

Revista

Actualidades Biológicas



Vol. 45

Memorias

ISSN 0304-3584 ISSNe 2145-7166

Suplemento 1, 2023

Instituto de Biología



VIII

Reunión Colombiana
Leishmaniasis y enfermedad
de Chagas



UNIVERSIDAD
DE ANTIOQUIA

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

VIII REUNIÓN COLOMBIANA DE LEISHMANIASIS Y ENFERMEDAD DE CHAGAS

EDITORA

Ana María Mejía Jaramillo

DIAGRAMADOR

Santiago Moreno González

CORRECTORES DE ESTILO

Jeiczon Elim Jaimes Dueñez

Grupo de Investigación en Ciencias Animales, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia Bucaramanga, Colombia

Marisol Tique Oviedo

Grupo de Investigación en Ciencias Animales, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia Bucaramanga, Colombia

William Fernando Chaparro Pico

Grupo de Inmunología y Epidemiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

Nathalia Andrea Bueno Ariza

Grupo de Inmunología y Epidemiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

COMITÉ CIENTÍFICO

Jeiczon Elim Jaimes Dueñez - Universidad Cooperativa de Colombia

Carlos Muskus - Universidad de Antioquia

Sara María Robledo - Universidad de Antioquia

Omar Cantillo Barraza - Universidad de Antioquia

Luis Eduardo Echeverría Correa - Fundación Cardiovascular de Colombia

Lyda Zoraya Rojas Sánchez - Fundación Cardiovascular de Colombia

Paula Katherine Bautista Niño - Fundación Cardiovascular de Colombia

Norma Cecilia Serrano Díaz - Fundación Cardiovascular de Colombia

Sergio Alejandro Gómez Ochoa - Fundación Cardiovascular de Colombia

Diana Isabel Cáceres Rivera - Universidad Cooperativa de Colombia

María Adelaida Gomez - Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas

Claudia Magaly Sandoval Ramírez - Universidad de Santander

Jonny Edward Duque Luna - Universidad Industrial de Santander

Daniel Alfonso Urrea Montes - Universidad del Tolima

COMITÉ EVALUADOR

Luis Eduardo Echeverría Correa - Fundación Cardiovascular de Colombia

Lyda Zoraya Rojas Sánchez - Fundación Cardiovascular de Colombia

Paula Katherine Bautista Niño - Fundación Cardiovascular de Colombia

Norma Cecilia Serrano Díaz - Fundación Cardiovascular de Colombia

Sergio Alejandro Gómez Ochoa - Fundación Cardiovascular de Colombia

Jeiczon Elim Jaimes Dueñez - Universidad Cooperativa de Colombia, sede Bucaramanga

Gabriel Parra Henao - Universidad Cooperativa de Colombia, sede Santa Marta

Diana Isabel Cáceres Rivera - Universidad Cooperativa de Colombia, sede Bucaramanga

Yuly Andrea Caicedo Blanco - Universidad Cooperativa de Colombia, sede Bucaramanga

María V. Esteban Mendoza - Universidad Cooperativa de Colombia, sede Bucaramanga

Katherine Rincón Romero - Universidad Cooperativa de Colombia, sede Bucaramanga

María Adelaida Gomez - Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas

Claudia Magaly Sandoval Ramírez - Universidad de Santander

Jonny Edward Duque Luna - Universidad Industrial de Santander

Adriana Castillo Castañeda - Universidad del Rosario

Carolina Hernández - Universidad del Rosario

Daniel Alfonso Urrea Montes - Universidad del Tolima

Camila González Rosas - Universidad de Los Andes

Omar Cantillo Barraza - Universidad de Antioquia

Lissa Briceida Cruz Saavedra - Universidad del Rosario

Carlos Muskus - Universidad de Antioquia

Andrés Velez Mira - Universidad de Antioquia

ORGANIZADORES



VIGILADA MINEDUCACIÓN



PATROCINADORES ORO



PATROCINADORES PLATA





RESÚMENES CONFERENCIAS MAGISTRALES

VIII Reunión Colombiana
Leishmaniasis y enfermedad
de Chagas



**UNIVERSIDAD
DE ANTIOQUIA**

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

¿Cómo hacer diagnóstico o sospechar de una cardiomiopatía chagásica, si no tengo una prueba diagnóstica de infección por *T. cruzi* disponible?

Luis E. Echeverría¹, Angie Yarlady Serrano-García¹, Lyda Z. Rojas¹, Sergio Alejandro Gómez-Ochoa¹

¹ Heart Failure and Transplant Clinic, Fundación Cardiovascular de Colombia, Floridablanca, Colombia

*Presentador: luisedo10@gmail.com

La enfermedad de Chagas (EC) causada por el parásito *Trypanosoma cruzi* representa un problema de salud pública a nivel mundial. Aproximadamente el 30% de los pacientes progresan a Cardiomiopatía Chagásica Crónica (CCC), forma clínica con alta carga de morbimortalidad caracterizada por insuficiencia cardíaca, eventos arritmogénicos y tromboembólicos. Existe un subdiagnóstico de la forma clínica producto de la baja sospecha y la disponibilidad limitada de pruebas serológicas. Actualmente, el diagnóstico requiere al menos dos pruebas serológicas distintas lo que aún hace más complejo la identificación de la cardiopatía. Características clínicas, electrocardiográficas e imagenológicas clásicas de la enfermedad pueden ayudar a construir una probabilidad pre-test sólida para la sospecha clínica antes de las pruebas serológicas. El objetivo de esta ponencia es describir un score predictivo y novedoso para el diagnóstico de la CCC basado en datos sociodemográficos, epidemiológicos, clínicos y ecocardiográficos. Estudio de casos y controles. Se incluyeron de manera consecutiva todos los pacientes adultos con diagnóstico de insuficiencia cardíaca (IC) y fracción de eyección reducida atendidos en el Centro de Excelencia de Falla y Trasplante Cardíaco de la Fundación Cardiovascular de Colombia. Se dividió la muestra en dos grupos: pacientes con diagnóstico confirmado de CCC y aquellos con diagnóstico de IC de otras etiologías (hipertensiva, valvular e isquémica). Posteriormente, se utilizaron modelos de regresión logística multivariados para identificar el mejor modelo basado en diferentes criterios. Un total de 326 pacientes (127 con CCC y 199 con IC por otras etiologías). No hubo diferencias significativas en cuanto la edad, severidad de la IC y niveles de NT-proBNP entre los grupos. Seis variables fueron predictoras independientes del diagnóstico CCC: ser mujer, identificación del vector, haber vivido en una casa potencialmente infestada por el vector, tener un familiar de primer grado con diagnóstico de Chagas, presencia de bloqueo de rama derecha y hemibloqueo anterosuperior izquierdo y aneurisma basal inferior con un área bajo de la curva ROC de 0.82. Se identificaron tres categorías de riesgo: bajo (<3 puntos), intermedio (3-5 puntos) y alto riesgo (>5 puntos). Una sencilla combinación de variables epidemiológicas y clínicas permite discriminar con una precisión adecuada el diagnóstico etiológico de cardiomiopatía chagásica crónica en un paciente con IC y FEVI reducida.

Palabras clave: cardiomiopatía chagásica crónica, diagnóstico, enfermedad de Chagas, score

Microbioma asociado a vectores de leishmaniasis: interacciones ambientales, patógenos, bioactividades y potencial biotecnológico

Rafael José Vivero-Gómez^{1,2*}, Daniela Duque-Granda¹, Manuel Narváez¹, Juan Alejandro Posada¹, Laura Posada², Sara Robledo², Howard Junca³, Sandra I. Uribe S⁴, Gloria Cadavid-Restrepo¹, Claudia Ximena Moreno-Herrera¹

¹ Grupo de Microbiodiversidad y Bioprospección, Laboratorio de Biología Celular y Molecular, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín, Street 59A #63-20, Medellín 050003, Colombia

² Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET, Universidad de Antioquia, Calle 62, No. 52-59, Laboratorio 632, Medellín, Colombia

³ RG Microbial Ecology: Metabolism, Genomics & Evolution, Div. Ecogenomics & Holobionts, Microbiomas Foundation, LT11A, 250008, Chia, Colombia

⁴ Grupo de investigación en Sistemática Molecular, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín, Street 59A #63-20, Medellín 050003, Colombia

*Presentador: rjviverog@unal.edu.co

La microbiota asociada con los vectores de insectos está involucrada en procesos de respuesta inmune, adaptación, resistencia a insecticidas y cambios ambientales, particularmente vinculados a señales de cambio climático, como cambios en la temperatura, lo que a su vez influye en las tasas de transmisión de patógenos humanos. Utilizamos varios enfoques para evaluar la dinámica de la microbiota en algunas variables abióticas y bióticas en *Lutzomyia longipalpis*. En primer lugar, desarrollamos y utilizamos un dispositivo personalizado con un gradiente de temperatura (21-34 °C) para evaluar las preferencias de temperatura de hembras silvestres de *Lu. longipalpis* recolectadas en un área rural (Ricaurte, Cundinamarca, Colombia). Luego, en este estudio evaluamos la estructura y diversidad de la microbiota intestinal de *Lu. Longipalpis* en respuesta a la infección con *Leishmania infantum* y *Leishmania braziliensis* en condiciones de laboratorio. Finalmente, realizamos un análisis metatranscriptómico para identificar secuencias virales presentes en grupos de hembras de *Lu. Longipalpis*. Los resultados mostraron una abundancia del 57,36% para *Pseudomonas* a 25-27 °C, que disminuyó a temperaturas más altas (al 6,55% a 29-31 °C y al 13,20% a 31-33 °C), mientras que, en los mismos rangos, *Bacillus* presentó una abundancia del 1,21%, 61,54% y 37,64%, respectivamente. En hembras alimentadas con sangre y en el grupo expuesto a *L. infantum*, tanto infectadas como no infectadas, *Pseudomonas* tiene una alta abundancia relativa (75-85%), en contraste con los intestinos positivos a la infección por *L. infantum* (30-55%) bajo infección experimental o intestinos de hembras naturalmente infectadas con la misma especie del parásito (35%). Los ASVs que aumentaron moderadamente en intestinos infectados con *L. infantum* fueron Enterobacteriaceae (25%), Enterobacter (10%) y Klebsiella (5%). El grupo positivo para *L. braziliensis* bajo infección experimental mostró una mayor abundancia relativa de *Pseudomonas* (95%). El análisis de proteínas con actividad RdRp permitió la confirmación de dos contigs relacionados con los órdenes Mononegavirales y Hepelivirales. El análisis de transcritos confirmó la identidad taxonómica de *Lu. longipalpis* y permitió la detección de infección natural por *L. infantum* mediante el marcador kDNA en uno de los grupos estudiados. Fue posible realizar la caracterización de la microbiota de *Lu. longipalpis* en relación con las preferencias de temperatura del vector. Este estudio mostró que la presencia de *L. infantum* o *L. braziliensis* puede reducir la riqueza y diversidad de la microbiota y que se puede registrar una abundancia diferencial de *Pseudomonas* según la especie de *Leishmania*. La técnica de RNA-seq permitió la detección e identificación simultánea de parásitos, virus y el hospedero del insecto, lo que demuestra las ventajas de la técnica para la vigilancia y el monitoreo activo de patógenos de importancia para la salud pública

Palabras clave: Leishmania, *Lutzomyia longipalpis*, microbiota, temperatura, viroma

¿Qué hay de nuevo en el tratamiento de la leishmaniasis?

Sara M. Robledo^{1*}

¹ PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, MedellínColombia)

*Presentador: sara.robledo@udea.edu.co

La leishmaniasis cutánea (LC) es una enfermedad parasitaria perteneciente al grupo de enfermedades tropicales desatendidas y fuertemente ligada a la pobreza. Por el daño que produce en la piel, la gravedad de las lesiones o cicatrices imborrables que quedan y el contexto social de los pacientes, la LC se asocia con estigma y sufrimiento

psicológico que influye negativamente en la calidad de vida y el bienestar emocional del paciente. Aunque esta dimensión ha sido documentada en alguna medida para la leishmaniasis mucosa, se ha abordado muy poco para la leishmaniasis cutánea localizada (LCL), la forma más común de la enfermedad. Este trabajo describe los conocimientos actuales sobre la carga psicológica y el estigma relacionados con la LCL y resalta el papel del tratamiento como una de las herramientas más poderosas para impactar la carga de la enfermedad no solo aliviando los signos y síntomas sino disminuyendo el estigma social y el sufrimiento de las personas que padecen LCL. Aunque la leishmaniasis es una enfermedad antigua, las opciones terapéuticas son limitadas y presentan problemas de toxicidad que se asocia con dosis altas por tiempo prolongado, que conduce a una baja tolerabilidad y abandono del tratamiento; adicionalmente los costos de atención en salud son altos por el coste del medicamento y por los costes de atención generados por los efectos adversos. Por otro lado, no se entiende por qué se siguen utilizando los mismos fármacos y a las mismas dosis que se usan para tratar las formas graves de la leishmaniasis. Aunque se viene trabajando desde diferentes frentes y estrategias en la búsqueda de terapias más seguras, eficaces y de menor costo, hasta el momento los grandes avances en las guías de manejo se limitan a la administración intralesional del antimonio de meglumina y el uso de la termoterapia para el manejo de LCL no complicada. No obstante, se empiezan a perfilar en el panorama algunos prototipos de formulaciones farmacéuticas para administración local, así como también el uso sistemas de liberación de fármacos basados en nanotecnología que son duda aliviarán un poco la problemática del tratamiento de la LCL.

Palabras clave: estigma social, leishmaniasis cutánea localizada, tratamiento

Mecanismos de progresión a cardiomiopatía en la enfermedad de Chagas: ¿Qué se ha encontrado y cuáles son los siguientes pasos?

Sergio Alejandro Gómez-Ochoa^{1,2*}

¹ Clínica de Insuficiencia Cardíaca y Trasplante, Fundación Cardiovascular de Colombia, Floridablanca, Colombia

² Departamento de Medicina Interna General y Psicosomática, Hospital Universitario de Heidelberg, Heidelberg, Alemania

*Presentador: sagomezo.182@gmail.com

La cardiomiopatía de Chagas crónica (CCC) representa la forma más severa de la enfermedad de Chagas (EC), afectando hasta un 30% de los pacientes con esta condición y asociándose a un peor pronóstico a comparación de otras etiologías de insuficiencia cardíaca (IC). A pesar de los inmensos avances logrados en la comprensión de la fisiopatología de la enfermedad, dirigidos al diseño de medidas preventivas, diagnósticas y terapéuticas optimizadas, hoy en día persisten inmensas brechas del conocimiento en múltiples áreas. Específicamente, la evidencia disponible acerca de los diferentes mecanismos celulares y moleculares involucrados en la progresión de la enfermedad es relativamente escasa y se encuentra ampliamente dispersa en la literatura, dificultando el análisis global de este fenómeno, en especial para aquellos recientemente introducidos al fenómeno de la EC. Por tanto, esta conferencia magistral tiene como objetivo explorar en detalle los avances más recientes y significativos en la comprensión de los mecanismos fisiopatológicos que propician la transición de la etapa indeterminada a la CCC. En la presentación analizaremos los descubrimientos y las fronteras del conocimiento actual en un viaje que nos llevará a través de la evolución de la enfermedad, desde la infección inicial hasta los fenómenos moleculares y celulares que desencadenan la progresión a la cardiomiopatía, destacando aspectos controvertidos como el potencial rol dual del parásito (lesión Vs. protección del cardiomiocito), las características de la respuesta autoinmune, el impacto de la disfunción microvascular y el papel de las alteraciones inmuno-endocrinas en este proceso. Finalmente, discutiremos prometedoras líneas de investigación y los desafíos pendientes que pueden representar los siguientes pasos en este campo. Se espera que la audiencia obtenga una visión integral



y actualizada de los mecanismos fisiopatológicos subyacentes a la CCC, comprendiendo los desafíos actuales y entendiendo la necesidad de nuevas contribuciones a la investigación traslacional en EC, con el objetivo final de mejorar la prevención, diagnóstico y tratamiento de los pacientes afectados por esta devastadora enfermedad.

Palabras clave: cardiomiopatía de Chagas crónica, investigación traslacional, mecanismos fisiopatológicos

Descifrando la resistencia a fármacos en tripanosomátidos mediante el uso de herramientas de alto rendimiento (Cos-seq y CRISPR-Cas)

Ana María Mejía-Jaramillo^{1*}

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

*Presentador: maria.mejia3@udea.edu.co

Uno de los puntos más críticos hoy día sobre el tratamiento y prevención de las enfermedades infecciosas, es la gran cantidad de fallas terapéuticas, muchas de las cuales se deben a expresión de resistencia por parte de los patógenos. Una de las aproximaciones actuales para resolver el problema de la resistencia se basa en la adquisición de datos ómicos, los cuales proporcionan un panorama más completo del fenómeno, posibilitan la evaluación de nuevos fármacos y mejoran los tratamientos. Sin embargo, la gran limitante actual es la verificación funcional de los genes candidatos involucrados en la resistencia. En este sentido, el reto que existe hoy en día es generar estrategias de estudio de la resistencia que involucren la genómica funcional y que permitan la edición genómica a gran escala, con herramientas como Cos-seq y CRISPR-Cas. Cos-Seq es una estrategia de tamizaje de fármacos por aumento en el número de copias, donde se realiza la sobreexpresión de todas las regiones codificantes mediante la transfección de los parásitos con cósmidos y posterior exposición a concentraciones crecientes de los medicamentos a evaluar. Posteriormente, los cósmidos son recuperados de los organismos sobrevivientes y secuenciados para identificar los genes implicados en la resistencia. Por el contrario, CRISPR-Cas ofrece una herramienta molecular precisa para la modificación dirigida del genoma mediante el knock-out completo de genes de interés. A través de CRISPR-Cas es posible hacer la evaluación funcional de medicamentos e identificación de los genes blanco de estos, con una estrategia metodológica que genera mediante la acción de la enzima Cas9 y ARN guías (ARNg) específicos, la delección de genes particulares. Para esto, se diseñan ARNg de las regiones codificantes del genoma, los cuales son clonados en plásmidos, y posteriormente, los patógenos que expresan la enzima Cas9 son transformados con estos plásmidos y seleccionados con concentraciones crecientes de los fármacos de interés. De los organismos sobrevivientes knock-out, se recuperan los plásmidos, los cuales, son secuenciados mediante Illumina para identificar los ARNg específicos de cada gen seleccionado. Con estas estrategias de tamizaje es posible identificar nuevos objetivos terapéuticos, estudiar la resistencia y predecir la falla quimioterapéutica.

Financiado: Proyecto SGR BPIN 2020000100479.

Palabras clave: CRISPR-Cas, Cos-Seq, genómica funcional, Tripanosomátidos



RESÚMENES SIMPOSIO DE BIOLOGÍA Y CONTROL DE VECTORES

VIII

Reunión Colombiana
Leishmaniasis y enfermedad
de Chagas



**UNIVERSIDAD
DE ANTIOQUIA**

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Estimación de la estructura genética de *Triatoma dimidiata* (Hemiptera: Reduviidae) y dinámica de transmisión de *Trypanosoma cruzi* en Boyacá, Colombia

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

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

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

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

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

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

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

*Presentador: velasquezn3098@gmail.com

La enfermedad de Chagas se considera un problema de salud pública en Colombia, donde muchas regiones son endémicas. *Triatoma dimidiata* es un importante vector después de *Rhodnius prolixus*, y está ganando importancia en Boyacá, al este de Colombia. Tras la reciente eliminación de *R. prolixus* en la región, es fundamental comprender el comportamiento de *T. dimidiata* y la dinámica de transmisión de *T. cruzi*. Utilizamos qPCR y secuenciación de próxima generación (NGS) para evaluar la infección por *T. cruzi*, la carga parasitaria, los perfiles de alimentación y la genotipificación de *T. cruzi* para especímenes de *T. dimidiata* recolectados en nueve municipios de Boyacá y exploramos la genética poblacional de *T. dimidiata*. Encontramos que las poblaciones de *T. dimidiata* están compuestas por una sola población con características genéticas similares, presentan tasas de infección de hasta el 70%, altas cargas parasitarias de hasta 1.46×10^9 equivalentes de parásitos/mL, de fuentes de alimentación que comprende al menos 17 especies domésticas, sinantrópicas y silvestres, además de una amplia diversidad de genotipos de TcI incluso dentro de un solo espécimen. Estos resultados implican que el comportamiento de *T. dimidiata* es similar a otros vectores exitosos, con una amplia variedad de fuentes de sangre y contribuyendo a la circulación de diferentes genotipos del parásito, destacando su importancia para la transmisión de *T. cruzi* y el riesgo para los seres humanos. A la luz de la eliminación de *R. prolixus* en Boyacá y los resultados que encontramos, sugerimos que *T. dimidiata* debería convertirse en un nuevo objetivo para los programas de control de vectores. Esperamos que este estudio proporcione suficiente información para mejorar los programas de vigilancia y una futura interrupción efectiva de la transmisión del vector de *T. cruzi* en regiones endémicas.

Palabras clave: Boyacá, dinámicas de transmisión, genética de poblaciones, genotipos, perfil de alimentación, *Triatoma dimidiata*, *Trypanosoma cruzi*

Caracterización de los mecanismos de resistencia a insecticidas piretroides en poblaciones de triatomos de Colombia

Sara Zuluaga^{1*}, Omar Cantillo-Barraza¹, Geysson Fernández¹, Carl Lowenberger², Omar Triana-Chavez¹

¹ BCEI, Biología y Control de Enfermedades Infecciosas, Universidad de Antioquia, Medellín-Colombia

² Simon Fraser University, Department of Biological Sciences, Entomology and Parasitology, Burnaby-Canadá

*Presentador: sara.zuluagaa@udea.edu.co

El estado de la resistencia a insecticidas de las poblaciones de triatominos de Colombia, como también el estudio de los mecanismos son limitados. En este trabajo, se estudiaron poblaciones colombianas de *Rhodnius prolixus* y *Triatoma dimidiata* con el fin de determinar si eran resistentes a insecticidas piretroides e identificar los mecanismos moleculares encargados de la resistencia. Para responder estas preguntas, recolectamos poblaciones de *R. prolixus* (Pore, Casanare) y de *T. dimidiata* (Socotá, Boyacá). A estas poblaciones las expusimos y les evaluamos la resistencia a los insecticidas piretroides permetrina, lambdacialotrina y deltametrina. Además, a la progenie de estas poblaciones las presionamos con los insecticidas y posteriormente evaluamos su resistencia. Para determinar los mecanismos involucrados, secuenciamos el gen del canal de sodio, medimos la actividad de algunas enzimas metabólicas, y evaluamos el nivel de expresión de genes mediante RNA-Seq. Encontramos que la población de campo de *T. dimidiata* fue resistente a lambdacialotrina y a deltametrina, mientras que la población de campo de *R. prolixus* sólo fue resistente a lambdacialotrina. Además, identificamos que las poblaciones presionadas aumentaron la resistencia respecto a su control. Los análisis moleculares mostraron que las poblaciones resistentes no tenían las mutaciones en el gen del canal de sodio que se han reportado asociadas con resistencia. Sin embargo, encontramos nuevas mutaciones que parecen estar relacionadas con la resistencia. Por otro lado, las poblaciones resistentes presentaron actividad enzimática aumentada de las enzimas detoxificantes glutatión S-transferasas y esterasas. Los análisis de RNA-seq mostraron que la población de campo y la población presionada de *T. dimidiata* respecto a la población de laboratorio tenían genes diferencialmente sobreexpresos (total=108, comunes=14), los cuales codifican para enzimas detoxificantes y mitocondriales que podrían ser importantes en la resistencia. Los resultados de este estudio proporcionan una de las primeras evaluaciones integrales de resistencia en triatominos en Colombia. Estos resultados sugieren que la ganancia de resistencia en los triatominos puede ser rápida y podrían estar presentando mecanismos diferentes a los reportados en otros insectos. Finalmente, el conocimiento de resistencia a los insecticidas es fundamental para desarrollar estrategias de control sostenibles y efectivas.

Palabras clave: insecticidas, piretroides, resistencia, RNA-seq, triatominos

Cargas parasitarias de *Trypanosoma cruzi* en varias especies de Triatominos en Colombia

Natalia Velásquez-Ortiz^{1*}, Carolina Hernández^{1,2}, Omar Cantillo-Barraza^{1,3}, Nathalia Ballesteros¹, Lissa Cruz-Saavedra¹, Giovanni Herrera¹, Luz Stella Buitrago⁴, Hugo Soto⁵, Manuel Medina⁶, Jatney Palacio⁷, Marina Stella González⁴, Andrés Cuervo⁸, Gustavo Vallejo⁹, Liliana Zuleta Dueñas¹⁰, Plutarco Urbano¹¹, Marina Muñoz¹, Juan David Ramírez^{1,12}

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

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

³ Grupo BCEI, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁴ Laboratorio de Salud Pública del Meta, Villavicencio, Colombia

⁵ Laboratorio de Salud Pública del Cesar, Valledupar, Colombia

⁶ Programa de Control de ETV, Secretaría de Salud de Boyacá, Tunja, Colombia

⁷ Laboratorio Departamental de Salud Pública del Departamento del Chocó, Quibdó, Colombia

⁸ Secretaría Departamental de Salud de Arauca, Arauca, Colombia

⁹ Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical, Facultad de Ciencias, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

¹⁰ Grupo de Vigilancia en Salud Pública, Secretaría de Salud de Casanare, Yopal, Colombia

¹¹ Grupo de Investigaciones Biológicas de la Orinoquia, Universidad Internacional del Trópico Americano (Unitrópico), Yopal, Colombia

¹² Molecular Microbiology Laboratory, Department of Pathology, Molecular and Cell-Based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York City, NY, USA

*Presentador: velasquezn3098@gmail.com

Trypanosoma cruzi, el agente causal de la enfermedad de Chagas es transmitido principalmente por insectos de la subfamilia *Triatominae*. En Colombia, hay 26 especies de triatominos, y 16 de ellas están naturalmente infectadas con el parásito. Las cargas parasitarias de los vectores naturalmente infectados pueden ser significativas al apuntar a especies específicas que pueden afectar la epidemiología de la enfermedad. Estudiar su ecología y comportamiento es vital para comprender su papel en la dinámica de transmisión de *T. cruzi*. Evaluamos las cargas parasitarias de 182 triatominos recolectados en el campo correspondientes a 10 especies en 13 departamentos de Colombia. Estandarizamos una metodología para cuantificar el ADN de *T. cruzi* en estos insectos. Obtuvimos un LOD (límite de detección) de 3.05 p-eq/mL. El 82% de los triatominos evaluados fueron positivos para la infección por *T. cruzi*, con cargas que van desde cientos hasta millones de parásitos equivalentes por mililitro. *Panstrongylus geniculatus*, *Rhodnius prolixus* y *Triatoma dimidiata* fueron las especies con las cargas más altas de *T. cruzi*; sin embargo, también se encontraron otras especies con altas cargas de parásitos, cuyo papel como vectores aún se desconoce. Nuestros resultados sugieren la relevancia de las especies secundarias para la transmisión de *T. cruzi* en Colombia. Esperamos que nuestros datos puedan ayudar a mejorar los programas de vigilancia entomológica y control de vectores en el país y la región.

