trombocitopenia durante la malaria por *P. vivax*, sin ser un marcador diferenciador entre los pacientes con malaria complicada y con malaria no complicada, pero sí, entre los diferentes grados de trombocitopenia.

..... ✕

F13 - Caracterización clínica y epidemiológica de pacientes con leishmaniasis mucosa coinfectados o no con *Leishmaniavirus*

Fredy Alexander Pazmiño¹, Diana Marcela Parra², Carlos Humberto Saavedra³, Clemencia Ovalle-Bracho⁴, Sandra Muvdi⁴, María Clara Echeverry^{2*}

¹ Maestría en Infecciones y Salud en el Trópico, Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

² Laboratorio de Parasitología, Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C., Colombia

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

⁴ Hospital Universitario Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta, Bogotá, D.C., Colombia

* mcecheverryg@unal.edu.co

Introducción. La leishmaniasis mucosa se caracteriza por la invasión y la destrucción de la mucosa oral o nasal y se presenta con mayor frecuencia en pacientes infectados con parásitos del subgénero *Leishmania* (*Viannia*). Los factores de riesgo para la leishmaniasis mucosa no son

claros y se ha postulado la presencia de *Leishmania RNA virus 1* (LRV1) en el parásito infectante que exacerba la reacción inmunitaria del huésped.

Objetivo. Describir el perfil clínico y epidemiológico de una serie de pacientes con leishmaniasis mucosa y su relación con la coinfección de LRV1.

Métodos. Se llevó a cabo un estudio descriptivo de una serie de pacientes con diagnóstico clínico de leishmaniasis mucosa ($n=15$), atendidos entre 2008 y 2013, en el Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta. Mediante la revisión de las historias clínicas, se registraron variables demográficas, epidemiológicas y de reacción terapéutica. En el Laboratorio de Parasitología de la Facultad de Medicina de la Universidad Nacional de Colombia, se procesaron las biopsias congeladas para la confirmación de la infección por *Leishmania* spp. mediante PCR de 18S y la detección de LRV1. Los resultados se presentan como frecuencias.

Resultados. La frecuencia del LRV1 en el total de las muestras analizadas fue de 40 %. El 73,3 % de los pacientes era de sexo masculino, con una mediana de edad de 40 años. Las regiones de infección fueron la Andina (46,7 %) y la Orinoquia (40 %). El 93,3 % de los casos presentó leishmaniasis cutánea entre un mes y 30 años antes de la leishmaniasis mucosa, el 78,6 % de la forma localizada y el 21,4 % de la forma diseminada. La gravedad del cuadro de leishmaniasis mucosa según la clasificación de Lessa, fue de grado II en el 26,7 %, de grado III en el 40 % y de grado IV en el 26,7 %. El tratamiento para leishmaniasis mucosa fue con glucantime en el 80 %. No se encontraron diferencias en las variables analizadas con respecto a la infección con LRV1.

Conclusión. El 40 % de los pacientes estaban infectados con LRV1 y no presentaron diferencias clínico-epidemiológicas con los pacientes no infectados.

Agradecimientos. Este trabajo fue realizado gracias al apoyo y financiación de Colciencias (código de proyecto 110177758491)

..... ✕

F14 - Detección de *Leishmaniavirus* en muestras clínicas

M. Parra-Muñoz¹, S. Aponte¹, C. Ovalle-Bracho², J. Soto³, C. Saavedra⁴, M. C. Echeverry-Gaitán^{1*}

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

² Hospital Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta E.S.E., Bogotá, D.C., Colombia

³ FUNDERMA, Fundación Nacional de Dermatología, Santa Cruz de la Sierra, Bolivia

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

* mcecheverryg@unal.edu.co

Introducción. La leishmaniasis tegumentaria es una enfermedad de gran impacto en el país. La progresión de la forma cutánea a la forma mucosa y la falla terapéutica a los antimoniales, son las complicaciones más relevantes. Estas son de origen multifactorial y se cree que la presencia de *Leishmanivirus* (LRV) en el parásito infectivo, es un factor de riesgo. Sin embargo, la evidencia epidemiológica que sustenta este factor es inconsistente. Esta inconsistencia puede obedecer a factores técnicos asociados al método de detección, ya que previamente hemos evidenciado que la muestra confiable para la detección del LRV es la biopsia en fresco, pues en el cultivo se puede dar una selección negativa de los parásitos infectados con LRV.

Objetivo. Por lo anterior, el presente estudio pretende establecer un algoritmo de detección viral.

Métodos. Se trata de un estudio experimental con muestras clínicas. Se confirmó infección por *Leishmania* spp. por qPCR de 18S. Se compararon dos qPCR amplificando diferentes segmentos del genoma viral. Como control positivo, se usó la cepa de referencia de MHOM/BR/75/M4147 y tejido de hámster inoculado con la misma. Las muestras y controles evaluados correspondieron a aislamientos, biopsias (en fresco y en parafina) y tomadas con hisopo. Los cuadros clínicos correspondían a: leishmaniasis cutánea (n=9), leishmaniasis mucosa (n=7) y falla terapéutica a los antimoniales (n=7).

Resultados. Se construyó un algoritmo de detección para LRV. La eficiencia de la reacción de las 2 qPCR fue equivalente; se seleccionó la qPCR en cuya región de acoplamiento de los iniciadores estuviera más conservada. La biopsia en fresco se mantiene como la muestra idónea para el análisis. La presencia del virus se confirmó en 8 de las 23 muestras analizadas.

Conclusiones. La detección de LRV se debe hacer mediante la implementación de un algoritmo diagnóstico. Se comprobó la presencia del virus en las diferentes formas clínicas y en muestras con origen geográfico diverso.

..... ✕

F15 - Prevalencia de *Leishmanivirus* en cepas clínicas de *Leishmania (V.) panamensis* circulantes en Colombia

Mónica Oviedo¹, Mariana Rosales-Chilama^{1,2}, Lina Alzate¹,
María Adelaida Gómez^{1,2}

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas,
Cali, Colombia

² Universidad Icesi, Cali, Colombia

Antecedentes. La especie de *Leishmania* influye en el tipo y gravedad de las manifestaciones clínicas. Se ha reportado que los síntomas se exacerban y algunas lesiones resurgen, durante las infecciones con poblaciones de *Leishmania* spp. que portan el virus de ARN, LVR. Dicho virus se ha

encontrado en especies como *L. (V.) guyanensis*, *L. (V.) braziliensis*, *L. (L.) aethiopica* y *L. (L.) major*; sin embargo, se desconoce la prevalencia de LVR en *L. (V.) panamensis*.

Objetivo. Determinar la presencia de LVR en cepas de *L. (V.) panamensis* circulantes en Colombia.

Métodos. Se evaluaron 74 cepas clínicas del Biobanco del Cideim, el 65 % fueron *L. (V.) panamensis*, 30 % *L. (V.) braziliensis* y 5 % *L. (V.) guyanensis*. Las cepas de *L. (V.) braziliensis* provinieron de Guaviare, Guanía, Meta, Caquetá, Valle del Cauca, Putumayo y Cauca; las de *L. (V.) guyanensis* y *L. (V.) panamensis*, del Valle del Cauca, Nariño, Cauca, Antioquia, Chocó, Risaralda y Putumayo. Como controles, se utilizaron *L. (V.) panamensis* MHOM/COL/03/3594 (LRV-) y *L. (V.) guyanensis* WHI/BR/78/M5313 (LRV+). El ARN total se extrajo de promastigotes en fase logarítmica, y se hizo la síntesis de ADNc con High Capacity cDNA Reverse Transcription Kit. La amplificación del virus LRV, se realizó por qRT-PCR usando SybrGreen PCR Master Mix, con los cebadores: 5'-GCC TGG ATG AGG AGT TCA ACA-3' y 5'-GTG CTC CTT CAT CTC GGG-3' y β -tubulina como normalizador y control de calidad de la muestra.

Resultados. El virus LRV se detectó en el 36 % (5/14) de las cepas de *L. (V.) braziliensis*, y no se detectó en ninguna de las cepas evaluadas de *L. (V.) guyanensis* y *L. (V.) panamensis*. Las cepas de *L. (V.) braziliensis* positivas para LRV provinieron de los departamentos de Guaviare, Guainía, Meta y Caquetá.

Conclusiones. Se detectó LRV en cepas de *L. (V.) braziliensis*, lo que confirma lo reportado por otros autores en esta especie. En *L. (V.) panamensis*, se sugiere continuar la búsqueda en un número mayor de cepas con amplia distribución geográfica, para confirmar la negatividad para LRV.

..... ✕

F16 - Inmunidad entrenada en la infección por *Leishmania (Viannia)*: un mecanismo potencial de inmunopatogénesis en la enfermedad cutánea humana

Lina Giraldo-Parra, Adriana Navas, María Adelaida Gómez
Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali,
Colombia
Universidad Icesi, Cali, Colombia

Introducción. Los macrófagos son la principal célula huésped de *Leishmania* spp. y desempeñan un papel central en el inicio de la reacción inmunológica para la eliminación del parásito. El comprender los mecanismos inmunológicos que ocurren en el macrófago y que llevan a orquestar el desarrollo de la inmunopatogénesis de la enfermedad, es crucial para determinar su contribución en el desenlace clínico y la identificación de blancos terapéuticos que puedan intervenir.

Objetivo. Explorar el papel de la memoria innata como un mecanismo involucrado en la reacción inflamatoria, característica de la leishmaniasis cutánea.