Palabras clave: carga parasitaria, Colombia, qPCR, *Trypanosoma cruzi*, triatominos

Biodiversidad de Phlebotominae (Diptera: Psychodidae) en el Casanare en la región Orinoquia de Colombia

Malenna Camacho-Gómez^{1*}, Liliana Patricia Zuleta-Dueñas¹

¹ Laboratorio de entomología médica, secretaria Departamental de Salud del Casanare, Yopal-Casanare

*Presentador: bmalenna-camacho@javeriana.edu.co

La leishmaniasis es causada por parásitos del género *Leishmania spp*, transmitidos por insectos de la subfamilia Phlebotominae. En Colombia se presentan tres tipos, siendo la leishmaniasis cutánea (LC) la más frecuente con el 95% de los casos. En Casanare, departamento no endémico, la tasa de incidencia de la LC osciló entre uno a cuatro casos/100,000 habitantes entre los años 2009 a 2019, inferior a la tasa nacional que varió entre 57 a 143 casos/100,000. En 2022 la tasa fue 2.5/100,000, con 11 casos en cinco municipios, 90% hombres de 27 a 59 años. Con relación a los vectores, Colombia tiene una amplia riqueza de flebotominos con 161 especies, el 13% son de importancia médica, en el departamento esta fauna ha sido poco documentada, solo con 14 especies registradas. Por lo anterior, el objetivo de este estudio fue actualizar el listado de especies de flebotominos y su distribución en Casanare. Entre 2019 y 2022 se realizaron muestreos con trampas CDC en 17 localidades rurales de nueve municipios y se analizó la información de las investigaciones de los focos de leishmaniasis cutánea (LC) entre 2012 a 2022. Como resultado, se registraron 19 especies. *Mycropygomyia venezuelensis*, *Pyntomyia serrana*, *Evandromyia dubitans*, *Ev. saulensis*, *Ev. begonae*, *Scyopemyia sordellii* y *Pintomyia (pifonomyia) serie Townsedi*, no habían sido reportadas previamente en la bibliografía. Las especies de mayor abundancia:

Ev. walkeri, *Nyssomyia antunesi*, *Lutzomyia gomezi* y *Psychodopygus panamensis*, y de acuerdo con el índice de Shannon los sitios de mayor diversidad fueron los rastrojos o bosques secundarios y huertas caseras. En los focos de LC se capturaron individuos de *Ev. dubitans*, *Ev. saulensis*, *Ev. begoniae*, *Lu. gomezi*, *Ny. antunesi*, *Ps. panamensis*, *Ps. fairtigi* y *Lu. olmeca bicolor*. Finalmente, se destaca la presencia de *Lu. gomezi* y *Ps. panamensis* en los focos de Tauramena, Támara, Trinidad y Maní, vectores que han sido asociados en la transmisión de esta enfermedad. También, surge la necesidad de estudiar el rol de *Ny. antunesi* en la transmisión de la LC en Casanare, registrada en el 57% de los focos y ampliar este tipo investigación en otros municipios e incluir otros métodos de muestreo.

Palabras clave: especies, leishmaniasis cutánea, Orinoquía colombiana, vectores

Distribución potencial actual y futura de vectores de leishmaniasis cutánea y visceral en Colombia

Ruth Mariela Castillo-Morales^{1*}, Juliana Cuadros-Martinez¹, Jonnathan Espinosa¹, Susanne Carolina Ardila-Roldán¹

¹ Grupo Entomología, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud de Colombia, Bogotá, Colombia.

*Presentador: rcastillom@ins.gov.co

La leishmaniasis es una enfermedad endémica de áreas tropicales, subtropicales y templadas a nivel mundial. Los principales vectores de esta enfermedad son flebótomos del género *Lutzomyia* (Familia Psychodidae, Subfamilia Phlebotominae) quienes transmiten parásitos del género *Leishmania* (Kinetoplastida: Trypanosomatidae). En Colombia se han reportado 163 especies de flebótomos del género *Lutzomyia*, de las cuales 14 han sido confirmadas como vectores. La distribución altitudinal de estas especies va hasta los 3,500 msnm, aunque el ciclo de transmisión se mantiene hasta los 1,750 msnm. Sin embargo, la distribución de estas especies ha cambiado debido a eventos de cambio climático, desplazamientos poblacionales y alteración en las coberturas vegetales. El objetivo de este trabajo fue conocer y predecir la distribución potencial de tres especies vectoras de leishmaniasis cutánea (*L. gomezi*, *L. panamensis*, *L. antunesi*) y dos de leishmaniasis visceral (*L. evansi*, *L. longipalpis*) en el territorio colombiano. Para ello, se depuraron las bases de datos de los ejemplares colectados en el marco de las labores de vigilancia entomológica y estudios de foco realizados por profesionales de la Red Nacional de Laboratorios de Entomología en un periodo de tiempo comprendido entre el 2000 y 2022, cuyos datos fueron remitidos al Grupo de Entomología (INS). Se actualizaron las coordenadas geográficas de los puntos de colecta, verificando la concordancia de los datos con la información de geográfica registrada. Se ejecutó un modelamiento de nicho ecológico empleando el programa *Maxent*[®] para analizar variables climáticas y coberturas vegetales. Se generaron mapas de distribución potencial de las especies actual y a futuro bajo efectos del cambio climático. Se estimó la distribución geográfica y se identificó el rango de distribución latitudinal y altitudinal de las especies, así como potenciales áreas de solapamiento. A partir de los modelos de nicho, se observó que las especies vectoras de leishmaniasis cutánea presentan una distribución más amplia en el país que las especies vectoras de leishmaniasis visceral, las cuales se encuentran predominantemente en la región atlántica y localidades de los Santanderes. La modificación de microclimas debido a alteración del paisaje, influyen directamente en la distribución de estas especies hacia nuevas áreas, conllevando un potencial riesgo para la población. El conocimiento de la distribución potencial de estas especies vectoras contribuye en el establecimiento de áreas de control prioritarias para evitar la transmisión de la enfermedad.

Palabras clave: flebótomos, *L. evansi*, *L. gomezi*, *L. longipalpis*, *L. panamensis*, variables climáticas

Consortios bacterianos intestinales de *Rhodnius pallescens* Barber, 1932 recolectados de áreas silvestres de Bucaramanga y área metropolitana

Juliana Cuadros-Martínez^{1,2*}, Bladimiro Rincón-Orozco², Jonny E. Duque^{1,3}

¹ Centro de Investigaciones en Enfermedades Tropicales CINTROP, Universidad Industrial de Santander, Piedecuesta-Santander

² Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología (GIBIM), Universidad Industrial de Santander A. A. 678, Piedecuesta 681027, Colombia

³ Escuela de Medicina, Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga-Santander.

*Presentador: julianacuadrosmartinez@gmail.com

Se ha propuesto que la microbiota intestinal de insectos hematófagos como los triatominos impactan en su reproducción, nutrición y en su sistema inmune. Hasta el momento, en Colombia hay tres estudios que describen la diversidad de bacterias en insectos con enfoque en vectores primarios y secundarios en cuanto a la importancia de transmisión de Chagas. El objetivo de esta investigación fue caracterizar los consorcios bacterianos del intestino medio y posterior de *Rhodnius pallescens* en insectos de laboratorio y silvestres mediante la secuenciación de las regiones hipervariables V3/V4 de la subunidad 16S ARNr. Para este estudio insectos fueron colectados durante los meses de noviembre 2021 a febrero 2022, usando trampas Ángulo instaladas en palmas de *Acrocomia aculeata* en fragmentos de bosques periurbanos de Bucaramanga, Floridablanca y Piedecuesta. Se hizo la disección y extracción ADN del intestino medio y posterior y se identificó el parásito de las muestras de insectos silvestres mediante PCR convencional. La secuenciación se realizó utilizando la plataforma de Illumina NovaSeq 6000. Los resultados se procesaron en el servidor MG-RAST y se analizaron en MEGAN y GraphPad Prism. Los consorcios bacterianos en el intestino medio y posterior de insectos de laboratorio y silvestres en este estudio fueron representados por las Actinobacterias (77%). El género más abundante en el intestino medio y posterior fue *Rhodococcus* en insectos de laboratorio y en insectos silvestres predominaron los géneros *Williamsia* y *Dietzia*. Finalmente, se realizó una descripción de las bacterias presentes en el intestino de *R. pallescens*, donde hubo diferencias significativas en cuanto los índices de diversidad Shannon (Anova de una vía, p 0.05, prueba de Tukey) y Simpson 1-D (Kruskal Wallis p 0.05, prueba de Dunns) en el intestino medio y posterior de insectos de laboratorio y silvestres. Tampoco fueron encontradas diferencias significativas en cuanto a Shannon (t-test, p>0.05) y Simpson 1-D (Mann Whitney p>0.05) en los consorcios bacterianos presentes en insectos silvestres infectados y no infectados por *Trypanosoma cruzi*.

Palabras clave: bacterias, intestino, secuenciación, vector secundario

Caracterización morfométrica y filogenética de una nueva población del complejo *Lutzomyia longipalpis* del Caribe Colombiano

María Victoria Pérez-Pérez^{1*}, Luis Roberto Romero-Ricardo¹, Loraine Carolina Goenaga-Mafud², Fernando Florez-Arrieta³, Luis Enrique Paternina¹, Eduar E. Bejarano¹

¹ Grupo de investigaciones Biomédicas, Programa de Biología, Universidad de Sucre, Sucre, Colombia

² Grupo de Investigación Biodiversidad del Caribe Colombiano, Universidad del Atlántico, Atlántico, Colombia

³ Grupo de Investigación en Procesos de la Industria Petroquímica, Cartagena, Colombia

*Presentado por: mvictoria1207@gmail.com

Lutzomyia longipalpis (Llon) es considerado el principal vector de leishmaniasis visceral (causado por *Leishmania infantum*) en América Latina. Hasta la fecha se ha reportado *L. longipalpis* en al menos ocho departamentos del país, aunque el principal vector de esta enfermedad en la región Caribe es *Lutzomyia evansi*. En años recientes y mediante estudios genéticos se ha identificado la existencia de al menos ocho especies candidatas del “complejo *Lutzomyia longipalpis*” en Latinoamérica (dos pertenecientes al que llamaremos *cluster* pseudolongipalpis y seis del que llamaremos *cluster* longipalpis), con al menos tres de ellas en Colombia (una pseudolongipalpis y dos del *cluster* longipalpis). El objetivo de la presente investigación es reportar la caracterización morfométrica y filogenética de una población de *L. longipalpis* recientemente detectada en Puerto Colombia, departamento de Atlántico, Caribe colombiano. Para alcanzar el objetivo, se estudió la morfología de la genitalia de hembras de Llon de Puerto Colombia, principalmente forma del Valvifer y Cercos, junto con caracteres anatómicos usados ya por Azevedo *et al.*, (2020) sobre *Lutzomyia umbratilis*, caracteres que fueron comparados con los de individuos de la especie candidata del *cluster* *Lutzomyia longipalpis* procedente de Callejón (Colombia). Para el análisis filogenético, se realizó genotipificación mediante amplificación y secuenciación del gen *Citocromo Oxidasa I* (COI). En población de Atlántico se observaron dos formas del Valvifer (una de ellas similar a pseudolongipalpis), y dos morfovariantes de los cercos de la misma población (una de ellas similar a pseudolongipalpis). Por otro lado, Llon de El Callejón presenta solo una forma muy distintiva del Cerco, con dos variaciones en el Valvifer al igual que se observó en muestras de Puerto Colombia. El análisis morfométrico por análisis discriminante permitió identificar varias estructuras anatómicas que facilitan la rápida distinción de ambas poblaciones (Puerto Colombia y El Callejón). La inferencia filogenética, agrupa a la población de Puerto Colombia con individuos de *Lutzomyia pseudolongipalpis* de Venezuela (Curarigua) y de Colombia (Colosó). La evidencia obtenida apunta a que esta población Llon de Puerto Colombia pertenece a una de las especies candidatas de *cluster* *Lutzomyia pseudolongipalpis*, y se proponen algunas estructuras anatómicas para la identificación de los *cluster*.

Palabras clave: COI, complejo *Lutzomyia longipalpis*, Leishmaniasis, Morfometría

Evaluación de la transmisión de *Trypanosoma cruzi* por *Triatoma venosa* en el Valle de Tenza, Departamento de Boyacá

Manuel Medina¹, Sara Zuluaga², María Fernanda Martínez¹, Juan Carlos Bermúdez¹, Carolina Hernández³, Virgilio Beltrán¹, Natalia Velásquez-Ortiz³, Marina Muñoz³, Juan David Ramírez^{3,4}, Omar Triana¹, Omar Cantillo-Barraza^{1*}

¹ Programa de Control de Vectores, Secretaría de Salud Departamental, Tunja, Colombia. Secretaría de Salud de Tunja, Avenida Colón No22A-16. Tunja Boyacá, Colombia, Tel 57-1-7420111 ext. 4144

² Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas (BCEI), Universidad de Antioquia, Calle 70 No. 52-21, Medellín, Colombia. Tel: 57-4-2196520

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

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

*Presentador: omarcantillo@gmail.com

La enfermedad de Chagas (EC) es una zoonosis parasitaria causada por el protozoo *Trypanosoma cruzi*. En Colombia, el control de la transmisión vectorial por el principal vector doméstico *Rhodnius prolixus*, se ha logrado en algunas partes del territorio nacional. Sin embargo, con el propósito de fortalecer los programas de control, es necesario entender las características del comportamiento ecológico de los vectores nativos que

pueden reactivar la transmisión. Para evaluar el éxito de las campañas de control vectorial en el departamento de Boyacá (Colombia), se utilizó una estrategia combinada de vigilancia entomológica con vigilancia serológica y molecular de caninos de diez veredas rurales de seis municipios de la región del valle de Tenza: Chinavita, Garagoa, Guateque, Somondoco, Sutatenza y Tenza, un año después de la última intervención. Se identificaron y analizaron los triatominos recolectados para infección natural e identificación de fuentes de ingestas. Por otro lado, se recolectó muestras de sangre de caninos para detectar la infección por *T. cruzi*, por serología y PCR. Las muestras positivas de triatominos y caninos se genotipificaron por secuenciación. En total, se recolectaron 101 *Triatoma venosa* mediante búsqueda activa en hábitats domésticos y peridomésticos. Se identificó una prevalencia de infección natural del 13.9% (14/101) y cuatro fuentes de sangre: humano, perro, rata y gallina, fueron identificadas. A partir de dos pruebas serológicas independientes se observó una frecuencia de infección del 46.5% (40/87) y se detectó ADN de *T. cruzi* en 14 perros (16.4%). Sólo se detectó DTU de TcI silvestre, tanto en triatominos como perros. Los resultados sugieren que *T. venosa* presenta características ecoepidemiológicas para mantener la transmisión de *T. cruzi* en el valle de Tenza. Esta especie ha reinfestado los hogares intervenidos y tiene un papel activo en la transmisión doméstica y peridoméstica de *T. cruzi* debido a sus tasas de infección y comportamiento alimentario.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, PCR, secuenciación, transmisión, triatominos

Barcoding usado soporte de identificación de flebotomos: aplicabilidad, alcance y perspectivas

María Paula Barreto-Camacho^{1*}, Laura Rengifo-Correa¹, Jeiczon Jaimes-Dueñez², Jonny Edward Duque¹

¹ Centro de Investigaciones en Enfermedades Tropicales, CINTROP, Facultad de Medicina, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

² Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia UCC, Bucaramanga, Colombia

*Presentador: mariapaulabarretoc@gmail.com

La leishmaniasis es una enfermedad endémica en Colombia, principalmente en su forma cutánea. Los vectores principales de esta enfermedad son los flebotomos del género *Lutzomyia*, los cuales presentan problemas en su identificación taxonómica debido a la gran cantidad de especies y falta de características morfológicas distintivas, lo que lleva a la formación de complejos. Para abordar esta dificultad, se propone el uso de *barcoding* que es una herramienta molecular que utiliza regiones diferenciables del ADN para identificar especies. De acuerdo con esto el gen citocromo oxidasa I (*COI*) se considera útil para este propósito por ser un gen considerado universal, presenta variación nucleotídica significativa y su amplificación es sencilla. Con el objetivo de validar la utilidad del *COI* como marcador para identificar especies de *Lutzomyia* mediante *barcoding*, se realizó un análisis filogenético utilizando secuencias previamente reportadas y nuevas, obtenidas de colectas realizadas en el municipio de Girón, Santander. Se extrajo ADN de los especímenes y se amplificó un fragmento de 658pb del gen *COI* mediante PCR usando los primers LCO1490 y HCO2198. Se realizó un análisis filogenético utilizando el software MEGAX y se utilizó el modelo evolutivo GTR+G+I obtenido con JModelTest en el software MrBayesv3.2.7a. Las especies colectadas se determinaron como *L. camposi*, *L. dubitans*, *L. nuneztovari*, *L. ovallesi*, *L. preclara*, *L. quasitownsendi*, *L. torvida*, y *L. youngi*, siendo *L. preclara* y *L. torvida* los primeros registros de *COI* para la especie. Se encontraron secuencias de 40 especies en Genbank, lo que representa el 26.5% de la diversidad de flebotomos en Colombia. El análisis filogenético validó que *COI* permite identificar 39 de las 43 especies evaluadas. Sin embargo, la falta de resolución en algunas especies puede deberse a complejos de especies relacionadas o eventos de introgresión. En conclusión, *COI* es aplicable para la identificación de especies

de flebótomos en Colombia, aunque su alcance aún es limitado. Es necesario ampliar los estudios genéticos para comprender las relaciones filogenéticas y genética poblacional entre especies estrechamente relacionadas. Se sugiere proporcionar registros de secuencias de *COI* para especies aún no reportadas, lo que mejorará el alcance del *barcoding* en la identificación de flebótomos en Colombia. Financiación: Universidad Cooperativa de Colombia, Universidad del Rosario (Dirección de Investigación e Innovación) y Universidad de Antioquia.

Palabras clave: *barcoding*, *COI*, Colombia, leishmaniasis, *Lutzomyia*



RESÚMENES SIMPOSIO DE POTENCIALES RESERVORIOS DE TRIPANOSOMATÍDEOS

VIII Reunión Colombiana
Leishmaniasis y enfermedad
de Chagas



**UNIVERSIDAD
DE ANTIOQUIA**

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Primer reporte de tripanosomatídeos en murciélagos de ecótopos silvestres y urbanos del Departamento del Atlántico-Norte de Colombia

Iván Benavides-Céspedes^{1*}, Luis Avendaño-Maldonado², Giovanny Jiménez-Cotes², Leidi Herrera^{3,4}, Roberto García-Álzate², Marlon Mauricio Ardila^{2,5}

¹ Programa de Maestría en Biología, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad del Atlántico, Puerto Colombia-Colombia

² Programa de Biología, Facultad de Ciencias básicas, Universidad del Atlántico, Puerto Colombia-Colombia

³ Instituto de Zoología y Ecología Tropical (IZET), Facultad de Ciencias, Universidad Central de Venezuela, Caracas, Venezuela

⁴ Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, Universidad Nacional de Asunción, San Lorenzo, Paraguay

⁵ Departamento de Ciencia Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán, Chile

*Presentador: iabenavides@mail.uniatico.edu.co

Los murciélagos son hospedadores de una variedad de parásitos dentro de los que se encuentran los tripanosomatídeos, siendo de interés en salud pública, *Trypanosoma cruzi*, agente etiológico de la enfermedad de Chagas y hasta 21 especies de *Leishmania*, causante de la leishmaniasis en sus diferentes cuadros clínicos. En el Departamento del Atlántico no se han realizado estudios que den un registro de presencia de infección por tripanosomatídeos en murciélagos, por lo que se estimó la prevalencia de infección por tripanosomatídeos en murciélagos recolectados en ecótopos silvestres y urbanos del Departamento del Atlántico. Se realizaron seis muestreos (marzo 2021-mayo 2022), para los cuales se instalaron dos redes de niebla de 12 x 2.5 m (ojo de malla de 3 x 3 cm de diámetro), en áreas silvestres del corregimiento de Chorrera-Juan de Acosta y áreas urbanas al interior del campus de la Universidad del Atlántico-Puerto Colombia. Los ejemplares recolectados se identificaron con las claves taxonómicas de Díaz y col. (2021) y su sexo, edad relativa y condiciones reproductivas con los criterios de Arenas y Giraldo (2013). Una muestra de sangre de la vena braquial fue tomada a cada ejemplar, para búsqueda de hemoflagelados circulantes y extracción del ADN para amplificación de la región V7V8 del ARNr 18S. Con un esfuerzo total de 4,320 m². h. se recolectaron 125 murciélagos pertenecientes a cuatro familias y ocho especies. Las familias más abundantes fueron Molossidae (49.60%-62/125) y Phyllostomidae (34.40%-43/125). La frecuencia de infección por tripanosomatídeos para los ejemplares de la zona silvestre fue del 5.68%, mientras que para la zona urbana fue de 5.40%. La especie *Molossus molossus* recolectada en ecótopos silvestres presentó una frecuencia de infección de 6.45% (4/62); la especie *Noctilio albiventris* recolectada en ecótopos urbanos presentó una frecuencia de infección de 12.5% (2/16). Los resultados muestran el primer registro de *M. molossus* como hospedadora de tripanosomatídeos para el Departamento del Atlántico y de *N. albiventris* para Colombia; por lo que se hace necesario corroborar que especies de tripanosomatídeos circulan en ellos para dilucidar aún más los factores de riesgo para la presencia de zoonosis por tripanosomatídeos en la región.

Financiado: Ministerio de Ciencia Tecnología e Innovación de Colombia (SPGR BPIN 2020000100161). Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID) de Chile (beca “Doctorado Nacional” /2022-21220118; beneficiario MSc. Marlon Ardila).

Palabras clave: *Molossus molossus*, murciélagos, *Noctilio albiventris*, tripanosomatídeos

Características epidemiológicas de la infección por *Leishmania infantum* en caninos domésticos de Bucaramanga y su área metropolitana

Laura García^{1*}, Jeiczon Jaimes-Dueñez¹, Adriana Castillo-Castañeda², Ángela Jiménez-Leaño¹, Jonny E.

Duque³, Omar Cantillo-Barraza^{2,4}, Diana Isabel Cáceres-Rivera⁵, Yurany Granada⁴, Omar Triana-Chávez⁴,
Juan David-Ramírez^{2,6}

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia UCC, Bucaramanga, Colombia

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

³ Centro de Investigaciones en Enfermedades Tropicales, CINTROP, Facultad de Medicina, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

⁴ Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas, BCEI, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Antioquia, Medellín Colombia

⁵ Grupo de Investigación para el fortalecimiento de la salud y el bienestar GIFOSABI, Facultad de Enfermería, Universidad Cooperativa de Colombia UCC, Bucaramanga, Colombia

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

*Presentador: lauravan.garcia@campusucc.edu.co

La leishmaniasis visceral (LV) es una enfermedad zoonótica causada por especies del complejo *Leishmania donovani*, siendo el perro domestico el principal reservorio en los ciclos de contagio urbano. El objetivo de este estudio fue identificar los rasgos ecoepidemiológicos asociados a la infección por *Leishmania* spp., en perros de Bucaramanga y su área metropolitana (MAB). Inicialmente se realizó un muestreo serológico en 207 perros del MAB a los que se les efectuó el diagnóstico serológico y molecular con IFAT y PCR simple para la detección de *Leishmania* spp., los resultados mostraron 51 y nueve caninos positivos mediante IFAT y PCR respectivamente. Todas las muestras positivas mediante PCR confirmaron infección por *Leishmania infantum*. En el análisis BLAST multivariado se tuvieron en cuenta los rasgos epidemiológicos asociados a la infección de los perros positivos y se identificó que los perros que habitaban albergues caninos tenían una probabilidad mayor de infección ($p < 0.05$). Con base en lo anterior, se realizó un muestreo de los flebotomos en los albergues positivos, donde se capturaron 69 hembras del género *Lutzomyia* con contenido alimenticio abdominal (sangre) correspondientes a cinco especies: *Lu. camposi* 55%, *Lu. ovallesi* 29%, *Lu. dubitans* 7%, *Lu. torvida* 6% y *Lu. cayennensis* 3%. Se identificaron las fuentes alimenticias siendo el humano, porcinos, aves de corral, bovinos y fauna silvestre (*Coendou quichua*) las fuentes más comunes. Ninguno de los insectos fue positivo para *Leishmania* spp. Finalmente, se realizó una serovigilancia en los humanos que estaban en contacto frecuente con los perros positivos, analizando 14 personas mediante la prueba rk39, siendo todos negativos a la exposición con el parásito. Estos resultados demuestran que el MAB es un área con un bajo número de caninos con infección activa por *L. infantum*, pero que dada la presencia de vectores en dichos albergues puede convertirse en un área de riesgo para la transmisión zoonótica de LV.

Palabras clave: ADN, caninos domésticos, leishmaniasis visceral, PCR, reservorios

Diagnóstico molecular de coinfección de Tripanosomiasis Americana-Leishmaniasis en hospedadores mamíferos en zonas del caribe colombiano

Roberto Garcia-Alzate¹, Daisy Lozano-Arias², Alveiro Perez Doria³, Yeisson Cera Vallejo⁴, Leidi Herrera⁵

¹ Universidad Del Atlántico, Laboratorio de Investigación En Biología Molecular LIBM-UA, grupo de investigación CETIC-UA robertogarcia@mail.uniatlantico.edu.co

² Fundación Universitaria San Martin, grupo de investigación en ciencias básicas y clínicas GIBAC. daisy.lozano@sanmartin.edu.co

³ Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Departamento de Ciencias Pecuarias, Programa de Doctorado en Microbiología y

Salud Tropical, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia. alveiro_perez@yahoo.com

⁴ Universidad Del Atlántico, Laboratorio de Investigación En Biología Molecular LIBM-UA, grupo de investigación CETIC-UA ydcera@mail.uniatlantico.edu.co

⁵ Instituto De Zoología Tropical (Izt), Facultad de Ciencias, Universidad Central de Venezuela (UCV), Caracas, Venezuela. herrerleidi@yahoo.com

El diagnóstico de la Tripanosomiasis americana y la Leishmaniasis en animales hospedadores de zonas del caribe colombiano de estas infecciones es difícil de realizar, debido a parasitemias bajas, y a la reacción cruzada en los métodos inmunológicos y parasitológicos, además de la complejidad para el acceso a los distintos ambientes. El diagnóstico molecular es una alternativa ya que se han diseñado varias PCR con alta sensibilidad y especificidad en el diagnóstico de estas infecciones, el objetivo del trabajo se basó en realizar el diagnóstico molecular de hemoflagelados por PCR en posibles hospedadores. Se aplicó la técnica de PCR para la detección de ADN de kinetoplasto de *Trypanosoma cruzi* (PCR-ADNk) y del ADN codificante del ARN de la subunidad pequeña ribosomal (PCR-SSUrRNA) de *Leishmania* sp. en muestras de sangre periférica proveniente de punción radial, braquial o cardiaca de 226 posibles hospedadores mamíferos; 26 *Bos taurus*, 21 *Canis familiaris*, 2 *Equus asinus*, y 33 *Didelphis marsupiales*, de los cuales 56 de las pertenecían a zonas del caribe colombiano para ambas parasitosis, los departamentos de Bolívar y Atlántico, implementando marcadores moleculares de infección única y de coinfección. De las 226 muestras, 82 (36.28%) muestras resultaron positivas para al menos uno de los dos agentes etiológicos, en donde *E. asinus* 2/82 (2.4%) presentó coinfección para PCR-ADNk y PCR-SSUrRNA. En cuanto a *C. familiaris*, 2/21 (9.52%) fueron positivos por PCR-ADNk y 13/21 (61.9%) positivas por PCR-SSUrRNA, siendo la coinfección en esta especie de 13/36 (61.91%). El 57.6% (19/33) de *D. marsupiales* fueron positivos por PCR-ADNk y 4/33 (12.1%) positivas por PCR-SSUrRNA, y la coinfección en esta especie fue de 18.2% (6/33). Se identificó que el 21.31% (26/122) de las muestras obtenidas en el departamento de Atlántico presentaron coinfección, mientras que para el departamento de Bolívar la coinfección fue de 53.84% (56/104). El mayor porcentaje de coinfección se presentó para *C. familiaris* con mayor prevalencia para el departamento de Bolívar. Estos resultados sugieren una elevada coinfección en los hospedadores mamíferos estudiados para ambos parásitos y la necesidad de profundizar acerca de la superposición de nichos para ambas zoonosis en las regiones estudiadas.

Palabras clave: heterogeneidad, hospedador, infección natural, tripanosomátidos

Perfil inmunológico en suero de perros infectados con *Leishmania* spp. en área urbana de Ovejas, Colombia

Matilde Elena Rivero-Rodríguez^{1*}, Wilmer Mejía¹, Oscar Pérez¹, Alveiro Pérez-Doria^{1,2}, Matheus Silva de Jesus³, Bruna Martins Macedo Leite³, Deborah Bittencourt Mothé Fraga³, Claudia Ida Brodskyn³, Eduar Elías Bejarano¹

¹ Grupo Investigaciones Biomédicas-Universidad de Sucre

² Doctorado Microbiología Tropical-Universidad de Córdoba

³ Laboratório de Interação Parasito-Hospedeiro e Epidemiologia (LAIPHE)-Instituto Gonçalo Moniz

*Presentador: matilde.rivero@unisucra.edu.co

Las leishmaniasis se consideran un problema de salud pública en Colombia, donde existen aproximadamente 11 millones de personas en riesgo de adquirir la infección. El municipio de Ovejas, en la región caribe es un foco mixto histórico, donde se ha dado un cambio en el patrón epidemiológico de la leishmaniasis, presentándose casos

en el área urbana. Ejemplares caninos del municipio se han encontrado infectados con especies como *L. infantum*, *L. guyanensis* y *L. braziliensis*. Existe un amplio espectro de manifestaciones clínicas en caninos infectados con *Leishmania* spp., desde infección subclínica, perros con cuadros autoresolutivos, hasta una enfermedad severa que puede ser mortal. Uno de los factores que determina estos resultados es la respuesta inmune desplegada por los caninos. Por tanto, nos propusimos identificar perfil de citocinas en suero en un grupo de perros del área urbana del municipio de Ovejas, positivos para *Leishmania* spp. Se tomaron muestras de sangre de 111 caninos; se aplicaron pruebas serológicas (IFI, ELISA, pruebas rápidas) y moleculares (PCR-ITS 1 y qPCR-k-ADN) y con ayuda de tecnología Luminex, se evaluaron 12 proteínas (GM-CSF, IFN- γ , IL-2, IL-6, IL-7, IL-8, IL-15, IP-10 (CXCL10), IL-10, IL-18, MCP-1 (CCL-2), TNF- α) en estos caninos. Se obtuvo una frecuencia de infección de 44,14%; se encontró asociación de caninos seropositivos con edad superior a 15 meses. De los 49 caninos positivos, se evaluaron 29 de estos y 8 negativos, por Luminex. Se logró establecer que caninos seropositivos presentan concentraciones más altas de IL-2 y TNF- α ; caninos positivos por PCR evidenciaron mayores concentraciones de IL-15, IL-8 y GM-CSF. Se encontró además que perros infectados con *L. infantum* presentaban concentraciones más altas de IP-10. En conclusión, perros seropositivos e infectados presentaron un perfil inmunológico relacionado con proteínas proinflamatorias (IL-2, TNF- α , IL-15, IL-18, GM-CSF, IL-8, IP-10), que evidencian una respuesta mezclada con prevalencia de respuesta Th1, que podría llevar a limitar la infección.

Palabras clave: caninos, citocinas, leishmaniasis, perfil inmunológico

Detección de *Trypanosoma* spp. y *Leishmania* spp. (Kinetoplastea: Tripanosomatidae) en murciélagos de tres municipios del departamento del Atlántico Colombia

Brendy Alcira Padilla-Obregón^{1*}, Roberto García-Alzate¹, Iván Benavides-Céspedes¹, Yeisson Cera-Vallejo²

¹ Facultad de Ciencias Básicas, Universidad del Atlántico, Colombia

² Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Norte, Colombia

*Presentador: balcirapadilla@mail.uniatlantico.edu.co

Los murciélagos son mamíferos voladores que debido a su diversidad alimenticia cumplen diversas funciones ecológicas. Son considerados hospedadores de hemoflagelados de la familia Tripanosomatidae, incluye géneros que representan problemas en la salud pública como el ámbito veterinario, al ser agentes etiológicos de varias enfermedades. El departamento del Atlántico cuenta con la presencia de especies vectoras de agentes etiológicos de gran importancia como *Trypanosoma* y *Leishmania*, pero el conocimiento sobre hospedadores sigue siendo escaso. El objetivo de este trabajo fue determinar la frecuencia de infección por tripanosomátidos en murciélagos capturados en los municipios de Piojó, Tubará y Usiacurí - Atlántico. Para ello, se emplearon dos redes de niebla abiertas entre las 18:00h y 22:00h (esfuerzo de captura 4 hora/hombre). Se tomó muestra de sangre de la vena braquial que fue destinada para una observación directa al microscopio y a tubos con EDTA para realizar el análisis molecular, extracción de ADN y PCR punto final. La detección molecular de estos parásitos se realizó por medio de la técnica de PCR, dirigidas al ADN del kinetoplasto (ADNk), a la región 18S ARNr y a la región de la β tubulina. Fueron capturados un total de ciento catorce murciélagos (N=114), de los cuales 16 (14.0%) resultaron positivos para presencia de tripanosomátidos, donde cuatro (3.51%) mostraron resultados positivos para el género *Trypanosoma*, ocho (9.65%) para el género *Leishmania*, y tres (2.3%) para ambos géneros. Entre las especies representativas se logró identificar *Artibeus lituratus*, *Artibeus jamaicensis*, y *Phyllostomus hastatus*. Las especies *Carollia perspicillata*, y *Pteronotus gymnonotus* amplificaron para la presencia de ADNk, pero

no mostraron amplificación para las dirigidas a los géneros. Este estudio constituye la primera evidencia de la participación de los murciélagos en el ciclo de transmisión de tripanosomátidos en los tres municipios del departamento Atlántico.

Palabras clave: hospedador, infección natural, tripanosomátidos

Utilidad de la muestra de conjuntiva como herramienta en el diagnóstico de leishmaniasis canina en Ovejas, Sucre

Wilmer Andrés MejíaChimá^{1*}, Oscar Yesid Perez-Vargas¹, Matilde Elena Rivero-Rodríguez, Luis Enrique Paternina-Tuiran¹, Eduar Elías Bejarano-Martínez

¹ Grupo Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, SincelejoColombia

*Presentador: wilmer97mejia@gmail.com

En Colombia, la leishmaniasis canina (LCan) es una zoonosis de gran importancia en salud pública por su potencial impacto en la ocurrencia de casos humanos de la enfermedad. En el país, la vigilancia epidemiológica de LCan se realiza con pruebas serológicas, que requieren el uso de muestras sanguíneas, las cuales son consideradas invasivas. El objetivo de esta investigación fue evaluar la utilidad de la muestra de conjuntiva respecto a la de sangre, para detección molecular de *Leishmania* spp. empleando además como referencia una prueba serológica, en perros del municipio de Ovejas, departamento de Sucre. Para ello se tomaron muestras de sangre e hisopados de conjuntiva de ambos ojos de 121 perros de este municipio. Posteriormente, se aplicó la prueba rápida serológica Kalazar Detect CanineTM de InBios y se realizó una PCR de ITS-1 de *Leishmania* a las muestras tomadas. Se encontró que las muestras evaluadas por separado detectaron similar frecuencia de infección en los caninos: 17.4% (n = 21/121) en sangre y 16.5% (n = 20/121) en conjuntiva. Sin embargo, con respecto a la prueba serológica, la combinación de los resultados obtenidos en los hisopados conjuntivales mostró un mayor desempeño diagnóstico en comparación con las muestras sanguíneas. De este modo, se validaría así el uso alternativo de muestras de conjuntiva para la detección de infección por *Leishmania* en perros del municipio de Ovejas, Sucre, con la ventaja adicional de ser una muestra no invasiva y más fácil y práctica de tomar que la muestra de sangre.

Financiado: Proyecto Código BPIN 2020000100024

Palabras clave: conjuntiva, diagnóstico, leishmaniasis, sangre

Tripanosomátidos en mamíferos silvestres presas de tráfico ilegal en Boyacá, Colombia

Rosa María Viviana Gómez^{1*}, Adriana Castillo-Castañeda^{2,3}, Omar Cantillo-Barraza^{2,4}, Enrique Castellano Lizcano⁵, Diana Carolina Hernández, Juan David Ramírez⁶

¹ Grupo IRABI, Facultad de Ciencias Agrarias y Ambientales. Fundación Universitaria Juan de Castellanos, Tunja Boyacá

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

³ Centro de Investigación de Enfermedades Tropicales de la Universidad de Salamanca, Universidad de Salamanca, Salamanca, España

⁴ Grupo BCEI, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁵ Hogar de paso de fauna silvestre Fundación Universitaria Juan de Castellanos y Corpoboyaca

⁶ Department of Pathology, Molecular and Cell-Based Medicine, Division of Microbiology, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY 10029, USA

*Presentador: rgomez@jdc.edu.co

El tráfico de especies silvestres se considera uno de los ilícitos más lucrativos a nivel global y siendo uno de los mayores problemas en la conservación de la diversidad biológica en especial en África, América Latina y Asia. El movimiento de las especies conlleva a extinción local, regional y global, así como riesgo en la salud pública por la pérdida de fronteras entre el contacto humano y la fauna silvestre. En el departamento de Boyacá se han identificado extracciones de animales de áreas naturales y paso desde los llanos orientales colombianos a Bogotá para movimientos nacionales e internacionales de la fauna traficada. Las corporaciones autónomas regionales buscan recuperar esta fauna para rehabilitar y ser devuelta a sus hábitats naturales, para lo cual se cuenta con centros de recepción especializados. En Soracá (Boyacá) la Fundación Universitaria Juan de Castellanos y Corpoboyaca cuentan con un hogar de paso de fauna silvestre en la que se recibe aquellos animales que son incautados, recuperados y rescatados por las autoridades nacionales con el fin de dar bienestar a los especímenes. Se obtuvo muestra sanguínea de once de los mamíferos ingresados: *Cebus albifrons* (7), *Sapajus apella* (2), *Potos flavus* (1) y *Leopardus pardalis* (1), a partir de punción y colectadas en papel filtro Whatman, posteriormente fueron procesadas y analizadas por medio de PCR convencional para identificar infección por *Trypanosoma* spp. y *Leishmania* spp. A partir de las muestras se realizó la comparación de las secuencias amplificadas en Blastn para asignar la especie correspondiente. Ocho de las once muestras presentaron amplificación para *Trypanosoma cruzi*, cuatro para *Leishmania* spp. y dos tanto para *Leishmania* como para *T. cruzi*; solo uno de los once animales fue negativo para los dos microorganismos. El contacto directo con estos animales en las condiciones de contagio conlleva a un importante impacto en la salud pública y la evidencia hallada en esta investigación, alerta a las instituciones de manejo de fauna a incrementar el diagnóstico de agentes infecciosos zoonóticos y con relevancia en situaciones de emergencia o reemergencia.

Palabras clave: animales silvestres, reservorio, salud pública, tráfico de fauna, vector

Primer reporte de *Trypanosoma cruzi* y *Trypanosoma* spp. en *Didelphis marsupialis* en el departamento del Atlántico

Yeisson David Cera-Vallejo^{1,2*}, Claudia María Romero-Vivas¹, Roberto José García-Alzate^{2,3}, Daisy Johana Lozano-Arias³

¹ División ciencias de la salud, Departamento de Medicina, Grupo de investigación en enfermedades tropicales - Universidad del Norte, Puerto Colombia-Atlántico

² Ciencia, Educación y Tecnología, CETIC, Facultad Ciencias Básicas. Universidad del Atlántico, Puerto Colombia-Colombia

³ Facultad ciencias de la salud, Programa de medicina, Fundación Universitaria San Martín. Sede Puerto Colombia

*Presentador: cyeisson@uninorte.edu.co

Colombia es un país endémico para la tripanosomiasis americana y/o enfermedad de Chagas (ECh), en el territorio existe una alta prevalencia de infección por *Trypanosoma cruzi* en humanos y alta infección natural en vectores y mamíferos de vida silvestre. No existen casos autóctonos en Bogotá, San Andrés Islas y Atlántico, este último reporta la presencia de triatomíneos infectados, y potenciales mamíferos hospedadores, por tal motivo el objetivo fue determinar la presencia de *T. cruzi* en mamíferos silvestres en tres municipios del departamento

del Atlántico. Se recolectaron mamíferos silvestres por trampas Tomahawk y búsqueda activa en los municipios de Usiacurí, Tubará y Piojó. Un total de 12 *Didelphis marsupialis* fueron capturados, a los cuales se le extrajo un volumen de 5 mL de sangre por punción cardíaca, para análisis en fresco y posterior extracción de ADN y caracterización mediante Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) con cebadores dirigidos a las regiones del DNak, (121-122), Mini-exón (TC1, TC2, TC3 y ME), los productos resultantes de la PCR fueron sometidos a electroforesis por 50 min, a un voltaje de 80 V. Las bandas resultantes (330 pb para kinetoplasto, 660 pb para género *Trypanosoma* y 150pb para TC1) evidencian la positividad de ADN de *T. cruzi* del genotipo TCI en cinco individuos de la especie *D. marsupialis*, los individuos restantes que amplificaron al género *Trypanosoma* no han sido caracterizados hasta especie y genotipo, este es el primer registro de *T. cruzi* en mamíferos sinantrópicos y de vida silvestre en el departamento del Atlántico, estar favoreciendo un escenario propicio para la transmisión del parásito y aparición de casos autóctonos de ECh en el los habitantes de los municipios de estudio.

Palabras clave: Atlántico, *Didelphis marsupialis*, *Trypanosoma*

Frecuencia de infección por Tripanosomátidos en *Didelphis marsupialis* (Zarigüeya común) del Área Metropolitana de Bucaramanga, Colombia

Vladimir Quintero^{1*}, Angela Jiménez¹, Marisol Tique-Oviedo¹, Andrea Ardila¹, Lissa Cruz Saavedra², Juan David-Ramírez², Juan S. Mejía³, Jeiczon Jaimes-Dueñez¹

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia UCC, Bucaramanga, Colombia

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

³ Centro de Atención y Valoración de fauna silvestre (CAV), Corporación Autónoma Regional para la Defensa de la Meseta de Bucaramanga CDMB

*Presentador: vladimir.quintero@campusucc.edu.co

Didelphis marsupialis es considerado el principal reservorio sinantrópico de la infección por Tripanosomátidos en América Latina y del cual, en el nororiente colombiano se conocen muy poco sobre su importancia como reservorio de estas infecciones. El objetivo de este trabajo fue determinar la frecuencia de infección por *Trypanosoma cruzi* y *Leishmania* spp., en *D. marsupialis* del área metropolitana de Bucaramanga (AMB), una de las principales metrópolis de Colombia. Un total de 11 *D. marsupialis*, provenientes de actividades de rescate de fauna silvestre, adelantadas por el personal de la Policía Ambiental del AMB y del Grupo de Fauna Silvestre de la CDMB, fueron muestreados para recolectar muestras sanguíneas y analizar las frecuencias de infección anteriormente mencionadas mediante métodos moleculares. Un total de tres individuos (27%) fueron positivos a *Leishmania* spp., mediante la amplificación del marcador *Hsp70*, mientras que dos (18%) fueron positivos a *T. cruzi*, con base en el marcador satélite. Un individuo fue positivo a la amplificación de ambos marcadores. Los animales positivos provenían del casco urbano de los municipios de Bucaramanga (2/4) y Floridablanca (2/4). Respecto al sexo, el 60% de los individuos positivos eran hembras. Este es el primer estudio de infección por tripanosomátidos en marsupiales del AMB, el cual demuestra una considerable frecuencia de infección por *T. cruzi* y *Leishmania* spp., en estos hospederos, y que confirman su importancia como reservorios de estos parásitos en zonas urbanas. Actualmente se están secuenciando los productos del marcador *Hsp70* mediante tecnologías de nueva generación (NGS), con el objetivo de identificar las especies de *Leishmania* y posibles coinfecciones con otros tripanosomátidos.

Palabras clave: fauna, *Leishmania* spp, marsupiales, tripanosomátidos



RESÚMENES SIMPOSIO ÓMICAS BIOMARCADORES ASOCIADOS A LA ENFERMEDAD DE CHAGAS Y LEISHMANIASIS

VIII

Reunión Colombiana
Leishmaniasis y enfermedad
de Chagas



**UNIVERSIDAD
DE ANTIOQUIA**

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Identificación de un nuevo biomarcador para la enfermedad de Chagas en fase crónica utilizando Bio-SELEX

Mateo Morales-Velásquez^{1*}, Juan P. Barón-Vera¹, Maria I. Osorio Pulgarín¹, Miryan M. Sánchez-Jiménez¹,
Juan D. Ospina-Villa¹

¹ Instituto Colombiano de Medicina Tropical - ICMT, Universidad CES

*Presentador: morales.mateo@uces.edu.co

La Enfermedad de Chagas (EC) es una de las enfermedades infecciosas más relevantes a nivel de salud pública en el continente americano siendo Colombia uno de los países de América Latina que más pacientes en fase aguda capta al año. La EC es causada por el protozooario *Trypanosoma cruzi* y se transmite principalmente por medio de un vector conocido como triatomino, y en menor medida por ingestión de alimentos contaminados, transfusión sanguínea, trasplante de órganos o de manera congénita por vía transplacentaria de una madre infectada a su feto. El diagnóstico de la EC, principalmente en fase crónica carece de métodos diagnósticos eficientes y las pruebas más sensibles como la PCR, la ELISA y la Inmunofluorescencia indirecta solo se pueden realizar en laboratorios especializados. Utilizando las proteínas totales extraídas de muestras de pacientes con diagnóstico confirmado de EC en fase crónica; realizamos la estrategia Bio-SELEX. Los aptámeros se seleccionaron mediante secuenciación de próxima generación (NGS). Usando el mejor aptámero se aislaron los potenciales biomarcadores presentes en las muestras de suero de pacientes con EC en fase crónica, luego empleando espectrometría de masas y pull-down, identificamos el biomarcador. El aptámero CH1 fue el aptámero seleccionado después del análisis de resultados NGS. Los experimentos de espectrometría de masas y pull-down permitieron identificar la presencia de la subunidad alfa de la ATPasa de *T. cruzi* en muestras de suero de pacientes con EC en fase crónica. Presentamos aquí por primera vez la subunidad alfa de la ATPasa de *T. cruzi* como un nuevo biomarcador para la EC en fase crónica y el aptámero CH1 como una herramienta potencial para el diagnóstico de EC.

Palabras clave: aptámeros, biomarcadores, Bio-SELEX, enfermedad de Chagas

Cambios en la expresión génica durante la metaciclologénesis de *Trypanosoma cruzi*

Paola García-Huertas^{1*}, Yesid Cuesta-Astroz¹, Valentina Araque-Ruiz¹, Nora Cardona-Castro¹

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

*Presentador: pgarciah@ces.edu.co

Durante su ciclo de vida, el parásito *Trypanosoma cruzi* sufre diferentes cambios para adaptarse a las condiciones del insecto vector y el hospedero mamífero. Uno de los más importantes, es el paso de epimastigotes a tripomastigotes metacíclicos, conocido como metaciclologénesis. En esta diferenciación, el parásito adquiere la habilidad de infectar una variedad de especies de mamíferos, incluyendo los humanos, y potencialmente desarrollar la enfermedad de Chagas. En este trabajo, se analizó el transcriptoma de tripomastigotes metacíclicos y epimastigotes con el fin de identificar genes expresados diferencialmente que puedan estar involucrados en metaciclologénesis. Brevemente, se realizó la inducción de la metaciclologénesis *in vitro* para obtener los tripomastigotes metacíclicos. Se secuenció por triplicado el mRNA de epimastigotes y tripomastigotes metacíclicos con Illumina y el análisis de expresión diferencial de genes se realizó con DESeq2. Se encontraron 513 genes diferencialmente expresados en tripomastigotes metacíclicos, de ellos 221 estaban sobre-expresados y 292 sub-

expresados. Los análisis mostraron que estos genes están relacionados con procesos biológicos que son relevantes en metaciclologénesis. Se encontró que la mayoría de los genes asociados con infectividad y regulación de la expresión génica estaban sobre-expresados en los tripomastigotes metacíclicos, mientras que genes involucrados en división celular, replicación de DNA, metabolismo, diferenciación y citoesqueleto estaban principalmente sub-expresados. Los resultados obtenidos en este trabajo generan nuevo conocimiento sobre la biología de *T. cruzi*. Verificar la participación de algunos de estos genes en la metaciclologénesis de *T. cruzi* es de gran interés, ya que pueden ser usados, a futuro, como potenciales blancos en el diseño de medicamentos para la enfermedad de Chagas.

Palabras clave: diferenciación, metaciclologénesis, transcriptoma, *Trypanosoma cruzi*

Perfiles transcriptómicos permiten discriminar pacientes que desarrollarán cardiopatía chagásica crónica

Carolina Duque^{1*}, Jill Hakim², Jaime So², Kelly DeToy³, David Martin⁴, Rachel Marcus⁵, Robert Gilman³,
Monica Mugnier²

¹ Department of Pathology, Johns Hopkins University School of Medicine, Baltimore, MD, USA

² Department of Molecular Microbiology and Immunology, Johns Hopkins Bloomberg School of Public Health, Baltimore, Maryland, USA

³ Department of International Health, Johns Hopkins Bloomberg School of Public Health, Baltimore, Maryland, USA

⁴ Department of Medicine, Brigham and Womens Hospital

⁵ Medstar Union Memorial Hospital, Washington, District of Columbia, USA

*Presentador: cduque1@jhmi.edu

La enfermedad de Chagas afecta aproximadamente a 8 millones de personas. Se estima que el 20-40% de los infectados desarrollará cardiopatía chagásica crónica (CCC) la cual puede ser letal. Actualmente no hay forma de predecir cuales pacientes desarrollarán CCC, y los mecanismos que llevan a la progresión de CCC son pobremente entendidos. Este estudio tiene como objetivo identificar biomarcadores de la progresión de CCC mediante el análisis transcriptómico de muestras sanguíneas en pacientes con Chagas antes de la progresión. Los pacientes infectados fueron evaluados anualmente usando electrocardiogramas, ecocardiogramas y entrevistas clínicas. Los pacientes se clasificaron en 3 grupos: 1) no progresores: pacientes que a lo largo del estudio permanecieron en estadio asintomático (estadio A), 2) progresores asintomáticos: pacientes que desarrollaron cambios en el electrocardiograma indicativos del estadio B, y 3) progresores sintomáticos: pacientes que desarrollaron fracciones de eyección reducidas y síntomas de insuficiencia cardíaca características del estadio C. Los grupos evaluados fueron emparejados por sexo y edad. El análisis bioinformático de la secuenciación del RNA fue dirigido a investigar la expresión génica, la composición de las células inmunes y el tipo HLA. Comparando progresores asintomáticos vs. no progresores, 31 genes fueron identificados como diferencialmente expresados (GDE). Estos genes se asociaron significativamente con funciones inmunológicas y de remodelación, y aumentos significativos en las células B de memoria, macrófagos M2 y eosinófilos. Comparando progresores sintomáticos vs. no progresores, se identificaron 85 GDEs. En este caso estos genes se asociaron significativamente con la morfogénesis muscular, la regulación de la adhesión célula-célula y la respuesta de defensa a patógenos intracelulares. La progresión a CCC mostró no estar asociada significativamente con el tipo de HLA. Resumiendo, el análisis transcriptómico en sangre de pacientes con Chagas puede discriminar individuos que progresarán a CCC. Nuestros hallazgos pueden ayudar a diseñar estrategias moleculares de monitoreo de la progresión de la enfermedad y orientar el desarrollo de terapias eficientes durante la fase crónica.

Palabras clave: biomarcadores, cardiomiopatía, Chagas, inmunología, transcriptómica

Consolidación de una firma molecular de curación en la leishmaniasis cutánea se alcanza en los primeros 10 días de tratamiento

Lina Fernanda Giraldo-Parra^{1,2*}, David Esteban Rebellon-Sanchez^{1,3}, Adriana Navas^{1,4}, Ashton Trey Belew^{5,6}, Najib M El-Sayed^{5,6}, María Adelaida Gómez^{1,2}

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

² Universidad Icesi, Calle 18, 122-135. Cali, Colombia

³ Fundación Valle del Lili, Centro de Investigaciones Clínicas (CIC), Cali-Colombia

⁴ Department of Internal Medicine and Radboud Center for Infectious Diseases (RCI), Radboud university medical centre, Nijmegen, The Netherlands

⁵ Department of Cell Biology and Molecular Genetics, University of Maryland, College Park, Maryland, USA

⁶ Center for Bioinformatics and Computational Biology, University of Maryland, College Park, Maryland, USA

*Presentador: lfgiraldo@cideim.org.co

La respuesta inmune es fundamental en la patogénesis de la leishmaniasis cutánea (LC). Sin embargo, la mayor parte del conocimiento actual sobre la respuesta inmune en la leishmaniasis humana se derivan del análisis de las respuestas sistémicas, que sólo reflejan parcialmente lo que ocurre en la piel. En este estudio caracterizamos la dinámica transcripcional de las lesiones cutáneas durante el curso del tratamiento de los pacientes con LC, e identificamos firmas génicas y vías asociadas a las respuestas curativas y no curativas. Realizamos perfiles transcriptómicos comparativos de biopsias seriadas de lesiones cutáneas de pacientes con LC obtenidas antes, a mitad y al final del tratamiento. De los 12 pacientes evaluados, cinco curaron y siete presentaron falla terapéutica. Un análisis de componentes principales de las muestras recogidas de todos los pacientes en los tres puntos temporales mostró una separación predominante de las muestras por visita a lo largo del componente principal 1. Las muestras de mitad y final de tratamiento se agruparon juntas e independientemente de las muestras pre-tratamiento. Se produjeron grandes cambios transcripcionales al comparar mitad de tratamiento con pre-tratamiento (genes con mayor expresión diferencial), y una variabilidad mínima en los transcriptomas de final de tratamiento frente a mitad de tratamiento. Los perfiles transcripcionales hallados en nuestro estudio muestran que la curación de las lesiones de LC mediada por fármacos depende de la activación de vías relacionadas con el desarrollo del estrato córneo, las interacciones de la superficie celular con integrinas, la organización de la matriz extracelular y la inhibición de vías relacionadas con la respuesta inflamatoria, como la supresión de la respuesta mediada por células T y la amortiguación de la activación de neutrófilos. Estos mecanismos de cicatrización inducidos por fármacos se estabilizan a mitad del tratamiento (día 10), aunque no es fenotípicamente evidente hasta final de tratamiento (o incluso más tarde, 3-6 meses después del tratamiento), lo que indica que éste es un momento ideal para intervenir clínicamente. Este trabajo proporciona información sobre los factores que contribuyen a la resolución efectiva de las lesiones cutáneas causadas por *L. viannia* y la identificación de dianas terapéuticas de intervención.