Metodología. Para evaluar si la infección *in vitro* con *L. panamensis* induce memoria innata, se aislaron monocitos a partir de células mononucleares de sangre periférica (PBMC) de donantes sanos (n=5) y pacientes con leishmaniasis cutánea (n=3) y se sembraron 1×10^5 células por pozo en placas de 96 pozos y se estimularon en presencia o no de promastigotes de *L. (V.) panamensis* durante 24 horas. Las células se dejaron en descanso durante cinco días y se estimularon nuevamente con 10 ng/ml de lipopolisacárido durante 24 horas. Los sobrenadantes se cosecharon para la medición de citocinas mediante ELISA.

Resultados. La infección *in vitro* con *L. (V.) panamensis* indujo en los monocitos de donantes sanos un fenotipo de memoria inmunitaria, caracterizado por la disminución de la secreción de IL-10 ($p < 0,05$) y la producción no significativa de TNF- α , tras la nueva estimulación con lipopolisacárido, en comparación con los monocitos no infectados. Además, los monocitos de pacientes con leishmaniasis cutánea producen bajos niveles de TNF- α e IL10, lo cual sugiere una tolerancia a un subsecuente estímulo secundario.

Conclusión. Estos resultados evidencian que el efecto iniciador (*priming*) de *Leishmania* spp. *in vitro* e *in vivo* genera un cambio en la reacción de los monocitos. La disminución de la secreción de IL-10 podría estar relacionada con una reacción inflamatoria no regulada frente a infecciones secundarias inespecíficas.

..... ✕

F17 - Modulación diferencial de la activación del neutrófilo en la infección con cepas clínicas de *L. (V.) panamensis* con tolerancia al antimonio

O. L. Fernandez^{1,2}, L. G. Ramírez^{1,2}, F. Tacchini-Cottier³, N. G. Saravia^{1,2}

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

² Universidad Icesi, Cali, Colombia

³ Department of Biochemistry, WHO Immunology Research and Training Center, University of Lausanne, Epalinges, Switzerland

Introducción. La información emergente revela que la reacción innata del huésped puede contribuir en la respuesta a los medicamentos antimicrobianos. En estudios recientes, se ha demostrado que los parásitos de *Leishmania* spp. seleccionados *in vitro* por la tolerancia al antimonio de meglumina, inducen mayor activación de los neutrófilos; no obstante, se desconoce si el efecto se extiende a las cepas clínicas.

Objetivo. Evaluar la influencia de la tolerancia de cepas clínicas de *L. (V.) panamensis* al antimonio de meglumina en la reacción inflamatoria del neutrófilo.

Métodos. Se infectaron neutrófilos obtenidos de donantes sanos (n=3) con cepas clínicas sensibles (n=5) y con tolerancia intrínseca al antimonio de meglumina (n=5). Las células infectadas se expusieron a una concentración próxima al C_{max} del antimonio de meglumina (32 $\mu\text{g/ml}$). El perfil de activación de los neutrófilos se evaluó mediante la expresión de los marcadores de activación (CD66b, CD18 y CD62L) por citometría de flujo, la medición de las especies reactivas de oxígeno por luminometría y la formación de trampas extracelulares de neutrófilos cuantificada por fluorescencia. Estos parámetros se analizaron con relación al fenotipo de sensibilidad del parásito.

Resultados. Los parásitos con tolerancia intrínseca al antimonio de meglumina, indujeron una producción de especies reactivas de oxígeno significativamente mayor en comparación con las cepas clínicas sensibles, tanto en presencia de antimonio de meglumina ($p=0,0278$) como en su ausencia ($p=0,0332$). La expresión de marcadores de activación en la superficie del neutrófilo y la liberación de trampas extracelulares de neutrófilos, no mostraron diferencias significativas entre las cepas clínicas sensibles y las tolerantes bajo las condiciones evaluadas. Sin embargo, la exposición al antimonio de meglumina redujo significativamente la formación de trampas extracelulares de neutrófilos ($p=0,0156$), independientemente del fenotipo de sensibilidad del parásito.

Conclusiones. Estos resultados demuestran que la activación del neutrófilo es modulada de forma diferencial por las cepas clínicas de *L. (V.) panamensis* con tolerancia intrínseca al antimonio de meglumina y por la exposición *ex vivo* al fármaco.

..... ✕

F18 - Respuesta parasitológica al antimonio de meglumina en las lesiones cutáneas de pacientes con leishmaniasis

Mariana Rosales-Chilama, Jimena Jojoa, Olga Fernández, María Adelaida Gómez, Nancy Gore Saravia

Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

Universidad Icesi, Cali, Colombia

Introducción. Se ha demostrado disminución de la carga de parásitos en las lesiones de la leishmaniasis cutánea al final del tratamiento. Sin embargo, al completar el tratamiento, la medición de la reducción de parásitos mediante la cuantificación del ADNc en muestras de la lesión no es posible, en algunos casos, por la cicatrización

de la lesión o por cargas parasitarias por debajo del límite de detección del método usado.

Objetivo. Comparar dos métodos no invasivos para la obtención de las muestras, con el fin de superar estas limitaciones, mediante la evaluación de la reacción parasitológica en las lesiones cutáneas a los ocho días de iniciar el tratamiento con antimonio de meglumina.

Métodos. Las muestras se obtuvieron con hisopos y papel filtro Whatman FTA™ de lesiones ulceradas de 10 pacientes con leishmaniasis cutánea, antes de iniciar el tratamiento y ocho días después. El ARN total fue extraído y se sintetizó el ADNc. La carga parasitaria se cuantificó mediante la amplificación del gen *7SLRNA*. Los resultados se expresaron como el número de parásitos por cada 1.000 células del huésped o con relación al gen constitutivo *PPIB*.

Resultados. La respuesta parasitológica pudo evidenciarse en el 100 % de las muestras tomadas con hisopo y en el 90 % de las tomadas con FTA. A los ocho días de tratamiento, la reducción de la carga parasitaria fue muy acentuada ($p < 0,005$), oscilando entre el 75 y el 100 % con el hisopo, y entre el 98 y el 100 % con FTA. No se detectaron parásitos después de iniciado el tratamiento en 30 % de las muestras con FTA y en 20 % de las muestras de hisopó.

Conclusión. La carga de parásitos en las lesiones de pacientes con leishmaniasis disminuye tempranamente, después de iniciar tratamiento con antimonio de meglumina. La obtención de muestras de la lesión con hisopo logró mayor sensibilidad y facilita la toma y el manejo de la muestra.

..... X

F19 - El inflamosoma dependiente de AIM2 modula la respuesta proinflamatoria y farmacológica de macrófagos humanos tras la infección con *Leishmania panamensis*

Deninson Alejandro Vargas^{1,3}, Miguel Paredes², Óscar Perales², María Adelaida Gómez^{1,3}

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

² Yale University, School of Public Health, New Haven, CO, USA

³ Universidad ICESI, Cali, Colombia

Antecedentes. La inmunopatogénesis de la leishmaniasis cutánea se ha asociado con la respuesta proinflamatoria mediada por citocinas como IL-1 β y TNF- α . El inflamosoma media la división celular (*cleavage*) de pro-IL-1 β y su activación depende de sensores como AIM-2 y NLRP-3. El AIM-2 reconoce el ADN de *Leishmania* spp. en el citoplasma de la célula huésped y su expresión aumentada está relacionada con la gravedad de las lesiones mucocutáneas y la falla terapéutica.

Objetivo. Explorar el efecto de la activación del inflamosoma dependiente de AIM2 en el control de la infección y la reacción proinflamatoria de los macrófagos humanos infectados con *Leishmania panamensis* durante la exposición a fármacos anti-*Leishmania*.

Metodología. Se silenciaron monocitos THP1 empleando shRNA dirigidos a AIM2 y ASC (adaptador de inflamosomas). Las células silenciadas se diferenciaron a macrófagos y se infectaron con *L. panamensis* durante 24 horas y, luego, se expusieron a antimonio (8 μ g/ml) o meltifosina (16 μ M), durante 48 horas. La carga parasitaria y la expresión de IL-1 β y TNF- α se evaluaron por RT-qPCR y, la secreción de citocinas, por ELISA.

Resultados. Los macrófagos silenciados para AIM2 y ASC, tuvieron una disminución en la secreción de las citocinas IL-1 β y TNF- α , respecto a las células control; no obstante, su carga parasitaria fue similar tras 72 horas de infección. En presencia de los fármacos anti-*Leishmania*, las células control presentaron una reducción significativa de la carga parasitaria, diferente a lo observado con el antimonio en células silenciadas para AIM2 y ASC, el cual no tuvo un efecto significativo en la carga parasitaria.

Conclusiones. La inhibición del inflamosoma no tuvo efecto en la carga parasitaria a pesar de la reducción en la expresión de citocinas proinflamatorias, como IL-1 β y TNF- α . No obstante, su silenciamiento interfirió con el efecto terapéutico del antimonio, evidenciando la dependencia de este de la reacción inmunológica del huésped o para ejercer un efecto leishmanicida.

..... X

F20 - Predicción computacional de interactomas parásito-huésped revelan puntos en común y especificidades relacionadas con el estilo de vida y el tropismo de los parásitos.

Yesid Cuesta-Astroz^{1,2}, Alberto Santos³, Guilherme Oliveira⁴, Lars J. Jensen³

¹ Instituto René Rachou, Fundação Oswaldo Cruz, Belo Horizonte, Brasil

² Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Universidad CES, Medellín, Colombia

³ Novo Nordisk Foundation Center for Protein Research, Faculty of Health and Medical Sciences, University of Copenhagen, Copenhagen, Denmark

⁴ Environmental Genomics, Instituto Tecnológico Vale, Belém, Brasil

El estudio de las interacciones moleculares entre el parásito y el huésped son esenciales para entender las infecciones parasitarias y su adaptación dentro del huésped. Igualmente, la prevención y el tratamiento de las enfermedades infecciosas requieren una clara comprensión de las comunicaciones celulares entre los parásitos y sus huéspedes. Sin embargo, la identificación

experimental a gran escala de las interacciones moleculares entre el parásito y el huésped sigue siendo un desafío, y el uso de predicciones computacionales se hace, entonces, necesario.

En este trabajo, se propone un enfoque computacional integrador para predecir redes de interacciones entre proteínas a partir de 15 parásitos humanos. Este método se basa en la ortología con el fin de transferir interacciones intraespecie obtenidas a partir de la base de datos STRING, a sus correspondientes pares de proteínas interespecies homólogas en el sistema parásito-huésped. Nuestro enfoque utiliza las proteínas de membrana y secretadas predichas para los parásitos o solo las secretadas, dependiendo de si el parásito es unicelular o multicelular, respectivamente, con el fin de reducir el número de predicciones falsas.

Por otro lado, se filtró el proteoma del huésped humano en busca de proteínas expresadas en localizaciones celulares seleccionadas y tejidos asociados con el tropismo de los parásitos. Las redes predichas se evaluaron por medio del análisis de los procesos biológicos y las rutas metabólicas enriquecidas en las proteínas diana en el huésped humano, y su asociación con mecanismos parasitarios de invasión o evasión. Las redes entre proteínas se compararon entre los diferentes parásitos para identificar mecanismos comunes que puedan establecer un posible sello patogénico global.

Como estudio de caso, nos centramos en un análisis detallado del interactoma humano -*Schistosoma mansoni*, con el fin de detectar proteínas centrales que tengan papeles relevantes en la red de interacción, y en la identificación de las interacciones específicas de tejido y esenciales en el ciclo de vida del parásito. Las redes predichas se pueden visualizar y descargar en: <http://orthohpi.jensenlab.org>.

..... ✘

F21 - Reacción cruzada entre secuencias de un péptido de la proteína KMP-11 de *Trypanosoma cruzi*

Juan Diego Zuluaga¹, Fanny Guzmán², Lucy Gabriela Delgado³, Adriana Cuéllar⁴, Concepción J. Puerta⁵, John M. González¹

¹ Grupo de Ciencias Básicas Médicas, Facultad de Medicina, Universidad de los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

² Núcleo de Biotecnología de Curauma, Universidad Católica de Valparaíso, Chile

³ Grupo de Investigación en Inmunotoxicología, Facultad de Farmacia, Universidad Nacional, Bogotá, D.C., Colombia

⁴ Grupo de Inmunobiología y Biología Celular, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia

⁵ Laboratorio de Parasitología Molecular, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La proteína de membrana del cinetoplasto o KMP-11 de *Trypanosoma cruzi* se expresa en todas las formas del ciclo de vida y es reconocida por el suero de pacientes con enfermedad de Chagas. El KMP-11 presenta un péptido denominado TcTLE (TLEEFSAKL) en la región

N-terminal. Los anticuerpos policlonales contra este péptido reconocen el parásito e inhiben la infección de las células.

Objetivo. Determinar si existe reacción cruzada entre los anticuerpos producidos contra la secuencia original (TcTLE) y dos variantes del péptido descritas, con el fin de estudiar la especificidad humoral contra dicho péptido.

Materiales y métodos. Se analizó la secuencia original descrita en *T. cruzi* y dos variantes descritas en especies de *Leishmania*. Usando péptidos sintéticos que representan las tres secuencias (TcTLE, TcY y TcYA), se practicó la ELISA con un anticuerpo monoclonal y sueros policlonales de conejos producidos contra TcTLE. También, se utilizó la inmunofluorescencia indirecta (IFI) con el parásito fijado y, la citometría, con el parásito vivo, usando epimastigotes de *T. cruzi* (TcTLE), promastigotes de *L. amazonensis* (TcY) y promastigotes de *L. panamensis* (TcYA).

Resultados. Mediante ELISA, se encontró que tanto el anticuerpo monoclonal como los sueros producidos contra TcTLE, reaccionaron contra el péptido TcY y hubo poca reacción con el péptido TcYA. En la IFI, el anticuerpo monoclonal no reconoció parásitos fijados. Por citometría de flujo, se encontró que el anticuerpo monoclonal reconoce los epimastigotes de *T. cruzi* y no presentó reacción frente a los promastigotes de *L. panamensis* o *L. amazonensis*.

Conclusiones. Aunque hay reconocimiento del péptido TcY sintético por parte de los anticuerpos anti-TcTLE, los parásitos que expresan las variantes de los péptidos en la proteína KMP-11 no son reconocidos *in vivo*. Esto sugiere que no habría reacción cruzada. Así que es la variante TcYA la que se encuentra en los miembros del complejo *Viannia*, principales causantes de la leishmaniasis en Suramérica.

..... ✘

F22 - Evaluación de las citocinas IL-1 β , TNF- α e IL-10 como posibles moléculas biomarcadoras predictoras de sepsis en pacientes hospitalizados

Linda María Chams, Yeila Marcela Espitia, Mariam Kris Manga, Lisy Gracia, Agustina Noble, María Fernanda Yasnot

Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba, Programa de Bacteriología, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

Introducción. La sepsis es la principal causa de morbimortalidad de los pacientes que ingresan a la unidad de cuidados intensivos. Es una condición muy compleja, tanto en su definición como en su fisiopatología, que genera alto costo en la atención médica y presenta dificultades en el diagnóstico, lo cual hace necesario la identificación e implementación de biomarcadores específicos, sensibles y eficaces, que ayuden a determinar el estado séptico y el pronóstico del paciente.

Objetivo. El propósito de este estudio fue la búsqueda de biomarcadores predictores de sepsis, determinando la concentración plasmática de las citocinas IL-1, TNF y IL-10 en pacientes atendidos en un hospital de tercer nivel de Montería.

Metodología. Se incluyeron todos los pacientes que ingresaron a la unidad de cuidados intensivos de la E.S.E Hospital San Jerónimo de Montería, clasificándolos en pacientes con sepsis y sin ella. Finalmente, se incluyeron 20 pacientes con sepsis y 20 sin sepsis. Los datos se analizaron con estadística descriptiva y, para la comparación de grupos, se usó el *software* GraphPad Prism, versión 6, usando la prueba U de Mann-Whitney.

Resultados. Entre los pacientes con sepsis, predominó el sexo femenino. De los pacientes con sepsis, 15 (75 %) fallecieron y solo 5 (25 %) fueron dados de alta de la unidad de cuidados intensivos. La concentración plasmática de IL-10 se encontró aumentada en los pacientes sépticos, comparada con la de los no sépticos ($p=0,013$). Se encontró más elevada en los pacientes con un foco pulmonar (91,17 pg/ml), el cual fue, en este estudio, el principal foco generador de la sepsis (95 %). También, mostró importancia como posible molécula predictora de mortalidad en los pacientes con sepsis, mientras que la IL-1 y el TNF no mostraron ningún significado clínico en este estudio.

Conclusión. La IL-10 sugiere ser un marcador de mal pronóstico en pacientes con sepsis y puede ser usado para predecir la evolución clínica del paciente.

..... ✕

F23 - Remodelado de transcripción durante la metacicloogénesis de *Trypanosoma cruzi*

Lissa Cruz-Saavedra, Juan David Ramírez-González
Grupo de Investigaciones Microbiológicas, Universidad del Rosario,
Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La metacicloogénesis se considera uno de los procesos más importantes en el ciclo de vida de *Trypanosoma cruzi*, en la cual los epimastigotes no infectivos se transforman en tripomastigotes metacíclicos infectivos. Se sabe que el estrés nutricional es el principal estímulo desencadenante en este proceso; sin embargo, el conjunto de cambios presentes a nivel transcriptómico no han sido completamente esclarecidos.

Métodos. Se construyó una curva de metacicloogénesis a partir de un cultivo inicial de epimastigotes en medio LIT (*Liver Infusion Trytose*) durante diez días. Se calculó el día de inicio de la metacicloogénesis y se efectuó una extracción de ARN durante ese día; además, con el fin de evaluar los cambios en la expresión durante la metacicloogénesis, se incluyó ARN de epimastigotes como control. El ARN se

secuenció por medio del HiSeq X Ten Sequencing System™ de Illumina. La calidad de las lecturas se evaluó mediante el *software* fastQC. Las lecturas se alinearon mediante TopHat, utilizando el genoma de referencia de Silvio X10. El mapeo y análisis de los genes diferencialmente expresados se hizo en Cufflinks y, la reconstrucción de las vías de señalización, en KAAS.

Resultados. Se observó una diferencia en la expresión génica entre los epimastigotes y los tripomastigotes metacíclicos; los epimastigotes mostraban más genes sobrerregulados y, los tripomastigotes, una mayor cantidad de genes subregulados. Las vías que fueron más subreguladas durante la metacicloogénesis estuvieron relacionadas con procesos metabólicos, como la glucólisis y la fosforilación oxidativa, y además, con el ciclo de vida; asimismo, fueron las más sobrerreguladas con proteínas ribosómicas, el ciclo del citrato, la autofagia, la endocitosis y procesos reguladores de la longevidad.

Conclusiones. Según los resultados obtenidos, durante la regulación génica en la metacicloogénesis en *T. cruzi*, existe una disminución en los procesos relacionados con el metabolismo del parásito y un aumento en los genes involucrados en procesos específicos como la autofagia.