Palabras clave: dinámica transcripcional, *Leishmania viannia*, RNA-seq

Ensamblaje a nivel de cromosomas y con separación de haplotipos de una cepa colombiana de *Trypanosoma cruzi*

Maria Camila Hoyos Sanchez¹, Hader Sebastian Ospina Zapata², Brayhan Dario Suarez², Carlos Ospina², Hamilton Julian Barbosa², Julio Cesar Carranza Martinez², Gustavo Adolfo Vallejo², Daniel Urrea Montes², Jorge Duitama^{1*}

¹ Ingeniería de Sistemas y Computación, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia

² Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical (LIPT), Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

*Presentador: ja.duitama@uniandes.edu.co

Chagas es una enfermedad tropical causada por el parásito *Trypanosoma cruzi*, endémica en diferentes regiones de Latinoamérica. La alta variabilidad intraespecie y la complejidad del genoma de *T. cruzi* ha dificultado el desarrollo de bases de datos de información genómica para llevar a cabo estudios de evolución, genómica de poblaciones e identificación de elementos genéticos relacionados con virulencia y resistencia a medicamentos. En este trabajo generamos un ensamblaje de genoma completo, incluyendo separación de haplotipos en un aislado obtenido del reservorio *Didelphis marsupialis* en el departamento del Tolima (Dm25) correspondiente a la DTU TcI. Se obtuvieron 4Gbp en lecturas de PacBio HiFi, con un tamaño de lectura promedio de 21 kbp. Combinando ensamblajes obtenidos con las herramientas NGSEP y HiFiAsm, se obtuvo un haplotipo primario compuesto por 32 cromosomas de los cuales 30 fueron ensamblados en un solo contig. Mientras que 29 de los 32 cromosomas tienen alta colinealidad y relación uno a uno con el ensamblaje de la cepa Brasil A4, tres cromosomas muestran una alta divergencia, relacionada con la distribución de familias de elementos repetitivos y familias multigénicas. Combinando la información de profundidad con presencia de variantes heterocigotas, se concluye que la cepa es diploide, con tres aneuploidias. Construimos un segundo haplotipo que incluye los 31 cromosomas con más de una copia, logrando un promedio de tres contigs por cromosoma. Los estadísticos de evolución molecular calculadas sobre parejas de ortólogos correspondientes a genes constitutivos permiten diferenciar las cepas TcI de las cepas de otras DTU y a su vez permite confirmar que *T. cruzi* marinkellei se separó de las demás cepas antes de la diversificación de las DTU conocidas. Los parálogos en tandem de familias multigénicas son mucho más recientes que los parálogos distribuidos por el genoma y la presión de selección en estos genes es más relajada que la observada para genes constitutivos, con excepción de los genes de la familia DGF. El haplotipo primario incluye un ensamblaje completo del genoma del maxicírculo, sobre el cual se identificaron 20 genes en la región conservada y dos estructuras repetitivas en la región hipervariable.

Financiado: Ministerio de ciencia, tecnología e innovación de Colombia. Patrimonio Autónomo Fondo Nacional de Financiamiento Para la Ciencia, la Tecnología Y la Innovación Francisco José de Caldas. Contrato 80740-441-2020, otorgado a Jorge Duitama.

Palabras clave: Chagas, ensamblaje, evolución, genoma, *Trypanosoma cruzi*

Variante de un solo nucleótido del gen *ITGAM* está asociada con el desarrollo de Cardiomiopatía Chagásica Crónica

William Fernando Chaparro-Pico^{1*}, Mayra Alejandra Jaimes-Campos¹, Marialbert Acosta-Herrera², Desiré Casares-Marfil², Javier Martín Ibáñez², Clara Isabel González Rugeles¹

¹ Grupo de Inmunología y Epidemiología Molecular (GIEM), Escuela de Microbiología, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

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

*Presentador: william2228578@correo.uis.edu.co

La enfermedad de Chagas (ECh), es una enfermedad infecciosa causada por el parásito *Trypanosoma cruzi*, esta enfermedad es endémica en la mayoría de los países de América Latina y se estima que en el mundo hay entre 6 y 7 millones de personas infectadas. La ECh se presenta en tres fases clínicas; aguda, indeterminada y crónica. De estas fases, la aguda y la crónica representan grandes retos a nivel clínico en cuanto a tratamiento, diagnóstico y pronóstico. Una de las consecuencias más frecuentes y severas de la ECh y que se presenta en la fase crónica, es la Cardiomiopatía Chagásica Crónica (CCC) la cual ocurre en cerca del 30% al 40% de los pacientes. El hecho de que un porcentaje diferencial del total de los individuos infectados por *T. cruzi* desarrolle CCC resalta el rol del componente genético del hospedero en la enfermedad. Este estudio evaluó las regiones génicas previamente asociadas con el desarrollo de CCC en cuatro poblaciones latinoamericanas de áreas endémicas de ECh mediante un estudio de casos y controles en 3413 individuos clasificados como seronegativos (n=1104), seropositivos asintomáticos (n=1328) y con CCC (n=981) de poblaciones colombianas, argentinas, bolivianas y brasileñas. El análisis se realizó con los resultados obtenidos de un estudio de asociación de genoma completo (GWAS) realizado por la Red Iberoamericana de Medicina Genómica en Enfermedad de Chagas, RIMGECH que utilizó la micromatriz de Illumina Global Screening Array y los datos imputados del servidor de la Universidad de Michigan. Se seleccionaron 56 regiones genéticas ($\pm 2\text{kb}$) asociadas en estudios previos con la ECh y los SNPs significativos fueron analizados mediante metaanálisis. Este estudio permitió identificar un SNP del gen ITGAM (rs76133734) ($p=8.58 \times 10^{-3}$) asociado al desarrollo de CCC. Este gen codifica para la Integrina alfa M, molécula que actúa a nivel de los procesos de adhesión celular y está expresada predominantemente en células del sistema inmune y cumple un papel importante en los procesos de adhesión y migración de estas células en procesos inflamatorios y de respuesta inmunitaria. Este hallazgo resalta el papel del componente genético del hospedero y el papel que juega el sistema inmune en el desarrollo de CCC.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, GWAS, ITGAM, SNPs, *Trypanosoma cruzi*

Maxicírculos del kDNA sugieren la presencia de haplogrupos en aislados colombianos de *Leishmania* pertenecientes al subgénero *Viannia*

Germán Andrés Duarte-Olaya^{1*}, Aura Maria Rodriguez-Guzman¹, Laura González², Diana Marcela-Parra², Ana Maria-Clavijo³, Julio César Carranza-Martínez¹, Gustavo Adolfo-Vallejo¹, Jorge Duitama², María Clara Echeverry³, Carlos Muskus⁴, Daniel Alfonso Urrea-Montes¹

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

² TICSw: Tecnologías de Información y Construcción de Software, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia

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

⁴ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET), Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

*Presentador: gafeliped@ut.edu.co

La leishmaniasis es una enfermedad zoonótica causada por los protozoos intracelulares del género *Leishmania*. De acuerdo con los reportes epidemiológicos, las principales especies causantes de la Leishmaniasis cutánea en Colombia son especies del subgénero *Viannia* (*Leishmania braziliensis*, *L. panamensis*, y *L. guyanensis*). Actualmente, se cuenta con información limitada acerca de la existencia de linajes o poblaciones de las especies de *Leishmania* pertenecientes al subgénero *Viannia* en Colombia. El análisis del ADN del cinetoplasto (kDNA) ha mostrado ser útil en la identificación de especies, estudios filogenéticos y evolutivos en tripanosomátidos; sin embargo, la información acerca de la variabilidad genómica del kDNA de especies de *Leishmania* circulantes en Colombia es limitada. El presente trabajo tuvo como objetivo evaluar la presencia de posibles genotipos o

subpoblaciones entre los aislados colombianos del de *L. braziliensis*, *L. panamensis* y *L. guyanensis* mediante análisis de variabilidad genética y redes haplotípicas a partir de maxicírculo del kDNA. Se secuenciaron 44 aislados colombianos de especies de *L. braziliensis*, *L. panamensis* y *L. guyanensis* pertenecientes a los departamentos de Antioquia, Caquetá, Caldas, Chocó, Córdoba, Guainia, Guajira, Guaviare, Meta y Putumayo por tecnología Illumina HiSeq (150 pb paired-end reads. 350 pb insert). La calidad de las lecturas fue evaluada mediante el software FastQC y las bases con valores phred inferiores a 30 fueron filtradas mediante el programa PRINSEQ. Para el análisis genómico, se obtuvo de *novo* un genoma de referencia colombiano del maxicírculo de *L. braziliensis* basado en secuenciación Oxford Nanopore, el cual se empleó para evaluar la variación nucleotídica por medio del software NGSEP versión 4.3.1. Los alineamientos fueron procesados en el software DNAsp para determinar el número de haplogrupos presentes para todos los aislados y estos fueron graficados en el software NETWORK, lo que permitió visualizar el comportamiento de estos haplogrupos inter e intra-especie. En los 44 individuos se identificaron más de 20 haplotipos de los cuales aproximadamente el 50 % corresponde a aislados individuales. La genealogía de haplotipos produjo un total de 4 haplogrupos interrelacionados con respecto a su especie y origen geográfico, lo cual nos permitió analizar el comportamiento entre y dentro de las especies de *Leishmania* presentes en Colombia.

Palabras clave: Colombia, genómica, haplogrupos, *Leishmania*, maxicírculo

Asociación de variantes genéticas del gen *Masp2* y susceptibilidad a infección por *Trypanosoma cruzi*

Nathalia Bueno^{1*}, Mayra Jaimes¹, William Fernando Chaparro¹, Martha Lucía Díaz¹, Clara Isabel González Rugeles¹

¹ Grupo de Inmunología y Epidemiología Molecular, GIEM, Escuela de Microbiología, Universidad Industrial de Santander, Colombia

*Presentador: nathaliabuenoariza@gmail.com

La enfermedad de Chagas (ECh), es una patología compleja que resulta de la interacción dinámica entre factores genéticos del hospedero y el parásito. Durante la etapa crónica, cerca del 30-40% de los individuos infectados presenta complicaciones cardíacas o digestivas. Estudios previos han informado sobre la asociación de diferentes variantes genéticas con el desarrollo de la Cardiomiopatía Chagásica Crónica (CCC). Este estudio evaluó las regiones génicas previamente asociadas con el desarrollo de CCC en cuatro poblaciones latinoamericanas de áreas endémicas de ECh mediante un estudio de casos y controles en 3,413 individuos clasificados como seronegativos (n=1,104), seropositivos asintomáticos (n=1,328) y con CCC (n=981) de poblaciones colombianas, argentinas, bolivianas y brasileñas. El análisis se realizó con los resultados obtenidos de un estudio de asociación de genoma completo (GWAS) realizado por la Red Iberoamericana de Medicina Genómica en Enfermedad de Chagas, RIMGECH que utilizó la micromatriz de Illumina Global Screening Array y los datos imputados del servidor de la Universidad de Michigan. Se seleccionaron 56 regiones genéticas (± 2 kb) asociadas en estudios previos con la ECh y los SNPs significativos fueron analizados mediante metaanálisis. Este estudio permitió identificar un SNP del gen *Masp* (rs9430176) ($p=0.0110$; OR 1.178019) asociado a susceptibilidad a infección por *T. cruzi*. Este gen ubicado en el brazo largo del cromosoma tres codifica para una proteína serina-proteasa-2 (MASP-2) de unión a manosa (MBL), la cual desempeña un papel crucial en la respuesta inmune innata, ya que está involucrada en la activación del sistema del complemento mediante la vía de las lectinas. Se ha observado asociación de las variantes genéticas del gen y diversas enfermedades autoinmunes, inflamatorias e infecciosas. En el caso de la ECh se ha reportado un mayor riesgo de CCC cuando se encuentran concentraciones bajas de *Masp-2* y altas

de MBL ya que se observa una mayor actividad inflamatoria. Finalmente, en este estudio consideramos que la posible variabilidad del gen *Masp2* influye en la interacción entre MASP-2 y los componentes de la superficie de *T. cruzi*, inhibiendo la activación del sistema del complemento lo que podría disminuir la respuesta inmune y aumentar la susceptibilidad a la infección promoviendo la persistencia del parásito en el huésped.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, GWAS, *Masp2*, SNPs, *Trypanosoma cruzi*

Proteómica cuantitativa de alta profundidad en cepa de *L. infantum* inducida a resistencia frente a SbIII

Adriana Castillo-Castañeda^{1,2*}, Raúl Manzano², Julio López Abán², Juan David Ramírez González^{1,3}

¹ Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología de la Universidad del Rosario, Universidad del Rosario, Bogotá, Colombia

² Centro de Investigación de Enfermedades Tropicales de la Universidad de Salamanca, Universidad de Salamanca, Salamanca, España

³ Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, USA

*Presentador: adrianac.castillo@urosario.edu.co

La leishmaniasis visceral (LV) es la forma clínica más severa de la enfermedad debido a la morbilidad y mortalidad asociada. A nivel mundial se ha definido que las especies del complejo *donovani* y *L. archibaldi* son las causantes de esta forma clínica de la leishmaniasis, y para el caso específico de las Américas, la especie asociada a la enfermedad es *Leishmania infantum*; sin embargo, eventualmente se han reportado casos en humanos y caninos relacionados con especies como *L. amazonensis*, *L. colombiensis* y *L. braziliensis*. En la actualidad, se disponen de alternativas terapéuticas limitadas para el tratamiento de la LV tales como los antimoniales, la anfotericina B y la miltefosina; ya que la expansión y/o surgimiento de la falla terapéutica y resistencia antiparasitaria han aumentado a lo largo del tiempo y los territorios, por lo que se hace imperante la comprensión y obtención de información que permita buscar nuevas alternativas terapéuticas o mejorar las existentes. En el actual estudio se tuvo como objetivo caracterizar los cambios proteómicos de *L. infantum* con resistencia inducida al estibogluconato de sodio trivalente (SbIII) en comparación con su parenteral silvestre por medio de proteómica cuantitativa de alta profundidad. Dentro las proteínas de la cepa resistente que presentaron cambios en la expresión en comparación con la silvestre, se encuentran proteínas asociadas a bombas de expulsión, metabolismo de lípidos, transporte de metales y señalización intracelular; adicionalmente, dentro de las proteínas con mayor cantidad de cambios en su expresión se encuentra un grupo de putativas que están en estudio. Estudios proteómicos en los que se utilicen tecnologías de secuenciación y análisis de alta sensibilidad y profundidad son necesarias para afrontar el reto que representa la resistencia a los antileishmaniales en enfermedades de significativa mortalidad como la leishmaniasis visceral.

Palabras clave: estibogluconato de sodio trivalente, *Leishmania infantum*, proteómica, resistencia



RESÚMENES SIMPOSIO AVANCE EN EL DESARROLLO DE HERRAMIENTAS DIAGNÓSTICAS Y TERAPÉUTICAS

VIII

Reunión Colombiana
Leishmaniasis y enfermedad
de Chagas



**UNIVERSIDAD
DE ANTIOQUIA**

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Alteraciones del metabolismo energético de epimastigotes de *Trypanosoma cruzi* inducidas por el extracto de hexano de *Clethra fimbriata*

Daniel Pardo-Rodríguez^{1,2,3*}, Paola Lasso-Apraez⁴, Mary Santamaría-Torres³, Mónica Cala-Molina³, Concepción Puerta-Bula¹, Jorge Robles-Camargo², Claudia Cuervo-Patiño¹

¹ Grupo de Enfermedades Infecciosas, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, Colombia

² Grupo de Fitoquímica, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, Colombia

³ Core de Metabolómica, Vicerrectoría de investigación y creación, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia

⁴ Grupo de Inmunobiología y Biología Celular, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, Colombia

*Presentador: d.pardorodriguez@uniandes.edu.co

La enfermedad de Chagas (ChD), causada por *Trypanosoma cruzi*, es endémica en países de Latinoamérica y se estima que, gracias a las migraciones, alrededor de ocho millones de personas en todo el mundo están crónicamente infectadas. Actualmente, el tratamiento disponible es controvertido debido a dificultades asociadas con los efectos secundarios y la baja adherencia al tratamiento. Por lo tanto, existe la necesidad de buscar nuevos agentes tripanocidas. Recientemente, nuestro grupo de investigación encontró que el de extracto hexano de *Clethra fimbriata* (CFHEX) exhibe actividad antiparasitaria frente a los estadios de *T. cruzi*, siendo la apoptosis el principal mecanismo de muerte celular en las etapas de epimastigotes y tripomastigotes. Con el objetivo de profundizar en la comprensión de los mecanismos de muerte inducidos por CFHEX, se realizó un análisis metabolómico no dirigido multiplataforma (RP/HILIC-LC-QTOF-MS y GC-QTOF-MS) para evaluar las alteraciones provocadas en epimastigotes tras el tratamiento con el extracto. Un total de 154 compuestos alterados se encontraron en los parásitos tratados, correspondientes a aminoácidos, ácidos grasos, glicerofosfolípidos, tripanotion y ácidos carboxílicos. Las vías metabólicas más afectadas fueron principalmente las relacionadas con el metabolismo energético, el cual disminuyó con el tratamiento. Además, en los parásitos tratados se encontraron compuestos exógenos del tipo triterpeno, previamente descritos en *C. fimbriata*. Estos hallazgos sugieren que los compuestos del tipo triterpeno pueden contribuir a la actividad de CFHEX al alterar procesos esenciales en el parásito que desenlazan en muerte similar a apoptosis.

Financiado: Vicerrectoría de Investigación de la Pontificia Universidad Javeriana (ID 7733).

Palabras clave: *Clethra fimbriata*, enfermedad de Chagas, metabolismo energético, *Trypanosoma cruzi*

LAMP-PCR como método costo-efectivo para detectar y monitorear la enfermedad de Chagas

Sneider Alexander Gutierrez Guarnizo^{1*}, Anshule Takyar¹, Siena Defazio¹, Edith Malaga², Monica Mugnier³, Robert Gilman¹

¹ Department of International Health, Johns Hopkins University. Baltimore, MD. USA

² Laboratorio de Investigación en Enfermedades Infecciosas, Departamento de Ciencias Celulares y Moleculares. Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima. Perú

³ Microbiology and Immunology, Johns Hopkins University. Baltimore, MD. USA

*Presentador: sneider.gutierrez01@gmail.com

El tratamiento estándar para la enfermedad de Chagas es eficaz durante la fase aguda, pero se estima que

solo el 1% de los pacientes son tratados como resultado de un limitado diagnóstico oportuno. La mayoría de los métodos de diagnóstico basados en PCR actualmente disponibles son considerablemente costosos, no son portátiles y no tienen en cuenta la variabilidad genómica del parásito. Herramientas más específicas, sensibles y rentables son urgentemente necesarias para mejorar la detección temprana de la enfermedad de Chagas en regiones endémicas de bajos ingresos. Se diseñó una amplificación isotérmica mediada por bucle, conocida como LAMP por sus siglas en inglés (*Loop-mediated isothermal amplification*) para amplificar una región altamente conservada del gen HSP70 de *Trypanosoma cruzi*. Una serie de seis cebadores fueron manualmente diseñados para la amplificación isotérmica de un producto de 236 pb. La temperatura de fusión óptima y los valores delta G para evitar estructuras secundarias se estimaron usando la herramienta OligoAnalyzer (IDT). Nuestro protocolo amplificó el ADN de *T. cruzi* de todas las unidades de tipificación discretas evaluadas (DTU: I, II, IV, V y VI). La reacción no amplificó el ADN de *T. rangeli* o *Leishmania* utilizados como controles. El método propuesto fue capaz de detectar alrededor de 28 fg de ADN del parásito extraído de muestras de sangre infectada a 1X10⁶ epimastigotes/mL, equivalente a menos de un parásito/mL. El ADN del parásito pudo detectarse en diferentes tipos de muestras, incluyendo sangre total, coagulo y la capa leucocitaria. Este método es rápido, estable a la temperatura, económico, y el resultado puede revelarse usando luz visible. Este método portátil puede facilitar la detección y el seguimiento de pacientes en regiones endémicas para la enfermedad de Chagas.

Palabras clave: diagnóstico, enfermedad de Chagas, LAMP-PCR, *T. cruzi*

Análisis Comparativo de Pruebas rápidas para la detección de Anticuerpos Anti-*Trypanosoma cruzi* en Sueros Provenientes de Varias Regiones de Colombia

Norman L. Beatty^{1,2}, Omar Cantillo-Barazza³, Paola Vásquez Escobar³, Omar Triana-Chávez³

¹ University of Florida College of Medicine, Department of Medicine, Division of Infectious Diseases and Global Medicine, Gainesville, Florida, USA

² Emerging Pathogens Institute, University of Florida, Gainesville, Florida, USA

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

La enfermedad de Chagas (EC) afecta principalmente a personas que viven en condiciones de pobreza y vulnerabilidad, situaciones que facilitan el contacto por vía vectorial u oral con el agente causal de la EC, el parásito *Trypanosoma cruzi*. Las pruebas de diagnóstico rápido (RDTs) para EC presentan una gran utilidad para el desarrollo trabajos de campo y el diagnóstico en establecimientos de salud de zonas apartadas que no cuentan con equipos especializado y personal técnico capacitado en los algoritmos diagnósticos aprobados. El grupo de investigación BCEI de la Universidad de Antioquia, cuenta con un banco de serológico conformado por sueros positivos y negativos recolectados entre 2003 y 2023 en la Sierra Nevada de Santa Marta (SNSM), Urabá Antioqueño y los departamentos de Boyacá y Chocó. De este banco fueron seleccionados 102 sueros positivos y 90 sueros negativos, los cuales habían sido previamente caracterizados través de ELISA casera (IgG) y una Inmunofluorescencia Indirecta (IFI) IgG, sensibilizadas con cepas de *T. cruzi* circulantes en las mismas zonas geográficas de los sueros empleados. Estas pruebas serológicas presentan unos valores de sensibilidad y especificidad del 98% y 97% respectivamente. Los sueros seleccionados fueron empleados para evaluar el rendimiento de una prueba rápida de inmunocromatografía de flujo lateral (DPP® Chagas System; Chembio Diagnostic Systems, Inc.), la cual cuenta con un micro-lector digital, que permite interpretar los resultados de la misma y clasificarlos como: no-reactivo, indeterminado y reactivo. Siguiendo las indicaciones del fabricante, 5 µl de cada suero fueron evaluados con el DPP® Chagas System y el resultado leído a los 15 minutos. El resultado de la prueba mostró una sensibilidad del 98.88% [95% CI 93.96-99.97% (n=89/90)] verdaderos negativos y una especificidad de 97.05% [95% CI 91.65-99.39% (n=99/102)] verdaderos positivos. DPP® Chagas System,

presenta ventajas debido a su facilidad de uso y proporciona resultados con altos niveles de sensibilidad y especificidad en sueros de Colombia. El uso de esta plataforma diagnóstica para la presencia de anticuerpos *anti-T. cruzi* puede ser de gran utilidad para el desarrollo de diagnóstico en zonas de difícil acceso de Colombia con transmisión de la EC.

Palabras clave: diagnóstico, DPP® Chagas System, enfermedad de Chagas, *T. cruzi*

Diversidad genética de *T. cruzi*, expresión clínica y respuesta al tratamiento tripanocida en Colombia

Juan Carlos Villar¹, Luis David Sáenz¹, Antonia Camacho^{1*}, Lissa Cruz², Eliana Váquiro-Herrera¹, Karen Moreno-Medina¹, Julián Lugo-Peña¹, Juan David Ramírez², Mario Olivera³

¹ Departamento de investigaciones, Fundación Cardioinfantil, Bogotá-Colombia

² Grupo de investigaciones microbiológicas-UR, Universidad del Rosario

³ Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud (INS), Bogotá-Colombia

*Presentador: acamacho@lacardio.org

De los infectados por *Trypanosoma cruzi* (ITC), parasitosis endémica en Latinoamérica, una minoría puede desarrollar cardiomiopatía chagásica crónica (CCC). Este desenlace puede, entre otras causas, asociarse a la diversidad biológica y geográfica de los subtipos de parásitos infectantes. Identificar la variabilidad genética de los parásitos infectantes, y su posible asociación con su expresión clínica establecería las bases para un futuro tratamiento tripanocida (TT) dirigido, que pueda ser más efectivo y contribuir a la prevención y manejo integral de la CCC. Buscando explorar la relación genotipo parasitario-fenotipo clínico, se planeó un estudio observacional analítico partiendo de una muestra de individuos con ITC para conformar grupos de acuerdo con su progresión o no a CCC y exposición o no a TT. Se busca tener al menos 150 de ellos con PCR positiva para su posterior genotipificación. Hasta mayo de 2023, con 191 participantes reclutados, 83 (43.4%) tenían progresión a CCC, sin exposición a TT y 18 (9.4%) habían recibido TT. De los participantes sin CCC, 57 (29.8%) habían estado expuestos a TT y 33 (17.2%) no habían recibido TT. De 63 participantes con muestras procesadas, únicamente cinco fueron elegibles para genotipificación. Todos los parásitos identificados fueron TcI. Este proyecto ha identificado pacientes con ITC principalmente con CCC, sin exposición a TT, a diferencia de los participantes sin CCC, cuya mayoría ha recibido TT. Pese a un reclutamiento eficiente, se requerirá ensanchar significativamente la muestra, dada la baja tasa de genotipificación, mucho menor a la esperada. Este proyecto contribuirá a conocer mejor la expresión clínica de la ITC en países endémicos, particularmente en Colombia.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, resistencia a medicamentos, *T. cruzi*, tratamiento tripanocida, variación genética

Mutaciones del gen *HSP70* en *Leishmania braziliensis* asociadas con falla terapéutica a Miltefosina en pacientes del Caribe Colombiano

Lily Paola Martínez-Abad¹, Jachie Xilena Beltran-Abad^{1*}, Eduar Elías Bejarano-Martínez¹, Alveiro Perez-Doria¹

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

*Presentador: jachiebeltran10@gmail.com

El pronóstico y tratamiento de la leishmaniasis, no sólo depende del diagnóstico oportuno, sino también, de la tipificación de la especie infectante y de su susceptibilidad al tratamiento empleado. En este sentido, en el Norte de Colombia se ha documentado que *Leishmania braziliensis* es la especie prevalente y en su tratamiento con Miltefosina se han observado casos de falla terapéutica. Tal situación motivó el interés en determinar la secuencia del gen que codifica la Proteína de Choque térmico de 70 KDa (*HSP70*) en busca de mutaciones relacionadas a la falla terapéutica. En este estudio se amplificó y secuenció el gen que codifica para la proteína HSP70 en 44 pacientes provenientes Sucre, Córdoba y Bolívar. Los electroferogramas obtenidos fueron editados automáticamente empleando el programa Geneious 9.1, las secuencias consenso fueron alineadas en conjunto con las secuencias de gen completo y 60 secuencias obtenidas de un trabajo de referencia. En 41 pacientes se determinó que *L. braziliensis* fue el agente etiológico y en otros tres se identificó a *L. guyanensis*. En 19 secuencias de *L. braziliensis* se encontró la mutación A1735G. Estos resultados no sólo confirman la utilidad de la PCR-Secuenciación del gen HSP70 para el diagnóstico de las especies del género *Leishmania*, sino también, para ayudar a explicar las fallas terapéuticas que se han presentado con el tratamiento con Miltefosine en la región. La alta frecuencia de *L. braziliensis* en la etiología de la leishmaniasis cutánea en Los Montes de María, en conjunto con la presencia de la mutación A1735G en el gen HSP70, constituye una línea base de evidencia que debe ser considerada en la elección de los fármacos usados en el tratamiento de la enfermedad en esta región del país.