..... ✕

F24 - Prevalencia de la malaria aviar *Haemoproteus* y *Plasmodium* (Apicomplexa, Haemosporidia) por infección de hemoparásitos en aves silvestres en el departamento de Arauca, Colombia

Johnathan Álvarez-Londoño¹, Marelid Cardona-Romero¹, Fredy A. Rivera-Páez¹, Gabriel J. Castaño-Villa², Jorge E. Pérez-Cárdenas³

¹ Grupo de Investigación GEBIOME, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

² Grupo de Investigación GEBIOME, Departamento de Desarrollo Rural y Recursos Naturales, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

³ Grupo de Investigación Biosalud, Departamento de Ciencias Básicas para la Salud, Facultad de Ciencias para la Salud, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

Antecedentes. Los hemoparásitos son un grupo diverso y ampliamente distribuido en el mundo. Son importantes para el estudio de la biología de las aves, al tratarse de indicadores de cambios en la condición física, y los patrones reproductivos y del comportamiento. La malaria aviar es una de las enfermedades más comunes y extendidas en el mundo, causada por la infección por protozoos de los géneros *Plasmodium* y *Haemoproteus*. Sus efectos tienden a ser leves y no patógenos en los huéspedes; sin embargo, las infecciones con parasitemia alta pueden afectar negativamente la supervivencia de las aves, así como su éxito reproductivo y condición corporal.

Objetivo. Determinar la prevalencia de infección por hemoparásitos del género *Haemoproteus* y *Plasmodium* en huéspedes aviares del departamento de Arauca.

Métodos. Las aves silvestres se capturaron con redes de niebla en los municipios de Tame y Arauca, entre los años 2018 y 2019. Las aves capturadas se identificaron y, posteriormente, se les tomó muestra de sangre por punción de la vena braquial. Se realizaron frotis sanguíneos y se conservaron muestras de sangre para la obtención de ADN de los hemoparásitos. Para la identificación de hemoparásitos, las muestras de sangre fueron analizadas por microscopía de luz y amplificación por PCR de un fragmento del gen citocromo *b*.

Resultados. Se examinaron 181 aves, pertenecientes a 68 especies de 24 familias. Las familias de aves con las prevalencias más altas de *Haemoproteus* fueron Emberizidae, Thraupidae y Vireonidae, y de *Plasmodium*, fueron las familias de aves Turdidae, Vireonidae y Parulidae.

Conclusiones. Se hace un acercamiento al conocimiento sobre la relación entre hemoparásitos de la malaria y aves silvestres del departamento de Arauca. Además, se aporta información sobre la propensión de las familias de aves a la infección por hemoparásitos de la malaria.

Financiamiento. Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e Innovación, COLCIENCIAS, Proyecto “El papel de las aves y pequeños mamíferos silvestres en la circulación de garrapatas y rickettsias en el Departamento de Arauca (Orinoquía Colombiana)” código: 11277758193 y contrato N° 858.

..... ✕

F25 - Evaluación de IP10 y angiopoyetina 2 como moléculas pronósticas en pacientes con malaria complicada por *Plasmodium vivax*

María Fernanda Yasnot¹, Gladys González¹, William Hoyos¹, Carmiña Vásquez², María Camila Velasco¹, Gustavo Quintero¹

¹ Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba, Programa de Bacteriología, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

² E. S. E. Hospital San Jerónimo de Montería, Montería, Colombia

Antecedentes. La malaria es una enfermedad compleja con muchos determinantes genéticos y ambientales que influyen en la reacción a la infección, la progresión y la gravedad de la misma enfermedad. La reacción inflamatoria generada por la infección induce la liberación de citocinas, las cuales conducen a *daño tisular y favorecen la activación de macrófagos con el fin de eliminar los parásitos circulantes*. La asociación entre la malaria complicada no cerebral, los niveles de citocinas y los factores angiogénicos, tales como CXCL10 y ANG-2, se ha estudiado poco.

Objetivo. Evaluar la concentración plasmática de CXCL10 y ANG-2 en pacientes infectados con malaria por *P. vivax*.

Métodos. Se seleccionaron 32 pacientes que tenían malaria con algún criterio de complicación, según el Instituto Nacional de Salud, y un grupo de 50 pacientes con malaria sin criterios de complicación. Los niveles plasmáticos de las moléculas CXCL10 y ANG-2 se determinaron mediante ELISA de captura. La confirmación de especie de *Plasmodium* se hizo por PCR convencional.

Resultados. El 87,5 % de los pacientes presentó anemia, el 97,0 %, trombocitopenia, el 24,3 %, falla respiratoria, y el 3,12 %, falla renal. El 100 % de los pacientes presentó manifestaciones clínicas como cefalea, fiebre y escalofríos; además, en menor porcentaje, presentaron náuseas, dolor abdominal y vómito. Las moléculas CXCL10 y ANG-2 presentaron mayor concentración plasmática en el grupo de pacientes con malaria con algún criterio de complicación, comparados con el grupo con malaria no complicada (CXCL10: $p < 0,0001$ y ANG-2: $p < 0,0001$). No se encontró correlación significativa entre las moléculas estudiadas con la hemoglobina (CXCL10: $r = 0,014$ y ANG-2: $r = -0,44$), recuento de plaquetas (CXCL10: $r = -0,29$ y ANG-2: $r = 0,04$), parasitemia (CXCL10: $r = 0,36$ y ANG-2: $r = 0,55$), dificultad respiratoria (CXCL10: $r = 0,069$ y ANG-2: $r = 0,008$).

Conclusión. Los resultados sugieren que estas moléculas son potenciales biomarcadores para el pronóstico de la malaria complicada en pacientes con *P. vivax*.

..... ✕

F26 - Papel de PKR en la infección por *Leishmania panamensis*

Janny Villa-Pulgarín^{1,2}, Faustino Mollinedo¹

¹ Instituto de Biología Molecular y Celular del Cáncer, Centro de Investigación del Cáncer, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Universidad de Salamanca, España

² Grupo de Investigaciones Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Corporación Universitaria Remington, Medellín, Colombia

Introducción. Las cinasas proteicas son fundamentales en la regulación de las actividades celulares. En los últimos tiempos, se ha observado que la expresión desregulada de proteínas cinasas promueve el éxito de las infecciones intracelulares. En el caso de *Leishmania amazonensis*, el parásito fosforila la cinasa proteína R (PKR), que desacopla el NF- κ B, inhibiendo la sintasa del óxido nítrico, que es vital para la eliminación del parásito.

Objetivo. Evaluar el papel de la PKR en la regulación de la infección por parásitos de *Leishmania panamensis*.

Materiales y métodos. Se utilizaron macrófagos de ratón J774 y la cepa *L. panamensis*. Se evaluó el papel de las vías apoptóticas y autofágicas en la infección por

Leishmania spp. Como exploración de nuevas alternativas terapéuticas, se trataron macrófagos infectados con *L. panamensis* con edelfosina en combinación con un inhibidor de autofagia y un inhibidor de la PKR.

Resultados. Los macrófagos infectados con *L. panamensis* son resistentes a la inducción de apoptosis y activan procesos autofágicos. Además, la inhibición de los procesos autofágicos disminuye el índice de infección. Por otro lado, la infección con *L. panamensis* induce la fosforilación de la PKR y su principal sustrato, el F2 α , pocas horas después de la infección. Cuando se inhibe la capacidad de los macrófagos de fosforilar PKR, se observa disminución de la proliferación intracelular del parásito. Además, tanto la inhibición de la autofagia como la de la fosforilación de la PKR antes de la infección, potencian la actividad de la edelfosina.

Conclusiones. *Leishmania panamensis* inhibe la apoptosis del macrófago, por medio de la inducción de autofagia por la vía de la activación de la PKR. La inducción de autofagia y la activación de la PKR facilitan la infección por *L. panamensis*. El inhibidor de autofagia y el inhibidor de la PKR potencian la acción anti-*Leishmania* de la edelfosina contra amastigotes intracelulares, lo cual sugiere la posibilidad de un tratamiento combinado para la leishmaniasis.

..... ✕

F27 - Estimación de la carga parasitaria y viabilidad de *Leishmania* spp. en personal militar colombiano con leishmaniasis cutánea: seguimiento y pronóstico de la enfermedad

Julie Pérez¹, Camilo A. Correa-Cárdenas¹, Yanira Romero¹, Juan David Ramírez², Luz H. Patiño², María Clara Duque¹, Omaira Rodríguez¹, María Teresa Alvarado¹, Omar Cantillo¹, Claudia Cruz¹, Claudia P. Méndez¹

¹ Laboratorio de Referencia e Investigación, Dirección de Sanidad del Ejército, Bogotá, D.C., Colombia

² Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. El Ejército Nacional de Colombia se expone continuamente a contraer leishmaniasis, dadas las operaciones militares en áreas endémicas.

Los objetivos del estudio fueron: cuantificar la carga y viabilidad parasitaria de *Leishmania* spp. en pacientes con diagnóstico de leishmaniasis cutánea, con el fin de vigilar la efectividad al tratamiento y su relación con otros datos clínico-epidemiológicos, y estimar la diversidad genética y la estructura poblacional de *Leishmania* spp.

Métodos. Se recolectaron muestras de frotis, biopsia y sangre periférica de 139 pacientes, antes, durante y después del tratamiento farmacológico. Se extrajo ADN y ARN, y se continuó con la amplificación del *ADNk* por qPCR y

del *7SLRNA* mediante RT-qPCR. Se practicaron pruebas no paramétricas, junto con análisis de los componentes principales para determinar las relaciones entre cargas parasitarias, viabilidad, edad, evolución de la enfermedad, número de lesiones, área interna y externa de las lesiones, tipo de tratamiento, especie infectiva, seguimiento del tratamiento y resolución según el criterio médico. Se estimaron la diversidad genética y la estructura poblacional con los índices F_{ST}/Φ_{ST} , según los marcadores *HSP70* y *MPI*.