Palabras clave: HSP70, identificación molecular, *Leishmania*

Evaluación en el laboratorio de once Pruebas Rápidas de Diagnóstico (PRD) para la Enfermedad de Chagas en Colombia

Andrea Marchiol^{2*}, Carolina Florez¹, Andrés Caicedo², Maryi Segura¹, Jessica Bautista¹, Martha Stella Ayala Sotelo¹, Rafael Herazo², Colin Forsyth², Laura C. Bohorquez³

¹ Instituto Nacional de Salud (INS)

² Iniciativa Medicamentos para Enfermedades Olvidadas (DNDi)

³ FIND, Bogotá, Colombia

*Presentador: amarchiol@dndi.org

La Enfermedad de Chagas (EC) es un reto de salud pública en Colombia, solamente el 1.2% de la población a riesgo ha tenido acceso al diagnóstico y menos que el 0.5% al tratamiento etiológico. Los algoritmos actuales se basan en dos pruebas serológicas que requieren infraestructura y recursos cualificados que difícilmente se encuentran en el primer nivel de atención. Las pruebas rápidas de diagnóstico (PDR) mejorarían el acceso al diagnóstico, pero su rendimiento se desconoce en Colombia. Un estudio retrospectivo, analítico, de pruebas rápidas para la EC fue realizado, para evaluar las características operativas de 11 kits comerciales de detección *in vitro* de anticuerpos IgG anti-*T. cruzi*. Este estudio fue desarrollado en condiciones controladas de laboratorio usando muestras de suero humano. Se evaluó la sensibilidad (S) y especificidad (E) de las pruebas. Once kits de PRD fueron evaluados, siendo el estándar de referencia el algoritmo nacional para diagnóstico serológico. La sensibilidad de las PRD estuvo en un rango de 75.5% a 99.0% (95% CI 70.5-100), mientras que la especificidad tuvo un rango entre 70.9% y 100% (95% CI 65.3-100). La mayoría de las pruebas (7/11, 63.6%) tuvo una S > 90%, y 10/11 (90.9%) tuvieron una E > del 90%. Cinco kits tuvieron ambas S y E > 90%. La evaluación en condiciones controladas de laboratorio de once PDR disponibles en Colombia permitió conocer el rendimiento

de estas e identificar cinco con S y E superior 90%. Con éstas últimas se implementarán estudios de evaluación en condiciones de terreno, y así valorar su comportamiento real, que permitiría generar evidencias para la simplificación del algoritmo diagnóstico serológico.

Palabras clave: Chagas, diagnóstico serológico, pruebas rápidas

Acoplamiento molecular, dinámica molecular y actividad biológica *in vitro* de nuevos inhibidores de la triosa fosfato isomerasa (TIM) de *Leishmania mexicana*

Luis Donaldo González-Morales^{1*}, Lenci K. Vázquez-Jiménez¹, Timoteo Delgado-Maldonado¹, Alfredo Juárez-Saldivar¹, Eyra Ortiz-Pérez¹, Alma D. Paz-González¹, Adriana Moreno-Rodríguez², Gildardo Rivera¹

¹ Laboratorio de Biotecnología Farmacéutica, Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional, 88710, Reynosa, México

² Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma Benito Juárez de Oaxaca, 68120, Oaxaca, México

*Presentador: donaldogm19@gmail.com

La leishmaniasis cutánea (LC) es un problema de salud pública que afecta a más de 98 países del mundo. En la actualidad, no existe ninguna vacuna para prevenir la enfermedad, y los tratamientos clínicos disponibles provocan graves efectos secundarios en la salud. Además, el fracaso de los tratamientos, así como la resistencia del parásito, hacen necesario el desarrollo de nuevos fármacos contra la LC. En este trabajo, se realizó un cribado virtual basado en estructura de productos naturales de las bases de datos Selleckchem y Biofacquim mediante docking molecular en la interfase de la enzima triosa fosfato isomerasa (TIM) de *Leishmania mexicana* (*L. mexicana*). Adicionalmente, se determinó la actividad leishmanicida de los compuestos líderes en un modelo *in vitro* frente a la cepa aM379 de *L. mexicana*, su citotoxicidad con la línea celular J774.2 y su índice de selectividad. Se clasificaron los diez mejores compuestos basados en los resultados de acoplamiento molecular, y se seleccionaron cuatro ligandos líderes para complementar con una dinámica molecular durante 120 ns. El análisis de propiedades ADME-Tox de los compuestos seleccionados predijo propiedades fisicoquímicas y toxicológicas favorables. Entre los cuatro compuestos, el ligando CMP-1 exhibió un IC₅₀ de 24,91 ± 3,08 μM, una actividad cinco veces mayor contra el promastigote de la cepa de *L. mexicana* que el fármaco de referencia Glucantime (IC₅₀: 133,96 ± 2,79 μM). Este hallazgo posiciona al compuesto CMP-1 como potencial fármaco y se recomienda promover estudios posteriores.

Palabras clave: acoplamiento molecular, cribado virtual, inhibidores, leishmaniasis cutánea, TIM

Caracterización bioquímica y funcional de una nueva serina/treonina quinasa putativa (AKT-like) de *Trypanosoma cruzi*

Lesly Ortiz-Joya¹, Laura Montoya¹, Eyson Quiceno¹, Diego Guerra¹, Rodrigo Ochoa¹, Sara María Robledo¹, Rubén Eduardo Varela Miranda², Marcel Marín Villa^{1*}

¹ Facultad de medicina, Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET), Universidad de Antioquia, Medellín-Colombia

² Escuela de Ciencias Básicas, Grupo (QUIBIO), Universidad Santiago de Cali, Cali-Colombia

*Presentador: marcel.marin@udea.edu.co

Las proteínas quinasas son dianas farmacológicas prometedoras debido a su papel esencial en las vías de señalización celular. En este trabajo, proponemos la identificación y validación funcional de una proteína asociada a la vía de señalización PI3K/AKT/mTOR, una posible segunda proteína de tipo serina/treonina quinasa B (AKT2-like) de *Trypanosoma cruzi*, como potencial diana farmacológica para el tratamiento de la enfermedad de Chagas. La proteína AKT2-like fue expresada en *Escherichia coli*, se purificó mediante cromatografía de afinidad, intercambio iónico y exclusión por tamaño. La actividad quinasa se evaluó mediante un ensayo inmunoenzimático en fase sólida. Se obtuvieron anticuerpos para la AKT2-like en conejo, y mediante Western-blot se detectó la proteína endógena en epimastigotes de *T. cruzi*. Para la búsqueda de inhibidores específicos de la AKT2-like se empleó una aproximación *in silico* mediante docking molecular y la base de datos de medicamentos de segundos usos reframeDB (<https://reframedb.org/>). El modelo 3D de la proteína AKT2-like fue generado por AlphaFold y trRosetta, la base de datos reframeDB se preparó para el docking utilizando los softwares ADFR y OpenBabel. La selección de los mejores ligandos (Medicamentos) se basó en el puntaje de AutoDock Vina. En conclusión, se purificó la proteína recombinante AKT2-like, se determinó su actividad quinasa y se inmunodetectó la proteína en extractos de epimastigotes de *T. cruzi*. En el modelo 3D de la AKT-2-like presentó estabilidad en los dominios PH, AGC y quinasa, el dominio N-terminal FYVE fluctuó alrededor de la hélice alfa que conecta los dominios FYVE y PH. Sin embargo, la parte C-terminal conserva su estructura secundaria y la proteína presentó una desviación estándar cuadrada (RMSD) estable. Con base en los resultados del puntaje de AutoDock Vina, se evaluaron *in vivo* 5 medicamentos de segundo uso, de los cuales un medicamento (T6269) presentó una CL50 de 23.32 ± 0.37 ug/ml en células U937 y una CE50 de 10.04 ± 1.76 ug/ml para amastigotes de *T. cruzi*. Los resultados *in silico* y experimentales nos permitieron validar la existencia de una segunda serina/treonina quinasa B-like en *T. cruzi* y su posible uso como blanco para el tratamiento de la enfermedad de Chagas.

Financiado: CODI- convocatoria programática 2019-2020: Ciencias de la Salud. Acta (2020-33254), Universidad de Antioquia

Palabras clave: AKT/PKB, compuestos de segundo uso, enfermedad de Chagas, quinasa, *Trypanosoma cruzi*

Fracciones de aceites esenciales de *Lippia alba*: una alternativa terapéutica para el control y la reversión de la cardiomiopatía chagásica crónica

Denerieth Ximena Espinel-Mesa^{1*}, Clara Isabel González², Elena E. Stashenko³, Wendy Lorena Quintero-García¹, John Jaime Quimbaya-Ramírez¹, Erika Marcela Moreno-Moreno¹, Liliana Torcoroma García-Sánchez¹

¹ Departamento de Posgrado en Enfermedades Infecciosas, Universidad de Santander, UDES, Bucaramanga Colombia

² Escuela de Microbiología, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga Colombia

³ Centro Nacional de Investigaciones para la Agroindustrialización de Especies Vegetales Aromáticas y Medicinas Tropicales, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga Colombia

*Presentador: xime.espinel@gmail.com

Este estudio presenta resultados de una terapia única, a nivel global, para la intervención farmacológica de las fases indeterminada y crónica de la enfermedad de Chagas, la cual ataca la triada de elementos que contribuyen a la patogénesis de la cardiomiopatía chagásica dilatada (persistencia del parásito en tejidos, estrés oxidativo exacerbado y respuesta inflamatoria persistente). La terapia se basa en aceites esenciales de *Lippia alba*, con adición exógena del sesquiterpeno natural, óxido de cariofileno. En ratas infectadas crónicamente con *Trypanosoma*

cruzi, la terapia demostró seguridad y selectividad; con actividad tripanocida significativa sobre tejido cardiaco (similar a la del medicamento de referencia, benznidazol); siendo un poderoso antioxidante, cardioprotector e inmunomodulador, con capacidad de revertir el compromiso cardiaco. La fitoterapia, aplicada oralmente en 31 dosis diarias, redujo las dimensiones de la silueta del corazón (diámetro y longitud máxima, por ecocardiograma) a valores semejantes a los animales no infectados. Esta recuperación macroscópica fue corroborada mediante histopatología, que demostró pocos infiltrados inflamatorios y mínima fibrosis en corazón de animales tratados (similar a los no infectados). En contraste, animales tratados con Benznidazol, exhibieron múltiples focos inflamatorios en corazón, con gran variedad celular (particularmente linfocitos, histiocitos, plasmocitos y monocitos); acompañada de elevada fibrosis, cardiomiocitos gigantes y necrosis. El efecto antiparasitario y cardioprotector del tratamiento propuesto, fue adjudicado a una potencial inmunomodulación, relacionada con aumento de IFN- γ . La remodelación del tejido cardiaco fue correlacionada con incremento de la interleucina antiinflamatoria, IL-4; y la reducción concomitante del proinflamatorio, TNF- α ; y el restablecimiento de IL-10. Así, esta alternativa terapéutica apunta a interrumpir el círculo vicioso establecido en la enfermedad de Chagas crónica, por la estimulación antigénica crónica (presencia del parásito) sobre vías inflamatorias, así como sobre el disparo del estrés mitocondrial y el estrés del retículo endoplasmático, los cuales lideran la muerte celular y la fibrosis cardiaca. Estos hallazgos son relevantes considerando que, actualmente, no existen terapias efectivas y específicas que permitan la cura parasitológica y que protejan el corazón del ataque oxidativo e inflamatorio que surge durante la infección por *T. cruzi*. Siendo que, Benznidazol y Nifurtimox, son esencialmente tripanocidas, no indicados para las fases indeterminada y crónica.

Financiado: Agradecimientos a Minciencias, Mineducación, Mincomercio e ICETEX. Convocatoria Ecosistema Científico - Colombia Científica. Fondo Francisco José de Caldas, Contrato RC-FP44842-212-2018. Programa Bio-Reto XXI-15:50.

Palabras clave: aceites esenciales, cardiomiopatía chagásica dilatada, enfermedad de Chagas, *Lippia alba*, terapia, *Trypanosoma cruzi*

Validación de un ensayo inmunocromatográfico rápido para el diagnóstico de la enfermedad de Chagas en población santandereana

William Fernando Chaparro-Pico¹, Nathalia Andrea Bueno-Ariza¹, Ana Lucía Archila-Acevedo², Luis Ángel Naranjo-Ochoa², Juan Sebastián Castillo-Angarita², Carlos Mario Serrano-Vásquez², Martha Lucía Díaz-Galvis^{1*}, Ruth Aralí Martínez-Vega³, Clara Isabel González-Rugeles¹

¹ Grupo de Inmunología y Epidemiología Molecular (GIEM), Escuela de Microbiología, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

² Programa de Microbiología y Bioanálisis, Semillero de Inmunogenética, Escuela de Microbiología, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

³ Grupo Salud-Comunidad-UDES, Escuela de Medicina, Universidad de Santander, Bucaramanga, Colombia

*Presentador: mldiazga@correo.uis.edu.co

La Enfermedad de Chagas (ECh), es causada por el parásito *Trypanosoma cruzi*, y constituye un problema de salud pública global. En Colombia, existen entre 700.000 y 1.200.000 infectados. La fase crónica de ECh se presenta con complicaciones cardíacas o digestivas graves en cerca del 30%-40% de los infectados y el diagnóstico en esta fase se basa en métodos serológicos. En el país, el Instituto Nacional de salud (INS) ha establecido como método de tamizaje la prueba ELISA de antígenos totales y como método confirmatorio la ELISA de antígeno recombinante, sin embargo, no todos los laboratorios clínicos del país disponen de equipos o personal entrenado

para realizarlas, limitando así la disponibilidad de laboratorios que pueden realizar el diagnóstico. Las pruebas de diagnóstico rápido pueden ser usadas en campo, sin equipos especializados y dan resultados en corto tiempo. El objetivo de este trabajo fue validar la prueba Chagas Ab Combo Rapid Test CE (CAbCRT-CE) (CTK Biotech) utilizando como estándar de oro la prueba ELISA de antígenos totales. Se realizó un estudio de evaluación de tecnología diagnóstica con muestreo transversal. A todos los participantes se les tomó muestra de sangre y se les realizó la prueba rápida CAbCRT-CE para detectar anticuerpos IgG anti-*Trypanosoma cruzi*. Se siguió el algoritmo del INS y a todos los participantes se les realizó ELISA de antígenos totales (ELISA Chagas-III, Grupo Bios) y los resultados positivos fueron confirmados mediante ELISA de antígeno recombinante (Chagas IgG+IgM, Vircell, España). Se evaluaron 1,354 participantes, 57.5% eran mujeres, la mediana de edad fue de 50 años (RIQ:38-62). Los participantes procedían de Capitanejo (49.3%), San Vicente (25.2%), y otros municipios de Santander (25.5%). Un total de 191 participantes fueron positivos para ELISA de antígenos totales (Prevalencia: 14.10%, IC95%:12.35-16.06). En 179 participantes se realizó ELISA de antígeno recombinante, siendo todos positivos. La sensibilidad de la prueba CAbCRT-CE fue de 90.58% (IC95%:85.60-93.96), la especificidad de 99.57% (IC95%:99.00-99.82) y el área bajo la curva ROC de 0.9507 (IC95%:0.9299-0.9716). La prueba CAbCRT-CE tuvo alto rendimiento comparada con la prueba de ELISA de antígenos totales, se puede recomendar su uso en municipios colombianos donde las pruebas de ELISA no puedan realizarse.

Palabras clave: ELISA, enfermedad de Chagas, pruebas rápidas



RESÚMENES SIMPOSIO ENFERMEDAD DE CHAGAS Y ENSAYOS CLÍNICOS

VIII

Reunión Colombiana
Leishmaniasis y enfermedad
de Chagas



1803

UNIVERSIDAD DE ANTIOQUIA

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Aspectos electrocardiográficos en pacientes de la etnia Wiwa con Enfermedad de Chagas crónica indeterminada que habitan en la Sierra Nevada de Santa Marta

Hugo Sánchez-Gonzalez^{1,2*}, Yunia Villalobos-Villa¹, Andrés Aristizábal-Arias¹, Juan Carlos Dib-Diazgranados³

¹ Fundación Salud Para el Trópico, Santa Marta, Colombia

² Programa de Medicina, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

³ Facultad de Medicina, Universidad del Norte, Barranquilla, Colombia.

*Presentador: <mailto:hlsanchez@fspt.co>

La enfermedad de Chagas está catalogada como una enfermedad tropical desatendida debido a su asociación a condiciones sociales, culturales, políticas y económicas deficientes; la enfermedad es generada por un protozoo del género *Trypanosoma* especie *cruzi*, a nivel de salud pública representa una de las causas más frecuentes de miocardiopatía en América Latina afectando la calidad de vida de quienes la padecen debido a sus complicaciones, que pueden ir desde trastornos del ritmo, insuficiencia cardíaca, e incluso llevar hasta la muerte súbita, la electrocardiografía ha desempeñado un papel fundamental en la evaluación de los pacientes con enfermedad de Chagas y es uno de los primeros exámenes cardiológicos a los cuales puede acceder el paciente en los diferentes niveles de atención en salud. Estudio observacional, transversal, analítico, realizado en dos comunidades indígenas Wiwas de la Sierra Nevada de Santa Marta. Los sujetos se seleccionaron mediante prueba rápida para enfermedad de Chagas y se confirmó mediante ELISA Lisado y Recombinante, aquellos positivos para la enfermedad se les practicó un electrocardiograma de 12 derivaciones. Se tuvo en cuenta la edad en años, sexo, comunidad a la cual pertenece, frecuencia cardíaca, longitud de la onda p, longitud de intervalo PR, complejo QRS, intervalo QT y cálculo del QTc por fórmula de Fridericia, los anteriores datos dados en milisegundos. Los resultados cuantitativos fueron expresados en media y desviación estándar o mediana y rango intercuartílico. El contraste de hipótesis se realizó mediante las pruebas Kruskal-Wallis, Anova de un factor y Exacta de Fisher, se estableció un valor de $p < 0.05$ con el objeto de determinar significancia estadística. Un total de 146 sujetos participaron, la prevalencia de la enfermedad en 61% y 64% respectivamente. La edad mediana en años es de 28 años, la mayoría mujeres, la media de la FC es de 65 LPM, duración de la onda p 94ms, segmento PR 160ms, segmento QRS 80ms, segmento QT y QTc 360 y 376.5 respectivamente. Los sujetos con un hallazgo electrocardiográfico asociado a la enfermedad de Chagas tienen un segmento QTc mayor IC95% [380-412], duración del complejo QRS (Mdn 130 milisegundos) $p < 0.05$. No hubo soporte financiero de una institución externa para la realización de esta investigación.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, electrocardiograma, indígenas Wiwas

Enfermedad de Chagas en la población indígena Hitnü del departamento de Arauca

Dina Ricardo^{1*}, Claudia Galeano², Lyda Espitia², Catalina Tovar¹, Paula Avilés¹, Sara Soto¹, Ana Marcela Peñata², Andrés Coneo², Pedro Espitia², Karina Pastor², Luisa Jiménez², Shirley Salcedo², Gean Arteaga², Alicia Humanez², Hugo Brango³, Osnamir Bru⁴, Álvaro J. Idrovo⁵, Claudia Amaya⁵

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

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

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

⁴ Facultad de Ciencias e Ingeniería, Universidad del Sinú, Montería, Colombia

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

*Presentador: dinaricardoc@unisinu.edu.co

El Pueblo Hitnü es una comunidad indígena de tradición seminómada que habita en las riberas del río Ele en el departamento de Arauca. Esta comunidad se encuentra en grave riesgo de extinción física y cultural debido a factores como el desplazamiento ancestral, el conflicto armado, la explotación de hidrocarburos y el abandono estatal. El objetivo de este estudio fue describir la enfermedad de Chagas en la población indígena Hitnü del departamento de Arauca en las comunidades de Las Vegas, Monogarra, La Ilusión, Aspegeñá, Bello Horizonte y Caño Jesús. Para ello se caracterizaron las viviendas, el entorno y el consumo de alimentos a través de una encuesta y entrevistas. Posteriormente, se realizó un tamizaje serológico para detectar anticuerpos IgG anti *Trypanosoma cruzi* mediante la técnica de ELISA utilizando dos kits de principio antigénico diferente. Predominaron las viviendas con piso de tierra (93.3%), paredes de madera, palma y guaduas (61%) y techos de palma (57.3%). La vegetación de la zona está compuesta por varias especies de palma, y los pobladores reconocen el vector. Dentro de los hábitos alimenticios, consumen un vino de palma llamado “vinete” y carne de animales silvestres. La prevalencia de anticuerpos fue del 51%, y las comunidades con mayor seropositividad fueron Las Vegas y Monogarra. La comunidad Hitnü presenta una alta seroprevalencia de *T. cruzi*, el consumo de “vinete” y animales silvestres puede considerarse como factores de riesgo para la aparición de brotes por transmisión oral.

Financiado: Financiado: MINCIENCIAS Código:1102100974398 contrato 942/2019.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, indígenas Hitnü, seroprevalencia

La enfermedad de Chagas y coinfección por patógenos TORCH entre mujeres perinatales en una región de alto riesgo de El Salvador

Mary Lynn¹, Marvin Stanley Rodríguez Aquino¹, Pamela Michelle Cornejo Rivas¹, Mufaro Kanyangarara¹, Stella C.W. Self¹, Berry A. Campbell¹, Xiomara Miranda¹, David Torres¹, Melissa S Nolan¹.

¹ Universidad de Carolina del Sur, EEUU

La enfermedad de Chagas congénita es una preocupación creciente, priorizada por la Organización Mundial de la Salud para la acción de salud pública. El Salvador es el hogar de algunas de las cargas más altas de la enfermedad de Chagas (infección por *Trypanosoma cruzi*) en las Américas, sin embargo, la detección del embarazo sigue siendo descuidada. Otras infecciones congénitas de importancia TORCH, como la toxoplasmosis, el virus del Zika y el virus del dengue, también afectan la salud materno-infantil en los países de ingresos bajos y medios. El objetivo de este estudio fue investigar la prevalencia y el impacto materno-fetal de la enfermedad de Chagas y otros patógenos TORCH (*Toxoplasma gondii* (toxoplasmosis), virus Zika y virus del Dengue) entre mujeres que se presentan para trabajo de parto y parto a un gran hospital de referencia en el oeste de El Salvador. Este estudio fue aprobado por el Comité Nacional de Ética en Investigación en Salud de El Salvador, y 198 mujeres ≥ 15 años de edad fueron inscritas en el parto. Se administraron encuestas de factores de riesgo y salud materno-neonatal y se tomó una pequeña muestra de sangre de todas las participantes que consintieron en el momento del parto. Se emplearon métodos serológicos y moleculares para determinar la prevalencia de estas infecciones entre los inscritos. De 198 mujeres embarazadas consentidas e inscritas, 6% fueron *T. cruzi* positivo por serología o diagnóstico molecular. La mitad de los bebés nacidos de mujeres *T. cruzi* positivas fueron admitidos en la UCIN por complicaciones neonatales. Se observó un agrupamiento estadístico geoespacial de casos en el municipio de Jujutla. Las mujeres mayores y las que conocían a un pariente o amigo cercano infectado tenían significativamente más probabilidades de dar positivo para la infección por *T. cruzi* en el momento del

parto. Además, el 36% de las mujeres tenían evidencia diagnóstica de \geq patógeno TORCH 1, y el 5% tenía evidencia de patógenos TORCH \geq 2 en el momento del parto o dentro del último trimestre de su embarazo. La incidencia de infección específica por patógenos fue: 25% Zika o virus del dengue, y 9% *T. gondii* positivo. Para concluir, las infecciones maternas por *T. cruzi* fueron significativamente más altas que las tasas nacionales de VIH o sífilis maternas, creando una necesidad urgente de agregar *T. cruzi* a los programas obligatorios de detección del embarazo. Se deben realizar más estudios y campañas educativas en esta región de alto riesgo de El Salvador.

Palabras clave: *Trypanosoma cruzi*, *Toxoplasma gondii*, virus Zika, virus del dengue

Valor del periodo de prueba (*Run-in*) para evaluar la seguridad del tratamiento tripanocida convencional: un ensayo clínico colombiano

Juan Carlos Villar^{1*}, Luis David Sáenz¹, Antonia Camacho¹

¹ Departamento de investigaciones, Fundación Cardioinfantil, Bogotá-Colombia

*Presentador: jvillac@lacardio.org

La adherencia al tratamiento con Benznidazol (BNZ) y Nifurtimox (NFX), los medicamentos recomendados para la infección por *T. cruzi*, se considera subóptima (tasas de abandono 10-20% en 60 días). Esta situación amenaza la validez de los ensayos clínicos, tanto por las pérdidas de participantes, como por la sobreestimación de los efectos adversos que llevan a discontinuación. Para reducir estos problemas, se ha propuesto el uso de una fase de prueba con placebo antes de la asignación aleatoria. El estudio *Equity* utilizó este instrumento en su diseño, cuyos resultados reportamos aquí. *Equity* asignó individuos seropositivos sin evidencia clínica de cardiomiopatía, a recibir NFX, BNZ (cada uno con dos esquemas de tratamiento) o placebo en relación 2:2:1. Después de la revisión de elegibilidad, los candidatos que consintieron su participación recibieron, en condiciones ciegas, un tratamiento por 10 días con 2 cápsulas de placebo c/12 horas (indistinguible del tratamiento del estudio). Aquellos que reportaron buena tolerancia y tomaron más del 80% del tratamiento recibieron aleatoriamente el tratamiento experimental. De 351 participantes, 186 (53%) reportaron algún síntoma durante el periodo de prueba. Los más frecuentes fueron, cefalea (32%), astenia (19%) y pirosis (18%), donde 17 (9%) suspendieron el medicamento asignado por intolerancia. Una vez finalizado el periodo de prueba 44 (12.5% IC95% 9.3-16.5) de los candidatos iniciales no continuaron su participación. Durante el estudio, 27 (11%) participantes asignados a recibir tratamiento activo versus 5 (8.2%) a placebo reportaron intolerancia que llevó a abandono del tratamiento ($p=0.653$). : En esta prueba con placebo, la mitad de los candidatos elegibles reportaron síntomas, uno de cada cuatro lo suficientemente importantes para impedir continuar. A pesar de un posible efecto nocebo al describir en el consentimiento los posibles efectos del tratamiento, el retiro inicial de candidatos no adherentes incrementó la validez de la evaluación posterior de su seguridad.

Palabras clave: Benznidazol, estudio clínico aleatorizado, Nifurtimox, placebo, *run-in period*. *T. cruzi*

De la disincronía a la arritmia: dispersión mecánica como predictor independiente de arritmias ventriculares en Chagas

Karen Andrea García-Rueda^{1*}, Sergio Alejandro Gómez-Ochoa¹, Lyda Zoraya Rojas-Sánchez², Ángela María Torres-Bustamante¹, Angie Yarlady Serrano-García^{1,2}, Laura Daniela Muñoz-Torres², Luis Eduardo

Echeverría¹

¹ Clínica de Falla Cardíaca y trasplante, Fundación Cardiovascular de Colombia, Floridablanca, Colombia

² Centro de Investigaciones, Fundación Cardiovascular de Colombia, Floridablanca, Colombia

*Presentador: karenandrea0710@gmail.com

La enfermedad de Chagas causada por el parásito protozoario *Trypanosoma cruzi* representa un problema de salud pública a nivel mundial. Alrededor de un 30% de los individuos infectados desarrollarán cardiomiopatía de Chagas crónica (CCC). Dentro de los diferentes métodos clínicos de estudio, la ecocardiografía se ha convertido en una herramienta esencial para la evaluación, manejo y pronóstico de estos pacientes. Sin embargo, las medidas ecocardiográficas convencionales no representan de manera adecuada la complejidad de esta patología, por lo que se hace necesario el uso de parámetros avanzados como la dispersión mecánica (DM), medida que refleja la heterogeneidad en la contractilidad del miocardio. El objetivo de este estudio fue investigar la asociación entre la DM y arritmias ventriculares, así como evaluar la capacidad predictiva de la dispersión mecánica para identificar pacientes con taquicardia ventricular sostenida. Para ello se realizó un estudio de corte transversal que incluyó pacientes con diagnóstico de CCC manejados en la clínica de Falla Cardíaca de la Fundación Cardiovascular de Colombia. El valor de DM fue calculado mediante la desviación estándar del tiempo hasta la deformación negativa máxima en los segmentos evaluados del ventrículo izquierdo a través de ecocardiografía. Se observó una asociación independiente entre la DM y la presencia de extrasístoles ventriculares ($p=0.003$), dupletas ($p=0.027$) y taquicardia ventricular no sostenida (TVNS) ($p=0.026$) incluso después de ajustar por confusores relevantes. Observamos además un valor aditivo de la DM al del strain longitudinal global para la presencia de extrasístoles y el diagnóstico de TVNS. Finalmente, la DM, el tamaño de la aurícula izquierda, la presencia de aneurismas ventriculares y la insuficiencia mitral, fueron las variables con mayor capacidad predictiva de TVNS (AUC 0.74). La DM representa una potencial herramienta para la predicción de arritmias ventriculares en pacientes con CCC, haciendo necesaria la realización de estudios prospectivos para validar este resultado.

Palabras clave: arritmias cardíacas, cardiomiopatía de Chagas crónica, ecocardiografía, enfermedad de Chagas.

Chagas Agudo en San Juan de Urabá - Antioquia, 2023: desde la clínica al diagnóstico y su intervención

Edisson Sanchez^{1*}, Viviana Lenis Ballesteros², Ilda Violeta Llanos²

¹ Dirección de Factores de Riesgo - Secretaría Seccional de Salud de Antioquia

² Dirección de Laboratorio Departamental de Salud Pública - Secretaría Seccional de Salud de Antioquia

*Presentador: edissanchezmd@gmail.com

La enfermedad de Chagas es un problema de salud pública latente en nuestros territorios; tiene gran impacto para la población afectada y su diagnóstico tardío puede generar complicaciones; los pacientes que se infectan con el parásito, sea por transmisión vectorial, oral, transfusión sanguínea o vía vertical, no siempre perciben la enfermedad, algunos son asintomáticos u otros con síntomas leves, lo que disminuye la probabilidad de detección. El personal médico está acostumbrado a ver la falla cardíaca para tener una impresión diagnóstica de Chagas y en el caso de los neonatos, una afectación fetal puede orientar el diagnóstico. Se socializa un caso de un hombre de 63 años de edad, residente en zona rural del municipio de San Juan de Urabá en Antioquia, quien para inicios de 2023 presentó un cuadro clínico consistente en fiebre, dolor corporal y fatiga, lo cual permitió orientar su

diagnóstico a otras enfermedades, sin embargo ante la zona de residencia se indaga por patologías tropicales frecuente en la zona (dengue, malaria), después de varias consultas, se pudo hallar de manera fortuita el parásito *Trypanosoma cruzi* en una gota gruesa, constituyéndose en un diagnóstico directo del parásito en sangre. La visualización directa del parásito en sangre, definió un diagnóstico de Chagas agudo, activando las acciones de vigilancia en salud pública pertinentes, según lo establecido en el protocolo de vigilancia en salud pública para Colombia 2022, el cual considera que un solo caso se constituye brote de la enfermedad. En el estudio epidemiológico de campo, se pudo relacionar factores de riesgo por exposición del paciente a zonas con riesgo de transmisión ubicadas en los departamentos de Chocó y Antioquia, además se realizaron actividades en la zona de residencia del paciente, encontrando vectores infectados con el parásito y estableciendo un riesgo para la comunidad en general de adquirir la enfermedad. El paciente recibió tratamiento farmacológico para mitigar los efectos crónicos de la infección y se realizó búsqueda activa en los contactos familiares y comunitarios del caso, sin encontrar casos adicionales. Los actores en salud del municipio, institucionales y comunitarios, recibieron información y capacitación para la gestión del riesgo de la enfermedad de Chagas en el territorio.

Palabras clave: brote, Chagas agudo, vectores, *Trypanosoma cruzi*

Caracterización clínica de una cohorte de pacientes con enfermedad de Chagas: experiencia de la Clínica Chagas Comapa, Guatemala

Elsa Marina Berganza¹, Esdras Garcia², Rafael Herazo^{3*}, Andrea Marchiol³

¹ Dirección Departamental de Redes Integradas de Servicios de Salud de Jutiapa, Guatemala

² Clínica Chagas Comapa, Centro de Atención Permanente Comapa, Jutiapa

³ Programa Acceso Chagas, DNDi

*Presentador: rherazo@dndi.org

La enfermedad de Chagas (EC) constituye un problema de salud pública en Guatemala. Se estima que hay 1,4 millones de personas en riesgo y 166 mil infectados. El municipio de Comapa (departamento de Jutiapa) se considera parte del “hot spot” para el control de la EC en Centroamérica. Para mejorar el acceso a la atención, la Dirección Departamental de Redes Integradas de Servicios de Salud de Jutiapa, con el apoyo de la organización DNDi (Drugs for Neglected Disease initiative), instala en Comapa una clínica para la atención de personas con EC. El objetivo de este trabajo fue caracterizar clínicamente a los pacientes atendidos en la clínica de EC, para ello se planteó un estudio observacional de cohorte retrospectivo incluyendo información de las atenciones durante los años 2019 a 2022. Se atendieron 478 pacientes con una edad media de 44 años; 61.5% fueron mujeres y el 5.8% estaba en gestación. El 32.8% se clasificaron como EC forma cardíaca. La alteración electrocardiográfica más frecuente fue la bradicardia sinusal (64.1%) seguido por el bloqueo completo de rama derecha (10.2%). Iniciaron tratamiento tripanocida el 71.8% de los casos y el 8.5% lo abandonó. Todos los pacientes fueron tratados con Nifurtimox. El 71.4% de los tratados reportaron reacciones adversas (RAM). Las RAM más frecuentes fueron las neuropsiquiátricas (84.1%) seguido por las digestivas (43.3%), en el 60% de los casos se presentaron entre dos a cuatro RAM simultáneamente. El 91.5% de los pacientes completó el tratamiento. Esta caracterización es una de las pocas descripciones sobre población guatemalteca con EC. En general, se evidencian datos clínicos similares a los reportados en otras publicaciones. No obstante, en nuestra cohorte sobresalen la alta frecuencia de bradicardia sinusal y la ausencia de patrones típicos en los pacientes con EC. Adicionalmente, la alta frecuencia de tratados y la baja frecuencia de abandono al tratamiento destaca en esta cohorte. Además, la clínica de EC, como modelo de atención vertical, constituye una estrategia pionera en Guatemala que permite mejorar el acceso a la atención en el nivel primario.

Palabras clave: atención Primaria de Salud, enfermedad de Chagas, Nifurtimox

Brote de Chagas Oral en una base militar del municipio de El Paso - Cesar

María José Hinojosa Canales¹, Ana Paola Mindiola², Salvador Angarita¹, María Teresa Garcés¹, Hugo Soto², Alfonso Campo Carey², Yulibeth Torres Pedrozo^{3*}

¹ Secretaria de Salud Departamental del Cesar

² Programa de Capacitación en Epidemiología de Campo (FETP), Instituto Nacional de Salud

³ Universidad Popular del Cesar

*Presentador: yulibethtorres@unicesar.edu.co

El Chagas es una enfermedad parasitaria causada por el protozooario *Trypanosoma cruzi* el cual se puede adquirir a través del consumo de alimentos contaminados o por el contacto con heces u orina de triatomíneos o marsupiales infectados. Este tipo de transmisión suele provocar brotes con una morbilidad más grave y una mayor mortalidad. El presente estudio de caso inicia con la notificación del fallecimiento de dos militares por parte de una institución prestadora de servicios de salud de Valledupar, uno de ellos con IgG reactivo para Chagas y otros seis con cuadro clínico similar. El objetivo fue caracterizar el probable brote, determinar la fuente de infección, el mecanismo de transmisión y orientar medidas de prevención y control. Se realizó un estudio descriptivo transversal, se definió como caso probable a todo residente de la base militar que entre los meses de noviembre y diciembre 2021 hubiese presentado fiebre mayor de siete días de duración, acompañada o no de alguno de los siguientes signos y síntomas: falla cardíaca, hepatomegalia, esplenomegalia, vómito, diarrea y edema. Se realizó búsqueda activa institucional, búsqueda activa comunitaria, caracterización ecoepidemiológica incluyendo la investigación entomológica. Se confirmó un brote de Chagas agudo de probable transmisión oral, 11 militares afectados. La curva epidémica mostró un brote de fuente común. 100% presentó fiebre, el 88% dolor abdominal, 75% cefalea, 63% mialgias, 50% artralgias. La Tasa de Ataque de 73% y letalidad de 25%. Diagnóstico confirmado por histopatología en fallecidos y los demás por pruebas serológicas. Hubo presencia de triatomíneos *Rhodnius pallescens* positivos para *Trypanosoma cruzi* en palmas aledañas al batallón militar. Las condiciones ecoepidemiológicas fueron favorables para el vector, alrededor del batallón. Probablemente los vectores atraídos por la luz tuvieron acceso a los alimentos. Se proponen medidas de control y recomendaciones tales como, capacitación a militares y vigilancia de los municipios, solicitud a la Corporación Autónoma Regional del Cesar para el manejo de las palmas.

Palabras clave: brote, Chagas agudo oral, militares, *Trypanosoma cruzi*

Enfermedad de Chagas en población asistida en un centro de atención del adulto mayor en Bucaramanga

Juan Pablo Alvarez-Herreño^{1*}, María Paula López-Vesga¹, Xaviera Ivanna Aceros-Vega¹, Santiago Ramírez Remolina¹, William Fernando Chaparro-Pico², Nathalia Andrea Bueno-Ariza², Martha Lucía Díaz-Galvis², Clara Isabel González-Rugeles²

¹ Programa de Microbiología y Bioanálisis, Semillero de Inmunogenética, Escuela de Microbiología, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

² Grupo de Inmunología y Epidemiología Molecular (GIEM), Escuela de Microbiología, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

*Presentador: juan2201700@correo.uis.edu.co

La enfermedad de Chagas (ECh) es causada por el parásito protozoario *Trypanosoma cruzi*, y se transmite a través de insectos vectores de la familia triatominae. La ECh es endémica en Latinoamérica y a pesar de las medidas implementadas para el control de la transmisión esta continúa siendo un importante problema de salud pública en la región. En Colombia, hay entre 700,000 y 1,200,000 habitantes infectados y cada año se reportan cerca de 5,300 casos nuevos. Santander, es uno de los departamentos con mayor endemia, sin embargo, poco se sabe acerca de la prevalencia de la infección en adultos mayores que habitan en centros geriátricos. El objetivo de este trabajo fue determinar la prevalencia de la ECh en adultos mayores residentes en una institución al cuidado del adulto mayor en Bucaramanga. Se realizó búsqueda activa de pacientes en un centro de cuidado del adulto mayor de la ciudad, cada participante se encuestó y preguntó por datos clínicos y epidemiológicos, se obtuvo consentimiento informado y se tomaron muestras de sangre venosa. A un total de 47 participantes se les realizó una prueba rápida (kit OnSite Chagas Ab combo de Biotech) y dos pruebas de ELISA (ELISA Chagas III, Grupo Bios y Chagas IgG+IgM, Vircell) de acuerdo con el algoritmo diagnóstico del Instituto Nacional de Salud de Colombia. La prevalencia de ECh en esta población fue del 128%. El 80.85% de los participantes eran nativos de Santander, de entre 61 y 97 años donde el 59.57% eran de sexo masculino y el 40.43% de sexo femenino. Se evidenció que en los hogares de crianza de los pacientes positivos las paredes de las viviendas fueron construidas con tapia pisada y cemento (33.33%), además existía la presencia de reservorios animales (86.67%). Las enfermedades que afectaban en mayor proporción a esta población eran hipertensión, migraña, EPOC, gastritis, artrosis, y diabetes. Este estudio permitió determinar la prevalencia de ECh en una pequeña población de adultos mayores residentes de Bucaramanga que no tenían diagnóstico previo de la enfermedad además se conocieron factores asociados con la ECh.

Palabras clave: adultos mayores, diagnóstico, enfermedad de Chagas, seroprevalencia



RESÚMENES SIMPOSIO ECO-EPIDEMIOLOGÍA DE LA ENFERMEDAD DE CHAGAS Y LEISHMANIASIS

VIII Reunión Colombiana
Leishmaniasis y enfermedad
de Chagas



**UNIVERSIDAD
DE ANTIOQUIA**

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Eco epidemiología, estrategia de control integrada para el control y prevención de leishmaniasis visceral en El Carmen de Bolívar

Luis Alberto Cortes Aleman^{1*}

¹ Unidad de Entomología, Secretaria de Salud de Bolívar, Gobernación de Bolívar

*Presentador: luisalbertocortesaleman@gmail.com

En Colombia históricamente existe un área endémica de leishmaniasis visceral (LV) en El Carmen de Bolívar, esta situación motivó a hacer un estudio eco epidemiológico para determinar puntos clave en la transmisión de LV como vectores, reservorios, factores de riesgos ambientales, sociales y manejo de pacientes en el foco del Carmen de Bolívar. Basándonos en los resultados obtenidos se elaboró y aplicó una estrategia integrada de prevención y control de leishmaniasis visceral durante los años 2012 a 2022. Como resultado principal se logró reducir la morbimortalidad hasta en un 90% de (LV) en el Carmen de Bolívar. Los hallazgos confirman que en las veredas donde se ha intervenido con la estrategia integral para leishmaniasis visceral, la cual consiste en utilización de toldillos impregnados, control químico, control de criaderos de *Lutzomyia*, manejo nutricional a niños menores de cinco años, educación comunitaria, diagnóstico oportuno y tratamiento para un adecuado manejo del paciente; los casos han disminuido hasta 90% para (LV) y un 70% para leishmaniasis cutánea. Es necesario trabajar en una estrategia de control para reservorios domésticos y reservorios silvestres que conviven en el peridomicilio en las veredas del Carmen de Bolívar.

Palabras clave: eco epidemiología, el Carmen de Bolívar, Leishmaniasis, *Lutzomyia*

Evaluación eco epidemiológica de la transmisión de *Trypanosoma cruzi* en Miraflores, Boyacá

Omar Cantillo-Barraza^{1,4}, Lidia Gual-González², Manuel Medina³, Paola González³, Natalia Velásquez-Ortiz⁴, Lissa Cruz⁴, Adriana Castillo⁴, Sara Zuluaga¹, Hanson Cowan², Andrés Velez-Mira⁵, Marina Muñoz⁴, Juan David González^{4,6}, Omar Triana¹, Melissan Nolan^{2*}

¹ Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² University of South Carolina Arnold School of Public Health, Columbia, SC

³ Programa de Control de Vectores, Secretaría de Salud Departamental, Tunja, Colombia

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

⁵ Unidad Ecoepidemiología, PECET Universidad de Antioquia

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

El municipio de Miraflores (Boyacá) certificado por la Organización Panamericana de la Salud con interrupción de la transmisión de *Trypanosoma cruzi* por *Rhodnius prolixus* intradomiciliario, durante los últimos años ha sido reportado con infestación con *Triatoma venosa* infectado con *T. cruzi*. Por esta razón, nos propusimos describir aspectos ecoepidemiológicos de la transmisión *T. cruzi* en el área rural de este municipio, donde realizamos: (i) Un estudio serológico y molecular de 159 personas y 57 perros domésticos que residían en 78 viviendas. (ii) Una encuesta entomológica y evaluación de la infección natural y determinación de fuente ingestas de triatominos, (iv) evaluación de infección en mamíferos sinantrópicos. La seroprevalencia de *T. cruzi* en humanos y perros fue del 8.8% (14/159) y el 22,8% (13/55), respectivamente. Los humanos infectados eran

adultos con edades comprendidas entre 55 y 85 años. No se encontraron evidencias de ADN de *T. cruzi* en humanos mediante qPCR. Sin embargo, se encontró una alta parasitemia en los perros infectados. En total, se recogieron 38 triatominos en el interior de viviendas y zonas peridomésticas: 65.7% (25/38) *Triatoma venosa*, 31.5% (12/38) *Panstrongylus geniculatus* y 2.6% (1/38) *P. rufotuberculatus*. La prevalencia de infección natural fue del 92% (22/25) para *T. venosa*, del 100% (12/12) para *P. geniculatus* y el único *P. rufotuberculatus* estaba infectado. Se identificaron dos fuentes de alimentación en *T. venosa* (humana y gato), mientras que *P. geniculatus* se alimentó de vaca y murciélago. Por último, se capturaron siete *D. marsupialis* en el peridomicilio, tres de ellos infectados con *T. cruzi*. Los resultados sugieren la existencia de un ciclo de transmisión de *T. cruzi* entre triatominos, perros y zarigüeyas que representa un riesgo de infección para la población humana de las zonas rurales de Miraflores. Las actividades de vigilancia serológica y entomológica y la educación sanitaria en áreas certificadas por la OPS son indispensables para prevenir la reemergencia de la EC en Colombia y otros países americanos con características epidemiológicas similares.

Palabras clave: Boyacá, ecoepidemiológica, entomológicos. *Trypanosoma cruzi*

Análisis poblacional de *Rhodnius prolixus* Stål (Triatominae) bajo escenarios de fragmentación en el departamento de Casanare

Catalina Ariza^{1*}, Davinzon Martínez¹, Katherine Millán¹, Plutarco Urbano¹

¹ Grupo de Investigaciones Biológicas de la Orinoquia (GINBIO). Unitrópico, Yopal, Casanare, Colombia

*Presentador: ariza2017361006@unitropico.edu.co. plurbanus@unitropico.edu.co

La enfermedad de Chagas afecta a millones de personas principalmente en países tropicales, donde la transmisión vectorial por triatominos es el principal mecanismo de infección. Estos insectos están asociados a estructuras domiciliarias y peri domiciliarias de viviendas rurales y a ecotopos de altura como palmas silvestres. Esta investigación permitió realizar la poblacional de *Rhodnius prolixus* e infección por *Trypanosoma cruzi* bajo escenarios de fragmentación y peri-domicilio en el departamento de Casanare. Se encontró que los índices de densidad, abundancia poblacional e infestación son significativamente mayores en sitios más fragmentados. Así mismo, se observó que la disposición poblacional de *R. prolixus* se ve afectada por la fragmentación del hábitat, lo cual favorece una mayor agregación hacia bordes de bosque y áreas peri domiciliarias. Además, se registró un aumento significativo de los índices de infección por *T. cruzi* a medida que aumenta la fragmentación de los bosques. Se concluye que la fragmentación de los bosques de palmas producto de la acción antrópica afecta la densidad poblacional de *R. prolixus*, lo cual tiene una repercusión en el factor de agregación poblacional del vector, la infección por *T. cruzi* y la disposición espacial. Los altos valores de los índices de infestación, agrupamiento, densidad y número individuos de *Rhodnius* capturados indican el potencial riesgo que representan las palmas próximas a viviendas y de la necesidad de evaluar el riesgo sobre la transmisión de *T. cruzi* a las personas que representan los procesos de fragmentación de bosques naturales en áreas endémicas.

Palabras clave: Casanare, deforestaciones, palmas silvestres, vectores

Cambios en el comportamiento epidemiológico de la Leishmaniasis Tegumentaria en Colombia y variaciones de genes asociados con virulencia

Cindy Tatiana Pineda^{1*}, Edwin Andrés Montoya¹, Sara María Robledo¹, Iván Darío Vélez¹

¹ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia. Colombia

*Presentador: cindy.pineda@udea.edu.co

Los cambios moleculares que ocurren en *Leishmania* spp. pueden reflejar variaciones en la patogenicidad del parásito, pero también en la epidemiología de la enfermedad. Este estudio tuvo como objetivo describir las características epidemiológicas de los casos de leishmaniasis cutánea diagnosticados entre 1986 y 2018 e identificar los cambios ocurridos a lo largo de estos años, así como también las variaciones en el número de copias (CNV) de genes asociados a virulencia en cepas de *Leishmania panamensis* aisladas de dichos casos. Se construyó una base de datos con las historias clínicas de casos atendidos entre 1986 y 2018 en la cual se incluyeron variables sociodemográficas, clínicas y farmacológicas. Se identificaron cambios en el comportamiento de la enfermedad a lo largo del tiempo, agrupando los casos por periodos de 10 años. Las CNV se determinaron en el 9.3% (n = 125) de los aislados clínicos de *L. panamensis*. Por último, se sugirieron relaciones entre las CNV y los cambios observados en algunas variables clínicas. El estudio retrospectivo incluyó la información obtenida de 1,351 casos procedentes de 26 departamentos de Colombia. Se observaron cambios en las variables entre el periodo 3 en comparación con los otros dos periodos estudiados, con mayor número de casos en pacientes con actividades en espacios interiores, compromiso mucoso e infección diseminada, recaídas y mayor tamaño de las lesiones. Al comparar los cambios en el número de copias (CNV) de los genes asociados con virulencia entre los aislados de *L. panamensis* de los tres periodos de estudio, se observó un incremento en el número de copias de los genes evaluados en los periodos 2 y 3 en comparación con el periodo 1, siendo el gen PHOSP el que mostró mayor variación. Estos resultados sugieren que *L. panamensis* ha sufrido cambios genómicos asociados a la virulencia a lo largo del tiempo que podrían estar aumentando su potencial patogénico, ocasionando lesiones más grandes y formas más complejas de LC incluyendo reactivaciones y reinfecciones. No obstante, se necesitan más estudios para ampliar la información sobre la variabilidad genética de *L. panamensis* y su asociación con los mecanismos de virulencia, resistencia y patogenicidad.

Palabras clave: epidemiología, genómica, leishmaniasis

Detección de *Trypanosoma cruzi* en *Pastrongylus geniculatus* y *Didelphis marsupialis* en Tubará-Atlántico

Camilo Andrés Sanchez-Romero^{1*}, Laura Valentina Arias-Pérez^{1*}, Yeisson David Cera-Vallejo^{1,2}, Roberto José García-Alzate^{1,2}, Daisy Johana Lozano-Arias¹

¹ Fundación Universitaria San Martín, Facultad Ciencias De La Salud. Programa De Medicina. Semillero de Investigación ciencias de la salud (SICS), sede Puerto Colombia

Sanchezcamiloandres45@gmail.com, lauraarias270@gmail.com

² Universidad Del Atlántico-Facultad Ciencias Básicas-Semillero De Investigación En Vectores Y Mamíferos De Enfermedades Tropicales

robertogarcia@mail.unitlantico.edu.co

Trypanosoma cruzi es un protozoario sanguícola que infecta un grupo amplio de vectores y mamíferos, cuya infección es conocida como Trypanosomiasis americana o Enfermedad de Chagas (ECh); este parásito es transmitido principalmente por especies triatominas pertenecientes a los géneros *Rhodnius*, *Triatoma*, *Panstrongylus* y *Eratyrus*, en Colombia *T. cruzi* se encuentra en gran parte del territorio nacional; siendo el Atlántico una región en condiciones óptimas para la transmisión del parásito, por la presencia de potenciales hospedadores y vectores. Existen distintos métodos que permiten diagnosticar y diferenciar las fases de la enfermedad de Chagas, una de

ellas es la revisión en fresco de heces del insecto y sangre fresca del hospedador mamífero. Para esta investigación se realizó una fase de campo donde se recolectaron por búsqueda activa triatomíneos y a través de trampas tipo tomahawk mamíferos; fueron encontrados 12 ejemplares de la especie *P. geniculatus* en diferentes estadios, de los cuales, en examen fresco de heces siete estuvieron positivos para flagelados compatibles con *T. cruzi*, el contenido intestinal fue sembrado en medio RPMI para posterior genotipificación; en el caso de los mamíferos fueron capturados dos individuos de la especie *Didelphis marsupialis*, en la revisión en fresco de sangre solo se visualizó positividad para hemoflagelados en uno de ellos y mediante punción cardíaca se tomó muestra de sangre en tubos vacutainer para posterior extracción de ADN y caracterización del parásito mediante PCR. Estos resultados demuestran que, en el departamento del Atlántico, hay presencia activa de *T. cruzi* en vectores y mamíferos de vida silvestre, lo que incrementa el riesgo de transmisión en los habitantes de las poblaciones rurales en este municipio.

Palabras clave: vectores, hospedadores, *Trypanosoma cruzi*

Vigilancia epidemiológica de leishmaniasis con análisis molecular y geográfico en Cartagena: Estudio en humanos, vectores y caninos

Steev Loyola^{1,2}, Mashiel Fernández-Ruiz^{1,2*}, Eder Cano-Pérez¹, Jaison Torres-Pacheco¹, Wilson Ortega³, Doris Gómez-Camargo^{1,2}

¹ Grupo de Investigación UNIMOL, Facultad de Medicina, Universidad de Cartagena, Cartagena de Indias, Colombia

² Doctorado en Medicina Tropical, Facultad de Medicina, Universidad de Cartagena, Cartagena de Indias, Colombia

³ Programa de Salud ambiental, Departamento Administrativo Distrital de Salud (DADIS), Cartagena de Indias, Colombia

*Presentador: mfernandezr1@unicartagena.edu.co

La leishmaniasis es una enfermedad transmitida por flebotomos del género *Lutzomyia* y causada por varias especies del complejo taxonómico *Leishmania*. En Colombia es endémica principalmente en las zonas rurales. La transmisión urbana depende de la distribución de los vectores, la susceptibilidad de los reservorios domésticos (como los perros), factores ambientales y sociodemográficos. La información epidemiológica en áreas urbanas colombianas sigue siendo escasa. Nuestro objetivo fue llevar a cabo un estudio de vigilancia epidemiológica de leishmaniasis en humanos, perros domésticos y vectores, así como la distribución espacial de casos en dos barrios “La Quinta” y “El Toril” de Cartagena de Indias. Utilizando un muestreo por conveniencia, se aplicaron encuestas y se recogieron un total de 118 y 52 muestras de sangre de humanos y sus perros domésticos, respectivamente previo consentimiento. Se extrajo gDNA utilizado como molde en reacciones de PCR punto final el género *Leishmania*. Los productos de PCR se secuenciaron y las secuencias nucleotídicas se sometieron a BLASTn, luego se analizaron mediante herramientas filogenéticas para confirmar la identificación molecular. Un total de 5 de 118 muestras humanas, fueron positivas para el complejo *Leishmania donovani*; Todas las muestras de perros resultaron negativas. Se colocaron tres trampas de luz CDC durante tres días consecutivos en zonas peridomiciliarias del caso humano positivo a *Leishmania* que vivía en “El Toril”. Por cuestiones de seguridad, el otro barrio no se incluyó en la vigilancia entomológica. Por estudio entomológico se identificaron seis hembras de flebotomos *Lutzomyia*. Todos los flebotomos fueron negativos a la PCR para identificación del género *Leishmania*. La distribución espacial de los casos humanos se evaluó utilizando una base de datos georreferenciada que también incluía las coordenadas GPS de las trampas de luz de los CDC y los rangos de vuelo de los flebotomos descritos en otro lugar. Curiosamente, la mayoría de los casos humanos se localizaron dentro del área de vuelo y cerca de zonas boscosas. En conjunto, a pesar del fracaso en la detección de *Leishmania* en vectores y perros domésticos, nuestros resultados aportan información importante que llena un vacío con

respecto a la epidemiología de la leishmaniasis en zonas urbanas con un alto riesgo de transmisión y resalta la necesidad de ampliar la vigilancia y la identificación de reservorios.

Financiado: Departamento Administrativo Distrital de Salud (DADIS; 023-2021), y Grupo de Investigación UNIMOL, Universidad de Cartagena.