Resultados. Se cuantificó la carga parasitaria mayor de 10.000 parásitos por 10⁶ células humanas, en frotis o en biopsia, y de 1,0 parásitos por 10⁶ células mononucleares de sangre periférica, en el 16,54 % de los pacientes al finalizar el tratamiento. Se encontraron diferencias significativas entre las cargas parasitarias de frotis o biopsia de acuerdo con el seguimiento del tratamiento ($p=0,000$). Se encontró una correlación negativa ($r=0,560$; $p=0,005$) para las cargas parasitarias al finalizar el tratamiento de muestras por frotis o biopsia versus células mononucleares de sangre periférica. Los análisis de los componentes principales explicaron la varianza de los datos entre especie, tratamiento, seguimiento y resolución médica ($KMO=0,604$ y $c^2=83,023$). Se logró identificar las especies infectivas en el 74,8 % de las muestras. La de mayor abundancia relativa fue *L. braziliensis* (67,31 %), seguida de *L. panamensis* (32,7 %) con una gran diversidad genética ($\pi>3,0$ %, $h>0,8$) y estructural ($F_{ST}/\Phi_{ST}>0,25$) para ambas especies.

Conclusiones. Se demuestra la eficacia de los tratamientos, con disminución significativa en la carga y viabilidad parasitaria por medio del seguimiento. Se sugiere hacer una advertencia y seguimiento a los pacientes con carga y viabilidad parasitaria en sangre al finalizar el tratamiento, puesto que podrían presentar leishmaniasis mucocutánea en el futuro.

..... ✕

F28 - Mamíferos silvestres involucrados en la circulación de *Rickettsia* spp. en el departamento de Arauca (Orinoquia colombiana)

Daniela Velásquez-Guarín¹, Ingrith Yuliani Mejía-Fontecha¹, Juan David Carvajal-Agudelo¹, Fredy A. Rivera-Páez¹, Jorge Enrique Pérez Cárdenas², Héctor E. Ramírez-Chaves³

¹ Grupo de Investigación GEBIOME, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

² Grupo de investigación BIOSALUD, Departamento de Ciencias Básicas para la Salud, Facultad de Ciencias para la Salud, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

³ Grupo de Investigación GEBIOME, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales; Museo de Historia Natural, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia

Introducción. El género *Rickettsia* abarca bacterias que suelen utilizar a mamíferos como reservorios y huéspedes amplificadores, para perpetuar su transmisión a vectores

hematófagos como las garrapatas. En Colombia, existen pocos registros de la presencia de mamíferos silvestres reservorios de la bacteria, incluso en zonas consideradas endémicas para rickettsias, como la Orinoquia colombiana.

Métodos. Se hicieron capturas de mamíferos silvestres en noviembre de 2018, y marzo y julio de 2019, en los municipios de Tame y Arauca del departamento de Arauca. Para las capturas se usaron redes de niebla, trampas Sherman y Tomahawk, y la recolección manual. Se tomaron muestras de sangre y suero sanguíneo para detectar anticuerpos IgG por inmunofluorescencia indirecta (IFI) contra *Rickettsia amblyommii*. También, se amplificaron genes específicos para la detección molecular de *Rickettsia*.

Resultados. Se capturaron 451 individuos: 399 murciélagos, 37 roedores y 15 marsupiales. De las 165 muestras procesadas, 63,15 % (n=19) de los roedores (11 de *Proechimys*, 7 de *Hydrochaeris hydrochaeris* y una de *Dasyprocta fuliginosa*) y 4,8 % (n=146) de los quirópteros (3 de *Noctilio albiventris* y una de *Saccopteryx bilineata*, *Phyllostomus discolor*, *Eumops glaucinus* y *Molossus molossus*, respectivamente) fueron seropositivos. Además, se detectó molecularmente *Rickettsia* spp. en 3 de 4 *Didelphis marsupialis*. Aunque las pruebas de detección molecular y la ausencia de ectoparásitos vectores de *Rickettsia* spp. conocidos en murciélagos no contrastan con los resultados positivos de la IFI, es probable que la presencia de anticuerpos se deba a especies de *Rickettsia* generalistas o a la transmisión por ectoparásitos secundarios infrecuentes y desconocidos.

Conclusiones. Los roedores fueron los huéspedes más comunes con presencia de *Rickettsia* spp. en vida silvestre. Sin embargo, se requiere de análisis adicionales y de la evaluación de la muestra completa, para determinar esta tendencia.

Financiamiento. Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e Innovación, COLCIENCIAS, Proyecto “El papel de las aves y pequeños mamíferos silvestres en la circulación de garrapatas y rickettsias en el Departamento de Arauca (Orinoquia Colombiana)” código: 112777758193 y contrato N° 858 de 2017.

F30 - Estudio de la variabilidad intraespecífica del gen de la fosfomanomutasa en *Leishmania (V.) braziliensis* y su correlación con la capacidad infecciosa

Ángel Alberto Flórez-Muñoz¹, María Auxiliadora Dea-Ayuela², Francisco Bolás-Fernández³

¹ Facultad de Ciencias Exactas, Naturales y Agropecuarias, Universidad de Santander, Bucaramanga, Colombia

² Departamento de Farmacia, Universidad CEU-Cardenal Herrera, Valencia, España

³ Departamento de Microbiología y Parasitología, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España

Introducción. Las leishmaniasis son un grupo de enfermedades producidas por protozoos del género *Leishmania* transmitidos al hombre por la picadura de *Lutzomyia* spp. Estos parásitos sintetizan glucoconjugados ricos en manosa; en su activación está implicada la enzima fosfomanomutasa (PMM), estrechamente relacionada con una mayor capacidad de virulencia y supervivencia.

El objetivo del estudio fue determinar la variabilidad intraespecífica del gen de la fosfomanomutasa en *Leishmania (V.) braziliensis* y su correlación con la capacidad infecciosa.

Métodos. Los laboratorios INLASA y UMSA de La Paz, Bolivia, aportaron las cepas del parásito. Se efectuaron infecciones *in vitro* de macrófagos; posteriormente, se realizó la reacción en cadena de la polimerasa con análisis de fragmentos por enzimas de restricción (PCR-RFLP) para la PMM, y análisis bioinformático de los productos de secuenciación con los programas BioEdit™ y MEGA5™. Se construyeron árboles filogenéticos con la prueba UPGMA y se llevó a cabo una correlación simple de las variables bajo estudio.

Resultados. Se observó que las cepas INL (522, 11 y 413) presentaban promedios totales de infección más altos (superior a 700 amastigotes); las cepas L presentaron promedios totales de infección más bajos (0 a 400 amastigotes). Por otra parte, el marcador molecular (PMM) empleado no permitió demostrar variabilidad intraespecífica de las cepas INL, si que existiera correlación entre una mayor capacidad de virulencia, y los perfiles electroforéticos y la distribución filogenética de la enzima PMM en la prueba UPGMA. Por el contrario, las cepas L, presentaron variabilidad intraespecífica, pero no estuvo asociada con mayor capacidad de infección.

Conclusión. Las cepas INL presentaron mayor capacidad de infección, pero no asociada a la variabilidad intraespecífica. Se deben llevar a cabo trabajos con mayor número de especies de *Leishmania* y enzimas de restricción de la PMM que nos permitan determinar variabilidad intraespecífica del parásito y su correlación con la capacidad infecciosa.

..... ✕

G - CONSTRUYENDO CAPACIDADES

G2 - Estimación de la carga oculta de la leishmaniasis cutánea y efectividad de los tratamientos estándar: una experiencia de integración intersectorial para la investigación

María del Mar Castro^{1,2}, Shirley Botero³, Nora Vásquez³, Alexandra Cossio^{1,2}, Milena Bautista^{1,2}, Clara Ocampo^{1,2}, Neal Alexander^{1,2}

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

² Universidad Icesi, Cali, Colombia

³ Programa de Enfermedades Transmitidas por Vectores, Secretaría de Salud Departamental, Pereira, Colombia

Introducción. Múltiples barreras de acceso al diagnóstico han limitado la medición de la carga real de leishmaniasis en Colombia y el mundo. La efectividad de los fármacos anti-*Leishmania* también es poco conocida debido a los retos que implica el seguimiento del tratamiento. Se presenta la experiencia de integración entre las instituciones de salud pública, las Instituciones Prestadoras de Salud (IPS), la comunidad y los investigadores, para desarrollar la investigación sobre leishmaniasis en Pueblo Rico, Risaralda.

Objetivos. Los tres objetivos de este estudio fueron: estimar el subregistro y la baja detección de leishmaniasis, identificar las veredas en riesgo mediante modelos de nicho de vectores y mapeo predictivo del riesgo, y estimar la efectividad del tratamiento anti-*Leishmania* con la participación de los líderes de la comunidad.

Metodología. Para la implementación del proyecto, se recolectaron los datos epidemiológicos (Sivigila, RIPS), entomológicos, clínicos y del seguimiento del tratamiento de los pacientes. Se identificaron las partes interesadas mediante el análisis del contexto, y se han articulado las capacidades de diversos sectores y disciplinas del conocimiento.

Resultados. Actores de diferentes sectores reconocen la leishmaniasis como un problema, lo cual fue un factor facilitador. Se establecieron los roles y las sinergias entre los actores, considerando los objetivos del proyecto. La colaboración de la Secretaría Departamental de Salud y el conocimiento del personal de campo, permitieron priorizar las áreas identificadas en el modelo de nicho y muestreo de vectores. El conocimiento de la dirección local de salud guió la selección del sitio de enrolamiento y seguimiento clínico. La participación de los líderes de las etnias indígena y afrodescendiente y de los profesores de escuelas, ha permitido desarrollar una estrategia de vigilancia comunitaria. La articulación entre los sectores contribuye a superar las barreras geográficas y administrativas identificadas.