Palabras clave: Palabras clave: Cartagena, Colombia, Complejo *Leishmania donovani*, epidemiología, *Leishmania*

Genotipificación de parásitos tripanosomatídeos (*Trypanosomatida: Trypanosomatidae*) asociados a flebotomíneos en focos de Leishmaniasis del departamento de Sucre

Maira Alejandra Aleman-Santos^{1*}, Alexander Javier Bedoya-Polo², Alveiro Perez-Doria², Luis Enrique Paternina-Tuiran²

¹ Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico IIBT, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de Córdoba, Montería-Colombia

² Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo-Colombia

*Presentador: mairaaleman44@gmail.com

La leishmaniasis es considerada un problema de Salud Pública en gran parte del territorio colombiano. Sucre es uno de los que aporta más casos de leishmaniasis visceral y cutánea en el país, debido a la circulación de múltiples especies de parásitos y vectores altamente antropofílicos. Teniendo en cuenta el carácter endémico de la leishmaniasis en nuestra región, nuestro interés fue identificar las especies de *Leishmania* y otros tripanosomatídeos que infectan a las poblaciones de flebotomíneos en municipios con casos activos de leishmaniasis en el departamento de Sucre. Los flebotomíneos fueron capturados con trampas de luz tipo CDC, Shannon y Búsqueda activa con aspirador bucal en Sampués, Sincelejo, Colosó y Ovejas. Los insectos se mantuvieron vivos en jaulas de cría y fueron transportados para su procesamiento hasta el laboratorio, posteriormente las hembras fueron disecadas en PBS bajo estereomicroscopio para extraer el intestino, hacer la búsqueda microscópica de parásitos e identificar taxonómicamente el insecto. Independientemente de los resultados de microscopía, todos los intestinos (positivos a tripanosomatídeos individualmente, negativos en grupos por especie) fueron usados en detección molecular con PCR del 18S rDNA, los amplicones obtenidos fueron secuenciados y analizados con secuencias de referencia depositadas en GenBank. Se capturaron 544 hembras flebotomíneas, 15 de ellas con kinetoplastos claramente visibles en el intestino, 14 intestinos pertenecientes a *Lutzomyia cayennensis cayennensis* (n=75) de Sincelejo y un intestino de *Lutzomyia evansi* (n=283) de Ovejas; se encontró un *Trypanosoma* cercano a *Trypanosoma teixeirae* en 12 muestras de *Lutzomyia cayennensis cayennensis* genotipificadas, mientras que *Leishmania infantum* fue hallada en la muestra positiva de *Lutzomyia evansi*. El *Trypanosoma* antes mencionado fue detectado en 26 grupos de intestinos negativos de las cuatro localidades distribuidos de la siguiente manera: *Lutzomyia evansi* (13), *Lutzomyia cayennensis cayennensis* (5), *Lutzomyia trinidadensis* (2), *Lutzomyia micropyga* (3), *Lutzomyia gomezi* (1) y *Lutzomyia rangeli* (2). Al menos seis especies de *Lutzomyia* asociadas a focos de Leishmaniasis de las cuatro localidades en Sucre se infectan de forma natural y frecuente con parásitos del género *Trypanosoma*, mientras que *Lutzomyia evansi* parece infectarse de forma poco frecuente con *Leishmania* en las zonas analizadas.

Palabras clave: infección natural, *Leishmania*, *Lutzomyia*, tripanosomatídeos

Detección y tipificación de especies de *Leishmania* aisladas de pacientes, reservorios y vectores en la Región Caribe Colombiana

Suljei Cochero-Bustamante^{1,2*}, Matilde Rivero-Rodríguez¹, Luis Enrique Paternina-Tuirán¹, Eduar Elías Bejarano-Martínez¹

¹ Investigaciones Biomédicas Universidad de Sucre, Colombia

² Doctorado Medicina Tropical, Universidad de Cartagena, Colombia

*Presentador: scochero@gmail.com

La leishmaniasis es un importante problema de salud pública en la región Caribe Colombiana, donde se presentan todas las formas clínicas de la enfermedad. En los últimos años se ha ampliado su distribución geográfica debido a la emergencia de esta patología en nuevos focos de transmisión. *L. panamensis* y *L. braziliensis* son las especies de mayor distribución en el país, y corresponden a los principales agentes causales de la leishmaniasis cutánea, estas especies han sido asociadas a falla terapéutica y resistencia al tratamiento. Por lo anterior, el objetivo de esta investigación fue tipificar las especies de *Leishmania* aisladas de pacientes, reservorios y vectores en la región Caribe Colombiana. Se realizó un estudio de tipo descriptivo, la población estuvo representada por pacientes que acudieron a centros de salud de los departamentos de Córdoba, Sucre, Bolívar y Cesar, se tomaron muestras de sangre a caninos procedentes de focos endémicos de leishmaniasis y se realizó búsqueda de infección natural en vectores. Los flebotomíneos fueron capturados en 8 localidades de los departamentos de Córdoba, Bolívar, Sucre y Cesar, utilizando trampas de luz tipo CDC en el intra peri y extradomicilio de las viviendas. Se hizo la identificación morfológica y se generaron grupos de máximo 10 individuos por especie para realizar extracción de ADN y detectar la presencia de *Leishmania*. La especie del parásito fue identificada usando PCR convencional y secuenciación, como marcadores moleculares fueron usados ITS1, la región subtelomérica, HSP70, Miniexon y G6PD. La repetición de la región subtelomérica fue amplificada en 23 muestras clínicas y el miniexon en 24 muestras. La caracterización molecular identificó a *L. braziliensis* como la especie infectante en estos pacientes, *L. infantum* y *L. braziliensis* fueron detectados en caninos, y se encontró infección natural con las mismas especies en *Lutzomyia evansi* y *Lutzomyia gomezi*. *Leishmania braziliensis* es el agente causal de los casos de leishmaniasis cutánea analizados en los departamentos de Bolívar, Sucre, Córdoba y Cesar, donde *Lutzomyia gomezi* puede estar involucrada en su transmisión. Se confirma la circulación de *L. infantum* en reservorios y vectores en el área de estudio.

Palabras clave: *Leishmania*, PCR, reservorios, vectores

Modelación de la distribución potencial de *Panstrongylus geniculatus* (Laeille, 1811) (Hemiptera: Reduviidae) desde el concepto de nicho Grinelliano

Juan Camilo Rivera Pacheco^{1,2*}, Sandra Carolina Montaña Contreras², Mariano Altamiranda-Saavedra³

¹ Universidad de los Llanos, Facultad de Ciencias Básicas. Grupo de Investigación SUSAs, Villavicencio-Colombia

² Universidad de los Llanos, Facultad de Ciencias de la Salud, Grupo de Investigación Cuidado, Villavicencio-Colombia

³ Tecnológico de Antioquia, Grupo de Investigación Bioforense, Medellín-Colombia

*Ponente: juan.rivera.pacheco@unillanos.edu.co

Panstrongylus geniculatus (Latreille, 1911), es un triatomo de la subfamilia Triatominae (Hemiptera: Reduviidae) que se caracteriza por ser uno de los vectores del *Trypanosoma cruzi*, causante de la enfermedad de Chagas, que representa un problema de salud pública en varios países de América y es considerada una enfermedad tropical desatendida. La colonización y antropización de los bosques han generado la domiciliación de triatomos como *P. geniculatus* que presenta una amplia distribución en todo el continente. Se modeló la distribución potencial de *P. geniculatus* desde el concepto de nicho Grinelliano en diferentes escenarios climáticos: Pleistoceno, actual y las proyecciones pesimistas y optimistas de cambio climático. Se usaron los datos de presencia de la especie del Global Biodiversity Information Facility (GBIF) y las variables climáticas se obtuvieron de Worldclim V 2.1. Se utilizó el paquete *kuenm* del software R el cual utiliza el algoritmo de máxima entropía. Se realizó la calibración del modelo para seleccionar el modelo que mejor se ajustara a los criterios de selección. Se proyectó el mejor modelo para obtener los mapas de idoneidad ambiental y se reclasificaron en mapas binarios. Se evaluaron los cambios de las áreas ambientalmente idóneas en los diferentes escenarios. Se encontró que las áreas de expansión están principalmente en el norte de México, Uruguay, Paraguay y Argentina. Hay discrepancias en las áreas idóneas en Brasil, probablemente asociado a la deforestación. Pese a los cambios en las condiciones ambientales en proyecciones de corto o largo plazo, las áreas ambientalmente idóneas para la especie se mantienen, esto sugiere una dificultad para el control vectorial puesto que la plasticidad ecológica de *P. geniculatus* favorece su permanencia en distintos ambientes

Palabras clave: distribución geográfica, enfermedad de Chagas, triatomos



RESÚMENES SIMPOSIO PROMOCIÓN Y PREVENCIÓN EN SALUD EN EL ÁMBITO SOCIAL Y CULTURAL

VIII Reunión Colombiana
Leishmaniasis y enfermedad
de Chagas



**UNIVERSIDAD
DE ANTIOQUIA**

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales



Modelo de Atención Integral a familias como promoción y prevención en la enfermedad de Chagas. Promoción y prevención en salud en el ámbito social y cultural

Marta del Carmen Villatoro de Guerrero^{1*}

¹ Facultad Multidisciplinaria Oriental, Universidad de El Salvador, El Salvador C.A.

*Presentador: marta.villatoro@ues.edu.sv

Históricamente la enfermedad de Chagas es una enfermedad que afecta a millones de personas en el mundo, se ha considerado un problema de Salud Pública, asociada a personas con bajos ingresos, pobreza, condiciones de vida de la población, especialmente en el área rural, entre los principales factores de riesgos para contraer la enfermedad de Chagas. Esta presentación expone el vínculo entre la enfermedad de Chagas y la pobreza, destacando las formas para reducir la propagación de esta y el impacto que se tiene en la familia cuando se logra el cambio de actitud. Desde el enfoque del Modelo de Atención Integral, se plantea que la pobreza no tiene que ser sinónimo de suciedad, desorden, y falta de limpieza, aspectos que contribuyen al riesgo de contraer la enfermedad. Dado que la enfermedad de Chagas provoca complicaciones de salud grave, y esta a su vez reduce las capacidades de desarrollo de la persona, de la familia como también, de la comunidad, se debe cambiar la metodología para abordar el problema, y cambiar las técnicas para que las familias utilicen los recursos existentes en su territorio y ayudarse a resolver sus propios problemas. La metodología para emplear es la investigación acción participativa e inicialmente con la técnica de la sensibilización, para que por sí mismos identifiquen las debilidades de su contexto y sean modificadas las prácticas para prevenir la enfermedad de Chagas. El enfoque no busca curar la enfermedad, sino, prevenir que las familias la padezcan, dado que, tiene impacto negativo en la persona que lo sufre en forma individual, local y nacional porque, incide en una variable muy importante para todos como es la falta de ingresos; así mismo el Estado también se ve afectado por que cuenta con menos población con capacidad de contribuir al Producto Interno Bruto. Abordar las causas fundamentales de la pobreza como falta de orden, aseo y limpieza, es esencial para reducir la propagación de la enfermedad; como también, invertir en programas de atención integral que busquen la sensibilización de la mejora de la vida individual, familiar y comunitaria, puede ayudar a prevenir la propagación y mejorar las condiciones de vida de la familia y la comunidad.

Palabras clave: atención integral, Chagas, pobreza

Brote de Chagas agudo en San Juan de Urabá (Antioquia): una mirada desde el riesgo entomológico

Ilya V. Llanos-Salamanca^{1*}, Ramón Hernández², Benjamín Lemus², Viviana Lenis¹, Edison G. Sanchez², Armando Galeano², Roberto Gómez¹

¹ Laboratorio Departamental de Salud Pública, Secretaria Seccional de Salud, Gobernación de Antioquia, Medellín-Colombia

² Grupo de Enfermedades Transmitidas por Vectores (ETV), Salud Ambiental y Factores de Riesgo, Secretaría Seccional de Salud, Gobernación de Antioquia, Medellín-Colombia

*Presentador: entomologialdsp.sssa@antioquia.gov.co

La enfermedad de Chagas es una parasitosis causada por *Trypanosoma cruzi* y transmitida por triatominos, insectos hematófagos conocidos en Colombia como “pitos” o “chinches”. En Colombia, esta enfermedad es un

problema de salud pública, que afecta áreas rurales y periurbanas. La colecta e identificación de triatominos en las viviendas y sus alrededores, al igual que la caracterización de vivienda es esencial para entender su epidemiología y establecer medidas de control efectivas. El objetivo de este estudio fue evaluar las condiciones alrededor de la vivienda de un caso agudo de Enfermedad de Chagas presentado en San Juan de Urabá (Antioquia) en febrero de 2023, para determinar la posibilidad de transmisión vectorial en la zona e instaurar una estrategia de vigilancia comunitaria regular. Se realizó búsqueda activa, trampas con atrayente animal tipo Angulo y colecta comunitaria para la captura de vectores. Simultáneamente, se aplicó una encuesta para caracterizar las viviendas alrededor del caso. Se capturaron 34 triatominos en total, de los cuales siete eran adultos y 26 ninfas, todos pertenecen a la especie *Rhodnius pallescens*. La totalidad de los insectos adultos fueron revisados en campo para determinar presencia de agente causal en heces, por montaje en fresco, hallando una tasa de infección del 86%. Todos los insectos se almacenaron en alcohol 70% para pruebas moleculares confirmatorias posteriores. Por medio de la vigilancia comunitaria instaurada se colectaron 7 insectos adultos adicionales, de especies *R. pallescens* y *Panstrongylus geniculatus*, con tasa de infección del 28.5%. De las viviendas encuestadas, más del 70% presentan características y condiciones en el peridomicilio que favorecen la presencia de vectores y reservorios, como existencia de palmeras, animales domésticos, cultivos y cercanía a bosques. Los resultados indican una alta presencia de triatominos infectados con *T. cruzi* en la zona de estudio, lo cual representa un riesgo para la transmisión de la enfermedad de Chagas en la localidad, potenciado por las condiciones de las viviendas, aspecto que puede ser intervenido. Estos resultados pueden ser utilizados para implementar medidas de control integrado para los vectores, que incluyan la sensibilización y educación de la población local y control químico, de ser necesario.

Palabras clave: Antioquia, brote, enfermedad de Chagas, vectores

Prevalencia de la enfermedad de Chagas en menores de 15 años residentes de la provincia de García Rovira años 2017 a 2019

Xiomara Chanagá-Vera^{1*}, María Amaya-Solano², Martha Díaz-Ardila², Alexander Torres-Prieto¹

¹ Grupo de Epidemiología y Demografía, Secretaría de Salud de Santander, Gobernación de Santander

² Programa de Enfermedades Transmitidas por Vectores, Secretaría de Salud de Santander, Gobernación de Santander

*Presentador: etvepidemiologia@santander.gov.co

La enfermedad de Chagas hace parte de las enfermedades desatendidas según la Organización Mundial de la Salud (OMS), quien estima que Colombia tiene alrededor de 437,960 casos de Chagas y 5,274 casos nuevos por transmisión vectorial. En Santander no se cuenta con información estimada de la prevalencia de la enfermedad de Chagas, solamente se cuenta con los datos incidentes que son reportados a través del sistema de vigilancia en salud pública. Desde 2014, Santander ha participado en el “Programa de Interrupción de la transmisión intradomiciliaria de *Trypanosoma cruzi* por *Rhodnius prolixus* en áreas priorizadas” certificado por la Organización Panamericana de la Salud (OPS). En el marco del programa desarrollado de 2017 a 2019, se priorizaron veredas de municipios de la provincia de García Rovira: Capitanejo, Macaravita, Molagavita y San José de Miranda para determinar la prevalencia de Chagas en menores de 15 años. Estas fueron seleccionadas teniendo en cuenta el reporte histórico de presencia de los vectores transmisores de la enfermedad y las condiciones eco-epidemiológicas, las que representaron porcentajes de cobertura entre el 59% y el 72% del total del municipio. Se calculó la población a riesgo en menores entre 0 y 14 años de las veredas seleccionadas, teniendo en cuenta las bases de datos de planeación municipal (SISBEN, BDU). Con ayuda del algoritmo diagnóstico del Instituto Nacional de Salud, se determinó la positividad para infección por *T. cruzi* a la población objeto. A cada caso

positivo, se realizó investigación epidemiológica de campo para identificar factores de riesgo y caracterizar su grupo familiar, evaluando la positividad para *T. cruzi*. Los menores tamizados fueron 2,687 de los cuales se identificaron 9 positivos con una prevalencia de 0.3%, los cuales están distribuidos y con una prevalencia en Capitanejo 4 (0.4%), Macaravita 1 (0.2%), Molagavita 3 (0.5%), y San José de Miranda 1 (0.3%). Se identificaron seis contactos familiares positivos con un porcentaje de positividad del 13.6% de los 44 investigados. Todos los casos identificados fueron remitidos para tratamiento. Estos datos representan un avance en el impacto de la orientación diagnóstica, tratamiento oportuno y actividades de salud pública para esta zona de Santander.

Palabras clave: Chagas, García Rovira, menores de edad, prevalencia, Santander

Brechas en la prevención secundaria y terciaria en la atención de la Leishmaniasis Cutánea, en hospitales de primer y segundo nivel. (Un caso de estudio)

Yicenia Milena Cuadros¹, Luisa Consuelo Rubiano¹, Verónica Romero¹, Walter Zuluaga¹

¹ Sistema de Vigilancia Epidemiológica. Facultad Nacional de Salud Pública. Universidad de Antioquia

Determinar el grado de cumplimiento de los lineamientos MS y PS en prevención secundaria y terciaria (2018) en leishmaniasis cutánea (LC) en nueve hospitales de un área endémica. Estudio descriptivo transversal, se obtuvieron datos de las historias clínicas de pacientes con diagnóstico de LC atendidos en nueve hospitales de primer (7) y segundo nivel (2) de un área endémica entre el 1 de enero 2021 y el 31 de diciembre de 2022. Se evaluaron el frotis, la rinoscopia, la realización de paraclínicos previos al inicio y a la mitad del tratamiento, registro de las lesiones, ubicación y medición y reacciones adversas al medicamento, control de peso durante el tratamiento, evaluación al final del tratamiento y los siguientes 12 meses. Se revisaron 137 historias clínicas de pacientes con una edad media de 29.5 años, 66.4% hombres. El promedio de lesiones por LC fue de 2 y el tamaño 900mm², ubicadas en el 47.4% en miembros superiores. Las acciones de prevención secundaria y terciaria muestran: confirmación en el 97% de los casos con frotis, el 23% tuvieron rinoscopia y 4.4% control de peso; la formulación se distribuyó así: antimoniales intramuscular 58.4%, Miltefosine 8%, intralesional 18.9%; la evaluación con paraclínicos de primer nivel 84%, los de segundo nivel 45%, con marcada diferencia entre el primer y segundo nivel de atención; con relación a la evaluación durante la aplicación del tratamiento se presentó un cumplimiento del 39.4%, el seguimiento y evaluación posterior al tratamiento mostró un cumplimiento al mes 1, 3, 6 y 12 del 1%. Se detectaron cuatro casos de posible LM; la detección de falla terapéutica se logró en el 1%. Errores en la formulación 7,2%. La confirmación diagnóstica presenta un adecuado cumplimiento. De otro lado la prevención de las complicaciones debido al tratamiento y la detección precoz de complicaciones como: eventos adversos asociados al tratamiento, falla terapéutica o LM, presentan una brecha en los diferentes niveles de atención, se requiere mejorar la sensibilización de los equipos de salud frente a la prevención secundaria y terciaria del paciente con LC y fortalecer la farmacovigilancia con los tratamientos de las enfermedades olvidadas.

Financiado: Patrocinado por La Universidad de Antioquia y convenio con EPM

Palabras clave: falla terapéutica, farmacovigilancia, leishmaniasis, prevención secundaria, prevención terciaria

Leishmaniasis visceral, estudio de foco vereda Palogordo-municipio de Girón-Santander 2019-2022

María Amaya-Solano¹, Wilson Fernando Torres-Torres¹, Alba Rocío Orduz-Amezquita², Javier Alonso Herrera-Cuadros², Carlos Fabian Suta-Vega³

¹ Programa de Enfermedades Transmitidas por Vectores.

² Laboratorio Departamental de Salud Pública.

³ Gobernación de Santander, Programa ETV, Secretaría de Salud Municipal de Girón

*Presentador: leshmaniasissantander@gmail.com

La Leishmaniasis Visceral (L.V) se reconoce como una enfermedad endémica en Colombia, especialmente en el valle del río Magdalena y en la región del caribe, donde los vectores identificados en la transmisión es *Lutzomyia longipalpis* y *L. evansi*. Para el país la situación epidemiológica muestra que en el periodo comprendido entre el año 2007 a noviembre de 2021; se han registrado mediante el SIVIGILA, del Instituto Nacional de Salud, 321 casos de LV, los cuales están distribuidos en los departamentos de Bolívar, Sucre, Córdoba, Huila, Tolima, La guajira, Santander, Norte de Santander, Cundinamarca y Cesar. El primer caso autóctono fue confirmado en Colombia en el año de 1943, en menor de 37 meses de edad, nacida en el municipio de San Vicente de Chucurí - Santander quien adquirió la infección en la vereda San Nicolás del municipio de Lebrija. Desde ese año a la fecha (2023), el departamento de Santander ha reportado 15 casos procedentes en lo que hoy se constituye como foco de LV conformado por los municipios de Girón, Lebrija y Piedecuesta. Durante el año 2019 se notificó un caso de LV atípico correspondiente a una mujer de 25 años de edad procedente de la vereda Palogordo del municipio de Girón, con cuadro clínico de un año de evolución caracterizado por desnutrición severa, anemia, leucopenia, trombocitopenia, diarrea crónica y hepatoesplenomegalia, adicionalmente padecía de trastorno afectivo. En estudio de foco, las acciones articuladas de la Secretaría de Salud de Santander y Secretaria Local de salud de Girón, arrojaron los siguientes resultados: Caracterización de factores de riesgo en 78 viviendas, BAI de 65,723 RIPS, 2,802 con diagnósticos diferenciales, cuyos 85 casos cumplieron con los criterios, vigilancia entomológica en 10 viviendas, captura de 216 especímenes de *lutzomyia longypalpis*, toma de 199 muestras en humanos, todas negativas, muestra en 102 caninos, (15) infectados para LV con una seropositividad del 14.7%, corroborando su rol como reservorio, control químico intradomiciliario a 171 viviendas, jornada de información y educación a 136 personas, aunado a esto las condiciones eco epidemiológicas de la región y las NBI sanitarias de las viviendas presentes en la localidad, ameritan la importancia de seguir fortaleciendo el control integrado y selectivo de vectores en la zona, resaltando la promoción de la salud y la prevención de la enfermedad mediante educación sanitaria y eliminación de factores de riesgo.

Palabras clave: atípico, caracterización, leishmaniasis, reservorio

Nuevo brote de transmisión de leishmaniasis cutánea en el municipio de Anzá, departamento de Antioquia

Andrés Felipe Vélez-Mira^{1*}, Paola González-Mejía¹, Laura Cristina Posada-López^{1,2}, Juan Carlos Quintero-Vélez¹

¹ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Colombia

² Programa de posgrado en Salud Pública, Facultad de Salud Pública, Universidad de Sao Paulo, Brasil

*Presentador: velezandres@gmail.com

Se realizó un estudio descriptivo bajo el método ecoepidemiológico en dos veredas del municipio de Anzá, departamento de Antioquia por medio de la aplicación de la prueba de Montenegro, la encuesta entomológica,

encuesta epidemiológica que permite indagar por las concepciones, actitudes y prácticas (CAP) con respecto a la enfermedad y posterior análisis estadístico de los resultados. La prueba de Montenegro se utilizó para evaluar el contacto de la población con el agente etiológico de la enfermedad, fue aplicada a 104 voluntarios en 18 viviendas en la vereda La Cejita y 28 en Higuiná. calculando una prevalencia de exposición del 2.13% y 7% respectivamente. Utilizando trampas tipo CDC en el intra y peri-domicilio se capturaron un total de 66 flebotómicos, 55 identificados como *Lu. gomezi*, especie de importancia médica incriminada en la transmisión de la Leishmaniasis, el resto de los insectos recolectados fueron agrupados en los géneros *Brumptomyia* spp., *Evandromyia* spp., *Micropigomyia* spp., y *Pintomyia* spp. Según la encuesta epidemiológica, se observó que los habitantes de las veredas reconocen la enfermedad y sus manifestaciones cutáneas, aunque su transmisión no se asoció a los flebotómicos; lo que demuestra una falta de conocimiento sobre el ciclo de la enfermedad y su prevención. El análisis estadístico de los resultados reveló que no hay transmisión activa en la vereda La Cejita. Para la vereda Higuiná, los resultados muestran que existe un mayor riesgo de infección y la transmisión es probablemente extradomiciliaria, asociada al trabajo en exteriores como minería, agricultura y vigilancia nocturna. Estos resultados subrayan la importancia de fomentar la conciencia en la comunidad y de establecer medidas de control y educación en salud, con el fin de disminuir la carga de esta enfermedad.

Palabras clave: estudio de foco, exposición, leishmaniasis, método ecoepidemiológico, vector

Acciones de promoción, prevención y control de la enfermedad de Chagas en el departamento de Casanare, Colombia, 2019-2022

Patricia Angélica Ospina¹, Malenna Camacho-Gómez^{2*}, Sandy Trinidad Gómez³, Liliana Patricia Zuleta-Dueñas⁴

¹ Programa de enfermedades transmitidas por vectores (ETV), Secretaria Departamental de Salud del Casanare, Yopal-Casanare

² Laboratorio de Salud Pública- área entomología médica, Secretaria Departamental de Salud del Casanare, Yopal-Casanare

³ Laboratorio de Salud Pública- área eventos de interés en salud pública, Secretaría Departamental de Salud del Casanare, Yopal-Casanare

⁴ Vigilancia en Salud Pública, Secretaría Departamental de Salud del Casanare, Yopal-Casanare

*Presentador: bmalenna-camacho@javeriana.edu.co

La enfermedad de Chagas (ECh) es un problema de salud pública en Latinoamérica, causada por el parásito *Trypanosoma cruzi*, transmitido por insectos triatominos. Con áreas endémicas como Casanare, donde es priorizada en políticas públicas para reducir su incidencia y carga. Por lo anterior, este estudio descriptivo analizó las acciones de promoción, prevención y control de la ECh registradas en bases de datos, informes e investigación de brotes entre 2019-2022 de la Secretaría de Salud Departamental. Se mantiene el plan de interrupción de la transmisión de la ECh por vectores domiciliados en ocho municipios certificados (Támara, Aguazul, Yopal, Sácama, Sabanalarga, Chámeza, Recetor y La Salina) y seis en proceso (Nunchía, Paz de Ariporo, Pore, Hato Corozal, Monterrey y Tauramena). Se tamizaron 8,602 personas, 40% menores de 5 años y 60% entre 5 a 14, con una seroprevalencia 0.3% (σ :0.1) y 0,5% (σ :0.4), respectivamente. 90% de los casos recibieron tratamiento etiológico. En 2022 con la estrategia Etmi-plus, el 41% (2.678/6.518) de gestantes tuvieron tamizaje serológico, seroprevalencia 1.4%. El banco de sangre captó en promedio 32 pacientes/año. En la vigilancia entomológica se realizaron 23,769 visitas a 12,973 viviendas (1.8 visitas/vivienda) en 383 localidades, en estas localidades se identificó infestación de *Rhodnius prolixus* (25.9%), *Triatoma maculata* (17.2%) y *Panstrongylus geniculatus* (4.4%), 15 viviendas con colonización de *R. prolixus* y 20 con *T. maculata*; 68.6% de los encuestados conocen el vector. El 95% (2639/2855) de los insectos recolectados por la comunidad

eran triatominos. 144 puestos de recolección de triatominos instalados. Se reportaron 14 brotes (39 casos), 57% en municipios certificados o en proceso, principal vía de transmisión: vectorial. Factores de riesgo identificados: estructura de las viviendas, características ecosistémicas, comportamentales (no uso toldillo, deficientes condiciones higiénicas) y desconocimiento del vector. Finalmente, se resalta el fortalecimiento del diagnóstico y tratamiento oportuno de infantes y adolescentes, seguimiento al binomio madre-hijo para la eliminación de ECh congénita, eliminación de colonias de triatominos y promoción de la enfermedad en la población rural. Permanecen limitaciones al acceso de exámenes complementarios, plan farmacológico, riesgo de transmisión por intrusión de vectores en viviendas y desconocimiento de los mecanismos de transmisión en población flotante.