Conclusiones. La integración intersectorial ofrece una plataforma para la ejecución de los proyectos de investigación complejos en las áreas rurales, que den respuesta a las necesidades percibidas en salud.

..... X

G3 - Análisis retrospectivo de la relación entre los índices aédicos tradicionales en la determinación del riesgo de la transmisión del dengue en Medellín, Colombia

Marcela Quimbayo¹, Celeny Ortiz¹, Raúl A. Rojo², Enrique A. Henao², Patricia Fuya³, Guillermo L. Rúa-Urbe¹

¹ Grupo de Entomología Médica, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Programa de Salud Ambiental, Secretaría de Salud de Medellín, Colombia

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

Introducción. El dengue es la enfermedad viral de transmisión vectorial de mayor importancia en salud pública, cuyo principal vector es *Aedes aegypti*. La Organización Mundial de la Salud y el Ministerio de Salud y Protección Social de Colombia, recomiendan la vigilancia entomológica mediante el levantamiento de índices, con el fin de apoyar la toma de decisiones. Sin embargo, tales índices no siempre se asocian con la dinámica de la enfermedad.

Objetivo. Evaluar la relación entre los índices aédicos tradicionales y la determinación del riesgo de transmisión de dengue en Medellín para el período 2010-2016.

Métodos. El estudio se realizó en Medellín, donde la transmisión de la enfermedad presentó una fuerte fluctuación temporal entre 2010 y 2016. Esto permitió distribuir la incidencia en años endémicos (2011, 2012), epidémicos (2013, 2014, 2015) e hiperepidémicos (2010, 2016). Para cada año, se calculó trimestralmente el riesgo entomológico empleando los índices de Breteau, de depósito y de vivienda. La información epidemiológica fue obtenida del Sivigila, mientras que los resultados de los índices entomológicos fueron suministrados por la Secretaría de Salud de Medellín.

Resultados. Se observó que los diferentes indicadores entomológicos fluctuaron dentro y entre los años. Sin embargo, no se detectó relación entre los índices entomológicos y la dinámica de la transmisión del dengue. Tanto para los años endémicos y epidémicos como para los hiperepidémicos de dengue en Medellín, los diferentes indicadores entomológicos no representaron adecuadamente el nivel de riesgo de la enfermedad.

Conclusiones. La falta de concordancia entre los índices aéricos tradicionales y el riesgo epidemiológico, debería llevar a reconsiderar el empleo de los actuales indicadores entomológicos en la dinámica de la transmisión del dengue. Se sugiere evaluar la utilidad del índice de la densidad de los mosquitos adultos y la vigilancia entomoviológica.

..... ✕

G4 - Identificación de brechas en la investigación de los contactos de los pacientes con tuberculosis mediante la evaluación sistemática de los datos del programa de control de tuberculosis de Cali

Gustavo Díaz¹, Beatriz E. Ferro², Ángela M. Victoria², Yessenia Niño³, Lucy Luna³, Lucian Davis⁴

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

² Universidad Icesi, Cali, Colombia

³ Secretaría de Salud Pública Municipal, Programa de Micobacterias, Cali, Colombia

⁴ Yale University, New Haven, CO, USA

Introducción. Se estima que de 3 a 5 % de los contactos domiciliarios de los pacientes con tuberculosis pulmonar tienen la enfermedad activa. La investigación de los contactos puede reducir sustancialmente la transmisión de la tuberculosis, al incrementar el diagnóstico, el tratamiento y la prevención. En Cali, la detección de los casos nuevos mediante la investigación de los contactos es de menos del 1 %.

Objetivo. Se analizaron datos programáticos para determinar la efectividad del proceso de investigación de contactos durante 2017 en Cali.

Métodos. Se construyó una cascada del proceso de investigación de los contactos, estableciendo: la proporción de pacientes elegibles para la visita domiciliaria; la proporción de pacientes elegibles visitados; la proporción de contactos con alto riesgo de tener tuberculosis (con VIH, menores de 5 y mayores de 60 años, diabéticos o con tos productiva de 15 o más días); la proporción de contactos en alto riesgo que completaron la evaluación clínica, microbiológica o ambas, y la proporción de contactos de alto riesgo sin tuberculosis activa que iniciaron el tratamiento profiláctico. Se desarrolló un análisis bivariado buscando los factores asociados con la visita recibida y la evaluación desarrollada sobre la tuberculosis.

Resultados. Del total de pacientes diagnosticados en 2017, 68 % (759/1.120) fueron elegibles para la visita domiciliaria; de estos, se visitó el 80 %. El 60 % de los pacientes elegibles que no recibieron visita pertenecía a seguros privados. Existió una relación significativa entre el sexo del paciente y el recibir la visita domiciliaria ($p=0,017$). La efectividad del proceso fue de 45 % (277/609), definida por los contactos remitidos que completaron la evaluación

para tuberculosis. La detección de nuevos casos fue de 0,3 % (5/1.897). La remisión falló en casi el 70 % de los contactos de alto riesgo menores de 5 o mayores de 60 años de edad. Solo el 28 % (67/236) de los contactos con tos productiva tuvieron evaluación microbiológica.

Conclusiones. La principal brecha del proceso está entre la remisión de los contactos de alto riesgo de tuberculosis y su asistencia efectiva al centro médico para la evaluación clínica o microbiológica. Es prioritario establecer una estrategia de diagnóstico apoyada en el hogar para los contactos de alto riesgo.

..... ✕

G5 - Superando las barreras en la intervención 'búsqueda y eliminación de sitios de cría del vector de dengue' mediante la investigación de la implementación

Diana Lucumí-Aragón^{1,2}, Leany Congote¹, Lina M. Zuluaga³, Román A. Martínez³, Maribel Gómez¹, Raúl Alberto Rojo⁴, Guillermo L. Rúa-Uribe¹

¹ Grupo de Entomología Médica, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Grupo de Epidemiología, Facultad Nacional de Salud Pública, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³ Grupo de Malaria, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁴ Programa de Vectores y Zoonosis, Secretaría de Salud, municipio de Medellín, Colombia

Introducción. Medellín es una de las ciudades con mayor transmisión de dengue en Colombia. Para mitigar esta situación, se realizan actividades de prevención y control, como la búsqueda y eliminación de los sitios de cría del vector. Sin embargo, este tipo de intervenciones pueden verse limitadas por barreras en su implementación que afectan los resultados esperados. Para ello, se ha propuesto el desarrollo de estrategias basadas en la investigación de la implementación, siguiendo la metodología del TDR/OMS.

Objetivo. El presente estudio, con apoyo del programa TDR/OMS y la Secretaría de Salud de Medellín, tuvo como propósito identificar las barreras en la implementación de la búsqueda y eliminación de los sitios de cría del vector y evaluar mediante una prueba piloto una estrategia social para superarlas.

Métodos. En la fase I (2018), mediante un estudio anidado de métodos mixtos, se identificaron las barreras para la búsqueda y eliminación de los sitios de cría del vector. En la fase II (2019), está en desarrollo una estrategia social que integra los componentes de educación, comunicación y movilización, y se evaluará mediante una prueba piloto el efecto de esta estrategia en la reducción del número de los sitios de cría del vector empleando un diseño cuasiexperimental.

Resultados preliminares. La principal barrera en la búsqueda y eliminación de los sitios de cría del vector fue no adoptar las recomendaciones de la intervención. En la fase II, se ha formulado de manera intersectorial una estrategia de implementación integrada para superar la anterior barrera y, en la actualidad, se ha realizado la selección de contenidos, formulación metodológica y divulgación a diferentes actores.

Conclusiones. Se identificó que el no adoptar las recomendaciones dadas durante la intervención con la búsqueda y la eliminación de los sitios de cría del vector fue la principal barrera en su éxito. La vinculación de la comunidad en la resolución de sus problemas es una acción efectiva para alcanzar estos objetivos. Por lo tanto, la investigación de la implementación con la participación de la comunidad ayudaría a superar las barreras de la búsqueda y la eliminación de los sitios de cría del vector.

..... ✕

G7 - Desarrollo de material educativo para el diagnóstico, el tratamiento y la prevención de la leishmaniasis cutánea, estrategia de innovación social en salud

Alexandra Cossio^{1,2}, Diana María Castro-Arroyave^{1,2}, María del Mar Castro-Noriega^{1,2}, Záider Gloria Triviño³

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

² Universidad Icesi, Cali, Colombia

³ Universidad del Valle, Cali, Colombia

Introducción. La educación para la salud es un componente fundamental en la salud pública. Implica generar procesos participativos, promover el empoderamiento de las comunidades y potenciar el papel de los líderes en la apropiación social del conocimiento. Partiendo de una necesidad sentida por los líderes comunitarios en salud de Tumaco, y en colaboración con ellos, se elaboró un material educativo sobre la leishmaniasis para facilitar la interlocución entre los pacientes, las comunidades y los servicios.

Metodología. El trabajo se fundamentó en los principios de la investigación participativa basada en la comunidad. El proceso incluyó: identificación de las necesidades de conocimiento y experiencias mediante un grupo focal, definición de los contenidos y personajes gráficos, escritura de la primera versión del material, validación de los contenidos para establecer la versión final y proceso de apropiación social del conocimiento.

Resultados. El material incluyó cinco tópicos: definición de la leishmaniasis, diagnóstico, tratamiento, prevención y rol de los líderes en salud. Se diseñaron actividades pedagógicas para potenciar el aprendizaje significativo. Los personajes, ilustraciones, contenidos, claridad

conceptual y actividades pedagógicas fueron calificados por los líderes, con un puntaje de 4/5 o 5/5 (n=10). Los aspectos positivos identificados fueron: lenguaje y diseño adecuados al contexto, y los personajes representan una comunidad participativa que reconoce el rol de los líderes. Las actividades pedagógicas enseñan y motivan. Partiendo de las recomendaciones de los líderes, se representó en las ilustraciones la diversidad étnica, y a las mujeres embarazadas y personas en situación de discapacidad. Se inició el proceso de apropiación social del conocimiento con los líderes, y se avanza en el proceso en las entidades educativas y de salud.

Conclusión. La articulación entre la comunidad, los profesionales de la salud y las ciencias sociales, facilitó la construcción del "Manual educativo para el diagnóstico, tratamiento y prevención de la leishmaniasis cutánea". Este material constituye una herramienta para reducir la leishmaniasis en las comunidades, siempre y cuando se dé lugar a los principios de la apropiación social de conocimiento.

..... ✕

G8 - Protocolo de investigación: observancia de la 'Guía de atención al paciente con dengue' por parte del personal médico y de enfermería en San Cristóbal, estado Táchira, Venezuela, 2019

Laura Cárdenas, Emmanuel Nieto, Diana Rubio

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

Introducción. En 2018, Venezuela reportó 14.166 casos de dengue, con tasas de incidencia entre 6 y 192 por 100.000 habitantes. En el estado Táchira, fronterizo con Colombia, se reportó una incidencia de 124,89 por 100.000 en el 2016, complejidad de condiciones en la atención médica y ausencia de evidencias sobre la efectividad de la estrategia de gestión integrada para la prevención y el control del dengue, implementada en Venezuela en 2014, la cual cuenta con seis componentes y la atención al paciente es uno de los principales. Los países de la región han evidenciado que existen factores asociados que limitan la observancia de la 'Guía de atención al paciente con dengue'. Estos estudios han demostrado que, si se implementa adecuadamente la estrategia, se reducirá el impacto económico, las complicaciones y la mortalidad que genera esta enfermedad.

Objetivo. Evaluar la observancia de la guía de atención al paciente con dengue, por parte del personal médico y de enfermería de las instituciones públicas de salud de San Cristóbal, estado Táchira, Venezuela.

Metodología. Se realizará un estudio de caso, utilizando metodología mixta de tipo convergente y paralelo, que consta de dos componentes, uno cuantitativo y otro cualitativo. En

el cuantitativo, se estimó la muestra por medio de muestreo aleatorio estratificado (n=207) entre el personal médico y de enfermería donde se medirán los conocimientos.

El grado de observancia de la guía se determinará con una lista de chequeo de las historias clínicas de todos los casos de dengue del año 2018; se analizará la variable dependiente (observancia: sí o no) en función de las variables independientes, y se estimará la razón de momios (OR), realizando un modelo de regresión logística para observar el efecto de cada una de las variables sobre la variable dependiente. En el cualitativo, se crearán grupos focales con personal médico y de enfermería, para identificar las barreras y los facilitadores de la observancia de la guía. Finalmente, se procederá a la triangulación de los resultados.

Resultados. En el estudio base, con la revisión de los reportes epidemiológicos, para el año 2018 en el estado Táchira, se reportaron 312 casos de dengue, 157 casos en San Cristóbal (0,4 casos por 1.000 habitantes), y el grupo etario más afectado fue el de 5 a 15 años. Se gestionó la aceptabilidad de las entidades de salud para participar en el estudio.

Se espera mejorar la implementación de la guía para minimizar las complicaciones del dengue y los gastos innecesarios en el sector salud.

Plan temporal del proyecto: octubre de 2018 a julio de 2020.

..... X

G11 - El video como herramienta didáctica de apoyo para el estudio de un caso clínico en ciencias de la salud

Bayron D. Osorio, Luis Reinel Vásquez, Josefina Castro, Harold J. Bolaños, Jairo S. Vásquez-López, Víctor H. Campo, Iván C. González, Iván G. Martínez-Mariaca

Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

Introducción. En el proceso de formación profesional en ciencias de la salud, el aprendizaje basado en la discusión de caso es una metodología que fomenta la participación de la comunidad académica, que se ve fortalecida con el uso del video de casos clínicos relevantes para su apropiación.

Objetivo. Generar una herramienta audiovisual que facilite al estudiante, el aprendizaje del cuadro clínico y tratamiento de la leishmaniasis cutánea, mediante el abordaje y la discusión de un caso clínico, desde diferentes áreas del conocimiento de las ciencias de la salud.

Métodos. Se realizó la producción y grabación de un video relativo al caso clínico de un paciente con leishmaniasis

cutánea, diagnosticado en la Universidad del Cauca, acompañándolo con la participación de expertos de diferentes áreas y estudiantes de semestres posteriores. A fin de desarrollar una prueba piloto, el video fue presentado con material complementario a los estudiantes de las asignaturas de Microbiología y Parasitología del programa de Medicina en una plataforma electrónica. Se hizo una evaluación escrita antes y después de la presentación del caso clínico que fue calificada de forma numérica.

Resultados. La primera evaluación demostró una media numérica de 1,84, pero esta mejoró a 4,18 después de presentar y discutir el caso clínico en el salón de clase. Los estudiantes de Medicina acogieron bien este tipo de actividad.

Conclusiones. Las características de formato y contenido del video realizado posibilitan su almacenamiento en repositorios digitales de fácil acceso y su uso como estrategia de aprendizaje en la formación de profesionales en ciencias de la salud. Como trabajo futuro, se plantea la producción y grabación de videos educativos de casos clínicos relevantes de aquellas enfermedades más prevalentes de la región suroccidental de Colombia.

..... X

G12 - Diseño *in silico* de péptidos inhibidores de la interacción proteína-proteína dirigidos contra el dominio III de la envoltura del virus del dengue 2

Delia Piedad Recalde-Reyes, Carlos Andrés Rodríguez-Salazar, Jhon Carlos Castaño-Osorio

Grupo de Inmunología Molecular, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

Introducción. El dengue es una enfermedad endémica que afecta a 50 millones de personas al año, causada por el virus del dengue (DENV). La infección por este virus está mediada por la interacción entre la proteína E del virus y los receptores celulares. **Objetivo.** Diseñar *in silico* péptidos inhibidores de la interacción proteína-proteína dirigidos contra el dominio III de la envoltura del virus dengue 2.

Metodología. Se diseñaron *in silico* modelos de interacción entre el dominio III de la envoltura del virus del dengue 2 y los receptores celulares CD44, CD206 y CD209, empleando el servidor Cluspro 2.0 (<https://cluspro.bu.edu/login.php>). Con estos modelos, se buscaron péptidos inhibidores de la interacción proteína-proteína empleando Rosetta Online-Server (<http://rosie.rosettacommons.org/peptiderive>).

Resultados. Se obtuvieron tres modelos de interacción entre CD44, CD206 y CD209 (códigos PDB 1UUH, 1DQG, 2XR6) y de envoltura del virus del dengue 2 (PDB:2JSF).

Los modelos obtenidos fueron subidos al servidor Rosetta Online (<https://rosie.graylab.jhu.edu/peptiderive>) para

obtener los péptidos inhibidores de la interacción proteína-proteína, a los que se les determinaron las características fisicoquímicas teóricas.

Los péptidos inhibidores de la interacción proteína-proteína diseñados reconocen la región de la envoltura de los cuatro serotipos del DENV, en la región de lisinas 291 a 295, residuos que, según Watterson, *et al.*, 2011, Zaneti, *et al.*, 2019, y Mohd Isa, *et al.*, 2019, se encuentran muy conservados, no solamente en el dengue, sino en todos los flavivirus.

Conclusión. Después de realizar el proceso *in silico* de este estudio, se obtuvieron cuatro péptidos inhibidores de la interacción proteína-proteína (dos derivados del receptor CD44, uno del receptor CD206 y uno del receptor CD209) con características fisicoquímicas teóricas que permiten que se consideren candidatos para ser evaluados *in vitro*.

..... X

G13 - Desarrollo e implementación de un dispositivo térmico para el tratamiento de la leishmaniasis cutánea

Néstor J. Yanes, Heysell S. Sarmiento, Ademir A. Caballero

Introducción. Honduras es uno de los países de América endémico para la leishmaniasis, donde la forma cutánea representa el 99,3 % de las formas clínicas. La Organización Mundial de la Salud (OMS) recomienda el uso de tratamientos locales alternativos al tratamiento sistémico. La termoterapia presenta ventajas sobre los antimonios como el menor número de efectos adversos y contraindicaciones, y su bajo costo.

Objetivo. Desarrollar y demostrar la eficacia de un dispositivo térmico exclusivo para el tratamiento de la leishmaniasis cutánea.

Metodología. Consta de un electrodo monopolar adherido a una base aislante que estará conectado por un cable eléctrico a su base. La base estará conformada por un módulo de control de temperatura y un temporizador digital previamente programado a 50 °C exactos y 30 segundos por cada ejecución, respectivamente. El abastecimiento de energía consistirá en dos baterías de 3,7 voltios, recargables mediante un panel solar de 26 x 26 mm y 6 voltios o un cargador eléctrico convencional, incorporados en la base del dispositivo.

La búsqueda de la muestra se realizará en el municipio de Langue, departamento de Valle, y el muestreo será de tipo aleatorio simple. El diagnóstico se obtendrá por frotis y tinción con Giemsa, mediante observación microscópica. Las lesiones positivas serán sometidas a tres sesiones de tratamiento con termoterapia, con intervalos de una semana, utilizando el dispositivo térmico diseñado a una temperatura de 50 °C y por un tiempo de 30 segundos,

según las normas de la OMS. Los pacientes tendrán seguimiento y evaluación durante tres meses hasta obtener el porcentaje final de pacientes curados.

Comentario. Actualmente, este proyecto se encuentra avanzado en el 70 % y se espera que para octubre se habrá cumplido en el 100 %.

El estudio es financiado por el Instituto Hondureño de Ciencia y Tecnología de la Innovación (IHCIETI).

..... X

G14 - Uso de las tecnologías de información y comunicaciones para la formación de posgrado en investigación biomédica y en salud

Alejandra Chamorro, Andrés Jaramillo, Nancy Saravia

Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

Introducción. El número y la diversidad de los programas de posgrados en ciencias biomédicas y salud, han crecido en respuesta a las necesidades del país. Con el fin de articular las fortalezas y perspectivas de estos programas con los avances científicos globales, el Cideim implementó el uso de las tecnologías de información y comunicaciones para hacer cursos electivos de posgrado con base en la web.

Esta estrategia permitió compartir el conocimiento y la experiencia de los investigadores nacionales e internacionales, expertos en la temática de los cursos, en una dinámica interinstitucional.

Ante la necesidad sentida de conocimiento bioestadístico entre el personal de salud, se desarrolló el curso a distancia “Estadística aplicada a la investigación biomédica”, ofrecido semestralmente.

Objetivo. Estas iniciativas fueron emprendidas para fomentar la investigación y la formación de posgrado en salud en Colombia y la región, con alcance al estado del conocimiento global.

Métodos. Se hizo un análisis descriptivo de la formación de posgrado facilitada por las tecnologías de información y comunicaciones. Las variables incluyeron el número y la formación académica de los participantes por institución, la forma de participación (electivo acreditado o asistente) y las instituciones y programas de posgrado. Los cursos se han dictado desde el 2007 en colaboración con Yale University y las universidades nacionales y con el apoyo del *Fogarty International Center* de los *National Institutes of Health*. El análisis del alcance del curso de bioestadística a distancia incluyó participantes registrados desde el 2010.

Resultados. Desde el 2007, han participado 1.317 estudiantes, profesores e investigadores de 85 instituciones de 20 ciudades de Colombia y los países vecinos. Cuarenta

y cuatro programas de posgrado nacionales y regionales registraron los cursos electivos. El curso a distancia en bioestadística ha sido tomado por 454 profesionales de 228 instituciones nacionales e internacionales. Los participantes institucionales incluyeron universidades, institutos de investigación, secretarías de salud pública y centros hospitalarios.

Conclusión. Las tecnologías de información y comunicaciones permitieron ampliar la oferta de cursos entre las instituciones dispersas geográficamente, incrementar la participación y conformar una red interinstitucional para fortalecer la investigación biomédica en Colombia y en la región.

..... ✕

G15 - Ácidos nucleicos de muestras almacenadas en biobancos: parámetros de calidad para uso en investigación biomédica

Viviana Giraldo^{1,2}, Mariana Rosales-Chilama^{1,2}, Mónica Oviedo¹, María Adelaida Gómez^{1,2}, Olga Fernández^{1,2}

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

² Universidad Icesi, Cali, Colombia

Introducción. El almacenamiento masivo de muestras biológicas plantea retos técnicos y logísticos complejos, siendo la preservación de la calidad del material un parámetro crítico para su utilización. La degradación de las muestras de ADN y ARN es un problema recurrente, que está potenciado por factores como las bajas concentraciones de la muestra y las fluctuaciones de las temperaturas de almacenamiento.

Objetivo. Determinar la calidad del ADN humano y de parásitos *Leishmania*, criopreservados durante la última década en el biobanco del Cideim.

Métodos. La calidad de los ácidos nucleicos criopreservados en el biobanco del Cideim fue evaluada en una muestra representativa de 59 alícuotas de ADN (parásito y humano) y 39 muestras de ARN y ADN obtenidos de botones de parásitos almacenados entre el 2007 y el 2018. Se implementaron cuatro parámetros para determinar la calidad de los ácidos nucleicos: pureza, cantidad, integridad en gel de agarosa y funcionalidad mediante PCR de pequeños (β -tubulina y GAPDH) y medianos (kADN y CCL2) fragmentos. Se construyó una matriz de datos y se definió un sistema de puntuación para cada parámetro.

Resultados. El 37 % (36/98) de las muestras presentó puntajes altos de pureza. El 65 % (64/98) de las muestras obtuvo puntajes altos en concentración, 39 % (38/98) en integridad y, de 86 % (84/98) y 32 % (19/59), una funcionalidad positiva con pequeños y

medianos fragmentos, respectivamente. El análisis de los procedimientos demostró que el método de obtención de los ácidos nucleicos y la forma como se preparó el botón de células, afectan la concentración, la pureza y la integridad del material biológico.

Conclusión. Los resultados obtenidos permiten establecer niveles mínimos de pureza, cantidad e integridad de los ácidos nucleicos antes de su almacenamiento, para garantizar su funcionalidad en un tiempo no mayor de ocho años.

..... ✕

G16 - Uso de *design thinking* para crear estrategias intersectoriales para la salud en Colombia

María Isabel Echavarría^{1,3}, Pilar Moreno-Azcárate², Juan Manuel Salamanca², Juan Carlos Jiménez²

¹ Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

² Departamento de Diseño, Facultad de Ingeniería, Universidad Icesi, Cali, Colombia

³ Universidad Icesi, Cali, Colombia

Introducción. Los pacientes con leishmaniasis cutánea que habitan en las zonas rurales en Colombia, enfrentan barreras geográficas, económicas y acceso limitado a los servicios de salud para recibir el diagnóstico y el tratamiento de esta enfermedad. Esto constituye un problema complejo que requiere esfuerzos intersectoriales para su resolución.

Objetivo. Con el fin de promover espacios de comunicación y trabajo colaborativo intersectorial para formular soluciones innovadoras para el manejo de la leishmaniasis cutánea en las zonas rurales dispersas, el Cideim –apoyado por el TDR (Programa Especial de Investigación y Entrenamiento en Enfermedades Tropicales, cofinanciado por UNICEF, UNDP, el Banco Mundial y la OMS), y el Departamento de Diseño de la Universidad Icesi– llevó a cabo la iniciativa de integración intersectorial para la investigación en salud.

Metodología. Usando la metodología de pensamiento de diseño (*design thinking*) que propone un proceso creativo centrado en el usuario como mecanismo para resolver problemas complejos, en este encuentro se propuso, durante dos días, el uso de métodos de diseño para guiar a 17 actores clave provenientes de seis ciudades y diversos sectores, a formular soluciones a este problema de salud. Se consideraron aspectos como viabilidad, factibilidad y ‘deseabilidad’ desde la perspectiva del paciente.

Resultados. En el taller se creó una oportunidad de diálogo y articulación de intereses, capacidades y saberes, que condujo a la construcción colectiva y consensuada de ‘sistemas de solución’. Entre los resultados, se destaca la

propuesta de situar el tratamiento oral como primera línea de elección para el manejo de la leishmaniasis cutánea, mediante una red de líderes comunitarios entrenados en el diagnóstico, el tratamiento y su respectivo seguimiento, en dos comunidades rurales del Pacífico colombiano, como estrategia para construir evidencia y persuadir a los tomadores de decisiones.

Conclusiones. El utilizar la metodología de diseño como herramienta para fomentar la colaboración intersectorial en salud, representa una oportunidad valiosa para ampliar perspectivas y crear soluciones prácticas y concertadas para los problemas complejos.

..... X

G17 - Acciones y producciones en innovación social en salud en Latinoamérica: panorama general a partir de una investigación documental

Luisa Fernanda Duque-Paz^{1,2}, Diana María Castro-Arroyave²

¹ Universidad Icesi, Cali, Colombia

² Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

Antecedentes. Reconocer el contexto de la salud en Latinoamérica es complejo. En la región, el acceso a la prestación de los servicios de salud y su calidad suelen asociarse con condiciones de pobreza e inequidad social de los diferentes países; por lo tanto, es importante recolectar evidencia sobre los enfoques alternativos y sostenibles.

Objetivo. Suplir la necesidad de comprender las acciones y producciones en innovación social en salud, que fundamenten las propuestas de intervención e

investigación en beneficio de la salud de la región.

Método. Para identificar los desarrollos teórico-metodológicos de la innovación social en salud entre 2013 y 2018, se llevó a cabo una investigación documental o revisión sistemática con enfoque mixto y un proceso de análisis reflexivo de lectura intratextual e intertextual de 80 textos seleccionados por su pertinencia teórico-metodológica. Se analizaron las ideas de los autores y los usos de la innovación social en salud, en tres momentos metodológicos: búsqueda de material documental con criterios de búsqueda definidos, clasificación y selección del material, y análisis cuantitativo y cualitativo de la información. Se contó con instrumentos de registro previamente diseñados.

Resultados. Regionalmente, se identificó que el abordaje de la salud trasciende el enfoque de la prevención y la curación de la enfermedad, obteniéndose un enfoque de promoción mediante soluciones integrales que articulan diversos actores en la búsqueda de solución a problemas de salud. La innovación social promueve la interculturalidad, la participación y el empoderamiento comunitario, permitiendo a las comunidades asumir corresponsabilidad en el manejo de las enfermedades transmitidas por vectores, otras enfermedades y, en general, en la búsqueda del bienestar colectivo. La innovación social en salud en Latinoamérica adopta estrategias educativas, identifica factores de riesgo, optimiza recursos, potencia la intersectorialidad e interdisciplinariedad, convirtiéndose, para las instituciones públicas y privadas, en una oportunidad para mejorar la prestación de servicios y reducir las inequidades sociales en salud.

..... X