Palabras clave: Casanare, infestación, seroprevalencia, tamizaje, triatominos

Infección aguda por *T. cruzi* durante la gestación, un desafío para el manejo: reporte de caso en Colombia

Manuel Medina-Camargo¹, Rafael Herazo^{2*}, Nancy Milena Tovar-Saavedra³, Wellintong Quiñones³, Silvia Valdivieso-Bohorquez⁴, Claudia Rincón-Acevedo⁵, Maryi L. Segura-Alba⁵, Manuela Alejandra Magurno-García⁶, Oscar Mauricio Valero-Alvarado⁷

¹ Programa Enfermedades Transmitidas por Vectores (ETV) departamento de Boyacá

² Programa Acceso Chagas, DNDi

³ Hospital Especial de Cubará E.S.E.

⁴ Laboratorio Salud Pública departamento de Boyacá

⁵ Instituto Nacional de Salud

⁶ Médica programa ETV departamento de Arauca

⁷ Médico programa ETV - Bogotá

*Presentador: rherazo@dndi.org

Embarazada de 24 años, 19.2 semanas de gestación, sin antecedentes médicos. Cursa con clínica de 13 días de fiebre, mialgias, artralgias, cefalea, emesis y tos seca. Durante la primera semana de síntomas se consideraron los diagnósticos de infección urinaria y dengue, fue manejada con antibióticos y antipiréticos, sin mejoría completa de sus síntomas. Al examen físico evidencia de taquicardia 137 lpm y temperatura de 38.2 °C. Por nexa epidemiológico con diagnóstico de infección aguda por *T. cruzi* en el esposo, se solicita hemoparásito que evidencia la presencia de tripomastigotes. La paciente es remitida a hospital de segundo nivel. Se realiza junta médica para evaluar conducta clínica. Fue instaurado manejo sintomático, evaluación periódica materno-fetal y proceso de remisión a 3er nivel por alto riesgo de complicaciones. Durante las primeras 24 h en segundo nivel se reportó ecografía obstétrica normal, paciente afebril, con taquicardia materna, transaminasas elevadas, tiempos de coagulación prolongados y electrocardiograma normal. A las 48 h la paciente refiere fiebre, mialgias, artralgias, se documenta taquicardia materna y fetal persistente y electrocardiograma con hallazgo de hemibloqueo de rama izquierda, considerándose progresión hacia una complicación cardíaca y se inicia tratamiento tripanocida a los 14 días de iniciado los síntomas. A 72 h del ingreso la paciente es remitida. En hospital de tercer nivel se documenta en radiografía de tórax aumento de cavidades izquierdas y en ecocardiograma TT derrame pericárdico sin repercusión hemodinámica. Continúa manejo con Benznidazol 300mg/día. A la semana 23 de gestación se reporta en ecografía: feto pequeño para la edad gestacional y a las 28.1 semanas aumento moderado de la resistencia placentaria. La gestación progresa sin complicaciones y a las 38.6 semanas se realiza cesárea programada obteniéndose producto con adaptación neonatal espontánea y examen físico normal. A los 10 meses de edad del lactante se confirma infección por *T. cruzi*, configurándose

la posibilidad de falla terapéutica en la madre y transmisión congénita. El tratamiento de la EC en fase aguda durante el embarazo constituye un desafío. Los tripanocidas están contraindicados durante la gestación. No obstante, durante la fase aguda en la gestación, un análisis de riesgo beneficio debe realizarse y considerarse la terapia tripanocida.

Palabras clave: derrame pericárdico, enfermedad de Chagas, embarazo, tripanocidas

Identificación de colonización de triatominos al domicilio a través de vigilancia comunitaria en Casanare, 2014 a abril de 2023

Esyevit Karina Gonzalez-Roa^{1*}, Liliana Patricia Zuleta-Dueñas¹

¹ Laboratorio de Salud Pública, Secretaría de Salud de Casanare, Yopal-Casanare

*Presentador: esyevitgr@gmail.com

Casanare es parte de la ecorregión de los llanos orientales zona endémica de triatominos, siendo *Rhodnius prolixus* el vector más eficiente de transmisión de Enfermedad de Chagas; la vigilancia entomológica que realiza la comunidad es de relevancia para dirigir acciones que reducen el riesgo de enfermedad. De forma descriptiva y retrospectiva se analizó los registros del Laboratorio de Salud Pública de Casanare de ninfas de triatominos colectados por comunidad entre 2014 a abril de 2023, fueron determinados taxonómicamente siguiendo principalmente a Lent y Wygodzinsky (1979). Se ingresaron 168 muestras con al menos una ninfa de Triatominae colectados en domicilios, el 74.3% (124) capturado en intradomicilio, 18.6% (31) peridomicilio y 7.2 (12) sin información. El tiempo promedio entre la colecta e ingreso a laboratorio fue 9 días (+/- 14). Las muestras fueron de 16 de 19 (84.2%) municipios del departamento, correspondientes a: 104 veredas con 122 predios; 3 cabeceras municipales con 17 predios y 17 registros en resguardos indígenas de Caño Mochuelo, San Juanito y Chaparral-Barronegro. Se detecto colonización con mayor frecuencia entre abril a junio. Se registró 799 ninfas, identificando 46.8% intradomicilio, 35.1% peridomicilio y sin información el 17.4%. En intradomicilio se identificaron *Eratyrus mucronatus* (Ninfa V), *Panstrongylus geniculatus* (Ninfa V) *Rhodnius prolixus*, *Triatoma maculata*. Principalmente se colecto la especie *R. prolixus* (76.5%), con 21.2% de individuos en estadio Ninfa II, el 20.2% Ninfa III y el 16.1% Ninfa IV. En el peridomicilio se identificó *T. maculata* (Ninfa II a V), *P. geniculatus* (Ninfa II a V) y *R. prolixus* (Ninfa II y III). El 85.2% de los individuos del entorno fueron *T. maculata*, principalmente el estadio Ninfa IV (39.8%) seguido de Ninfa V (33.3%). Se registró una ninfa V de *P. rufotuberculatus* sin dato de entorno. La vigilancia comunitaria es sensible a identificar procesos de colonización incipientes en Casanare, principalmente en el intradomicilio. Pese a considerarse una vigilancia autosostenible, se enfrenta a inconvenientes como el transporte de muestras al Laboratorio, falta de apoyo en puntos de recolección que funcionen los siete días de la semana en cabeceras municipales y falta de recursos para dotaciones de puntos de recolección.

Palabras clave: Llanos Orientales, ninfas, *R. prolixus*



RESÚMENES DE TRABAJOS PRESENTADOS EN MODALIDAD DE POSTER

VIII Reunión Colombiana
Leishmaniasis y enfermedad
de Chagas



**UNIVERSIDAD
DE ANTIOQUIA**

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Evaluación de vesículas extracelulares (VE) y su relación con las coagulopatías en pacientes Chagásicos con insuficiencia cardiaca crónica

Lyda Zoraya Rojas Sánchez¹, Luis Eduardo Echeverría¹, Marisol Tique Oviedo^{2*}, Karen Álvarez Díaz³, Mauricio Rojas Lopez³, Diana Isabel Cáceres Rivera⁴, Sergio Alejandro Gómez Ochoa¹, Laura Daniela Muñoz¹, Omar Triana Chavez⁵, Yurany Eresbey Granada⁵, Jeiczon Elim Jaimes Dueñez²

¹ Grupo de investigación en ciencias cardiovasculares de la Fundación Cardiovascular de Colombia - Fundación Cardiovascular de Colombia

² Grupo de Investigación en Ciencias Animales (GRICA), Universidad Cooperativa de Colombia

³ Grupo de Inmunología Celular e Immunogenética (GICIG), Sede de Investigación Universitaria (SIU), Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia (UDEA)

⁴ Grupo de Investigación para el fortalecimiento de la salud y el bienestar GIFOSABI, Facultad de Enfermería, Universidad Cooperativa de Colombia UCC, Bucaramanga, Colombia

⁵ Grupo de Biología y Control de Enfermedades Infecciosas (BCEI), Universidad de Antioquia

*Presentador: marisol.tique@campusucc.edu.co

Además de la Cardiopatía Chagásica Crónica (CCC), la enfermedad de Chagas (EC) causa alteraciones de la coagulación que aún son susceptibles de estudios que permitan identificar oportunidades en el manejo del paciente crónico. Considerando el efecto que tienen las vesículas extracelulares (VE) en la regulación de procesos de la coagulación, inflamación y angiogénesis, el presente estudio tiene como objetivo caracterizar diferentes tipos de VE y su relación con los trastornos de la coagulación en pacientes con EC. Un total de 36 pacientes con EC en sus diferentes estadios clínicos y 20 controles conformados por pacientes con cardiopatías de otra índole (n=7) y sin cardiopatía (n=13) fueron analizados. El recuento de VE totales y el porcentaje de VE positivas para el Factor tisular (VE FT+), Ligando 1 de la P-Selectina (VE PGSL1+), y marcador de plaquetas (VE CD41a+), fueron analizados mediante citometría de flujo; el recuento de plaquetas, tiempo de trombina (TP) y tiempo parcial de tromboplastina (TPT) fueron analizados mediante un coagulómetro automatizado; la capacidad de agregación plaquetaria de las VE de cada paciente sobre un plasma rico en plaquetas fue analizado mediante el principio de reducción de la densidad óptica. Los resultados muestran un aumento significativo de la población de VE PGSL1+ y el TPT en los pacientes con EC, así como una mayor capacidad de agregación plaquetaria en presencia de las VE obtenidas de pacientes de este último grupo (P<0.05). No se observaron asociaciones con los diferentes grados de evolución clínica de la EC, de igual manera no se observaron diferencias en los demás fenotipos de VE analizados. Nuestros resultados muestran un aumento de VE PGSL1+ en pacientes con EC, una proteína altamente asociada a procesos trombóticos en enfermedades como el cáncer, lupus, síndrome antifosfolípido entre otras. La mayor capacidad de agregación plaquetaria de las VE derivadas de pacientes con EC, puede en parte atribuirse a una mayor proporción de VE cargadas con esta proteína. Finalmente, el incremento del TPT puede tratarse de un mecanismo compensatorio del sistema hemostático que aún requiere ser analizado. Estos resultados, demuestran el mayor potencial trombótico que presentan los pacientes con EC, independiente de su estadio clínico.

Palabras clave: citometría, factor tisular, PGSL-1, plaquetas, *Trypanosoma cruzi*

Caracterización molecular de *Ehrlichia canis* y *Babesia vogeli* revela múltiples genogrupos en perros de Bucaramanga, Santander

Mariana Marin-Gallego^{1*}, Omar Triana-Chávez¹, Ana Maria Mejia-Jaramillo¹, Jeiczon Jaimes-Dueñez²

¹ Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas BCEI, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia UCC, Calle 30 No. 3351, Bucaramanga, Santander, Colombia

*Presentador: mariana.maring@udea.edu.co

Ehrlichia canis y *Babesia vogeli* son hemoparásitos que producen la enfermedad de Ehrlichiosis monocítica canina (EMC) y Babesiosis en perros. Considerando la falta de estudios sobre estos patógenos en Colombia, la presente investigación tuvo como objetivo realizar una caracterización genética y determinar la prevalencia molecular de *E. canis* y *Babesia* spp. En perros del Área Metropolitana de Bucaramanga, Santander. Para ello se analizaron muestras de 185 perros mediante enfoques moleculares, clínicos y hematológicos. La detección molecular de *E. canis* y *Babesia* spp., se realizó mediante PCR convencional de los genes *dsb* y *18S rRNA*, respectivamente, y se analizó la presencia de diferentes genogrupos de *E. canis* mediante PCR anidada del gen *trp36*. Los análisis moleculares mostraron una prevalencia del 13 % (24/185; IC 95 %, 8.1 - 18.0 %) y 1.09 % (2/185; IC 95, % -0.43 - 2.6 %) para *E. canis* y *B. vogeli* respectivamente, así como la presencia de los genogrupos US (EE. UU.), BR (Brasil) y CR (Costa Rica), en el 62.5, 16.6 y 16.6% de las muestras positivas a *E. canis*, respectivamente. Los análisis estadísticos determinaron que ciertos parámetros hematológicos difirieron significativamente entre animales infectados con los diferentes genogrupos de *E. canis*, y su infección general se asoció con sectores socioeconómicos específicos, así como con algunas características del hogar ($p < 0.05$). En conclusión, nuestros resultados presentan evidencia de la circulación de múltiples genogrupos de *E. canis* en el área de estudio, lo que se asocia con diferentes orígenes geográficos y rasgos clínicos. Los análisis epidemiológicos sugieren la necesidad de aumentar la vigilancia molecular y las campañas de prevención, especialmente en los sectores socioeconómicos más bajos.

Palabras clave: babesiosis, ehrlichiosis monocítica canina, epidemiología, genogrupo, prevalencia

Predicción de mimetismo molecular entre antígenos de *Leishmania* sp. y humanos: implicaciones para la respuesta autoinmune en el lupus eritematoso sistémico

Múnera M^{1*}, Pérez M¹, Rojas J¹, Villero J¹, Sánchez A^{1,2}, Sánchez J², Emiliani Y¹

¹ Health Faculty, Medical Research group (GINUMED) University Corporation Rafael Nuñez, Cartagena, Colombia

² Group of Clinical and Experimental Allergy (GACE), IPS Universitaria, University of Antioquia, Medellín, Colombia

*Presentador: marlon.munera@curnvirtual.edu.co

Los patógenos y los humanos comparten una relación intrínseca relacionada con el mimetismo molecular en sus antígenos. Las interacciones entre el sistema inmunitario y los antígenos patógenos dan como resultado una producción de anticuerpos que podrían proteger contra la infección, pero desarrollan respuestas autorreactivas mediadas por autoanticuerpos que reaccionan a los antígenos patógenos y humanos porque comparten epítomos. En este estudio, se utilizó una tubería de herramientas bioinformáticas para explorar el repertorio de autoantígenos implicados en el desarrollo del lupus eritematoso sistémico y sus homólogos en *Leishmania* sp. Con esto, examinamos y seleccionamos 33 candidatos de mimetismo molecular. En 17 autoantígenos de lupus fue posible realizar predicción de epítomos y se encontró que, al menos, un epítomo cruzado potencial. Algunos de los autoantígenos con mimetismo molecular fueron la acuaporina 4, los autoantígenos nucleares como: el modificador 1 relacionado con la ubiquitina y la ribonucleoproteína nuclear pequeño Sm. Además, se encontró que los autoantígenos mitocondriales y ribosómicos comparten mimetismo molecular con antígenos de *Leishmania* sp. En conclusión, este es el primer estudio que proporciona evidencia de mimetismo molecular

entre antígenos de *Leishmania* sp. y humano Las implicaciones para el desarrollo de LES y la manifestación clínica merecen más estudio.

Palabras clave: antígenos, autoinmunidad, epítipo, *In silico*, infecciones, mimetismo molecular

Diversidad del género *Lutzomyia* (Diptera: Psychodidae) en municipios del departamento de Córdoba - Colombia

Javier García-Leal^{1,2*}, Diego Carrero-Sarmiento², Richard Hoyos-López³

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

² Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad de Pamplona, Pamplona, Colombia.

³ Facultad de salud, Universidad del Sinú, Montería, Colombia.

*Presentador: yerson.garcia@unisimon.edu.co

La estimación de los cambios en la diversidad y como se encuentran compuestas las comunidades de insectos en áreas de transmisión, de diferentes zonas de vida, puede indicar patrones diferenciales en la transmisión y fauna de reservorios asociada, así como diferentes escenarios de riesgo epidemiológico. Un ejemplo es la leishmaniasis, parasitosis relacionada con la presencia de flebotómíneos del género *Lutzomyia*, que en Córdoba (Colombia) presenta áreas de transmisión para las formas cutánea y visceral de leishmaniasis, enmarcadas en diferentes zonas de vida - Holdridge (Bs-T, Bh-T, entre otras). El presente estudio tiene como objetivo estimar la diversidad de los inventarios entomológicos realizados en diferentes zonas con presencia de potenciales vectores de leishmaniasis, en 17 localidades de diez municipios del departamento de Córdoba, entre mayo de 2015 y noviembre de 2016. En total se recolectaron 1695 flebotómíneos representado en 13 especies del género *Lutzomyia*. Las especies más abundantes para el departamento de Córdoba son *Lutzomyia evansi* y *Lutzomyia gomezi*, con el 30,44 % y 29,62 %, respectivamente. Se reporta por primera vez la presencia de *Lutzomyia trapidoi* para el territorio cordobés. Con este estudio se amplía el conocimiento de la diversidad del género *Lutzomyia* en términos de distribución de abundancias, diversidades verdaderas y composición de especies en zonas activas del departamento de Córdoba.

Palabras clave: biodiversidad, enfermedades tropicales, entomología, vectores

Actividad biológica *in vitro* de extractos orgánicos de *Streptomyces* sp. (Actinomycetota) sobre promastigotes de *Leishmania braziliensis*

Harold Alexander Vargas Hoyos^{1*}, Cindy Tatiana Pineda Aristizabal¹, Stiven Saldarriaga Buriticá¹, Carlos Enrique Muskus Lopez¹, Sara Maria Robledo Restrepo¹

¹ Programa de Estudio de Enfermedades Tropicales - PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín-Colombia

*Presentador: harold.vargas@udea.edu.co

La limitación actual de las opciones quimioterapéuticas para el control de la Leishmaniasis ha impulsado la exploración de diversas sustancias de origen natural con potencial biológico para su tratamiento. La bioprospección de microorganismos es una alternativa para el manejo de las estructuras parasitarias de manera

efectiva y menos tóxica para los pacientes. El filo Actinomycetota, al cual pertenece el género *Streptomyces* es ampliamente conocido por su diversidad metabólica en la producción de compuestos con actividad antibiótica, antifúngica y anticáncer entre otros. En esta investigación se evaluó la actividad de extractos *Streptomyces* sp. sobre *L. braziliensis*. Para ello, se obtuvieron 12 extractos orgánicos usando acetato de etilo en la fase acuosa obtenida posterior a la fermentación líquida de la actinobacteria ajustados a pH neutral y acidificado. Fueron determinadas las concentraciones efectivas 50 (CE₅₀) de los extractos sobre promastigotes de *L. braziliensis*. De los extractos evaluados, dos de ellos evidenciaron actividad antiparasitaria *in vitro* tanto a pH neutro como a pH de 3. Se encontró que uno de los extractos evaluados presentó actividad en la concentración de 1.65 µg/mL (DS 0.20 µg/mL). Estos resultados demuestran una consistente actividad leishmanicida de los extractos aislados de las actinobacterias evaluadas y se convierte en el inicio de una nueva posibilidad de dilucidar compuestos de origen microbiano que puedan ser empleados como principios activos para el desarrollo de prototipos funcionales como terapias alternativas en el manejo de la enfermedad.

Palabras clave: actinobacteria, extractos orgánicos, *Leishmania braziliensis*

Reporte de caso: ¿Es la leishmaniasis mucocutánea una entidad que esta fuera del radar médico?

Héctor Serrano-Coll¹, Lucero Aristizábal-Parra^{1*}

¹ Instituto Colombiano de Medicina Tropical (ICMT)-Universidad CES, Medellín, Colombia

*Presentador: lmorgan_91@hotmail.com

Hombre de 27 años, que en noviembre de 2021 realizó un viaje a Perú (Machu Picchu y la Reserva Nacional Tambopata en Puerto Maldonado, región de Madre de Dios) un mes después (17/12/2021) presentó una lesión papular, localizada en la región mandibular derecha. La lesión aumentó progresivamente de tamaño, con posterior ulceración y formación de una costra (5x20mm) asociada a secreción seropurulenta y adenopatías no dolorosas, localizadas en región submentoniana y región cervical derecha, sin síntomas sistémicos. El paciente fue tratado previamente con antibioterapia oral (cefalosporinas), sin mejoría médica de sus lesiones cutáneas. En Ciudad de Panamá el paciente fue evaluado por Dermatología e Infectología, donde se le realizó biopsia de la lesión y PCR, y cultivo, estos exámenes mostraron infección por *Leishmania* spp. El paciente fue diagnosticado con leishmaniasis cutánea y fue tratado con N-metilglucamina en dosis de 15 cc diarios durante 20 días. Sin embargo, 15 días después del tratamiento, el paciente presentó reactivación de su lesión, por lo que se solicitó PCR-RFLP y se identificó *L. braziliensis*. Por lo que se manejó con Anfotericina B desoxicolato 40 mg IV de forma intermitente durante 26 días por intolerancia al fármaco. Las lesiones cutáneas del paciente no mejoraron después del tratamiento con anfotericina B desoxicolato. El paciente consultó en el ICMT, Medellín, Colombia, y se observó lesión costrosa en la región submentoniana y en el labio inferior. El examen directo no mostró amastigotes de *Leishmania*. La RT-qPCR del tejido de esta lesión fue positiva para *Leishmania* spp. (Ct 17.32). El paciente fue diagnosticado de leishmaniasis mucocutánea y recibió Anfotericina B liposomal en dosis de 3 mg/kg/día (240 mg diarios) durante 15 días. Al finalizar el tratamiento se observó mejoría de las lesiones mucocutáneas y desaparición de las lesiones costrosas y adenopatías cervicales.

Palabras clave: Anfotericina B liposomal, *Leishmania braziliensis*, parásitos, recrudescencia

Actividad *in vitro* de péptidos antimicrobianos de la familia de las cruzioseptinas

contra diferentes estadios de *Trypanosoma cruzi*

Laura Muñoz Tabares^{1*}, Sarah Muñoz Prieto¹, Manuela Fonseca¹, Isabela Hernandez¹, Lily Johana Toro¹,
Juan Felipe Osorio Méndez¹

¹ Laboratorio de biología molecular y microbiología, Programa de Medicina, Corporación Universitaria Empresarial Alexander von Humboldt, Armenia - Colombia

*Presentador: mtabares9578@cue.edu.co

La enfermedad de Chagas es causada por *Trypanosoma cruzi*. Los tratamientos actuales son poco eficaces y altamente tóxicos, y los péptidos antimicrobianos (AMPs) se han propuesto como moléculas con interés terapéutico contra *T. cruzi*. Las cruzioseptinas son AMPs con actividad anti-*Leishmania* identificados en la rana *Cruziophyla calcarifer*. En este trabajo se evaluó la actividad y selectividad de cuatro cruzioseptinas (CZS-1, CZS-5, CZS-7 y CZS-11) contra *T. cruzi*. Las propiedades fisicoquímicas *in silico* muestran que son secuencias cortas (21 - 32 aa), catiónicas (carga neta= + 0.125 - + 3.0) e hidrofóbicas (Gravy= 0.168 - 1.157). La predicción estructural sugiere una conformación en α -hélice anfipática. Para evaluar su efecto se utilizaron versiones sintéticas en ensayos de microplaca con epimastigotes de *T. cruzi* X-1081. Los parásitos se incubaron por 24 h con diluciones seriadas de los péptidos y se midió la viabilidad con resazurina. El péptido con mayor actividad fue la CZS-5 (IC₅₀= 4.71 μ M), seguido de la CZS-11 (IC₅₀= 12.7 μ M), la CZS-7 (IC₅₀=13.23 μ M) y la CZS-1 (IC₅₀= 45.26 μ M). La selectividad se evaluó por ensayos de hemólisis con eritrocitos humanos incubados por 18 h con diluciones seriadas de los péptidos. El péptido con mayor selectividad fue la CZS-5 (SI=50.41). Con este péptido se realizaron ensayos con epimastigotes de cepas de los DTUs I y II, encontrando actividades similares (IC₅₀= 5.0 - 8.7 μ M). La actividad de CZS-5 se evaluó con tripomastigotes metacíclicos purificados por lisis por complemento que se incubaron con diluciones seriadas de la CZS-5 por 4 - 8 h. El efecto del péptido se determinó por conteo en cámara de Neubauer. Comparado con los epimastigotes, la CZS-5 obtuvo menor actividad sobre los tripomastigotes metacíclicos (IC₅₀= 25.1 μ M). Observaciones por microscopía electrónica de barrido de parásitos tratados con 5 M de CZS-5 por 4 h muestran numerosos “blebs” en la membrana, desprendimiento del flagelo y pérdida del contenido citoplasmático, sugiriendo daño en la membrana del parásito. En conclusión, se identificó una cruzioseptina (CZS-5) con actividad selectiva frente a *T. cruzi*.

Financiado: Dirección general de investigaciones, Corporación Universitaria Empresarial Alexander von Humboldt.

Palabras clave: cruzioseptinas, péptidos antimicrobianos, *Trypanosoma cruzi*

Factores ambientales asociados a leishmaniasis cutánea en la Región Andina Colombiana entre 2007 y 2021

Johanna Tapias-Rivera^{1*}, Ruth Martínez-Vega¹, Dayana Sofía Torres-Martínez², Angela Liliana Monroy-Díaz², Lusayda Sánchez-Corrales³, Juan David Gutiérrez¹

¹ Universidad de Santander Colombia

² Universidad de Boyacá, Colombia

³ Universidad católica de Manizales, Colombia

*Presentador: johanna.tapias@udes.edu.co

La leishmaniasis es causada por el parásito protozoario *Leishmania* y se transmite a los humanos por el vector hembra del género *Lutzomyia*, este vector tiene un ciclo biológico relacionado con variables climáticas y geográficas siendo más prevalente en zonas tropicales. Colombia es un país endémico para leishmaniasis cutánea (LC) con cerca de 11 millones de personas en áreas rurales en riesgo de contraerla, presentándose hasta 8 mil casos anuales. El conocimiento de factores climáticos relacionados con LC es pertinente para las medidas de control. El objetivo fue determinar la asociación existente entre la ocurrencia de casos de LC en los municipios de la región Andina y variables ambientales (escorrentía, temperatura y humedad del suelo, humedad específica, índice de vegetación, temperatura del aire y precipitación). Se desarrolló un estudio ecológico de series de tiempo, con fuentes secundarias de datos del SIVIGILA y de la NASA. Se realizó un análisis de regresión logística multinivel de efectos mixtos univariante y multivariante para calcular Odds Ratio (OR) crudos y ajustados, considerando como variable dependiente el exceso de casos de LC (casos mensuales observados/casos mensuales esperados >1). Se incluyeron en el análisis 509 de los 629 municipios de la región, debido a que tenían una altura mínima menor a 1,750 msnm. Entre 2007 y 2021 se registraron 64,060 casos de LC. Los departamentos con mayor número de casos de LC fueron Antioquia (25,305), Tolima (11,426) y Santander (10,793). Las variables independientemente asociadas a la ocurrencia de exceso de casos de LC fueron la escorrentía $\geq 4 \text{ Kg.m}^{-2} \text{ 3h}$ (ORa 1.17; IC95%:1.02-1.36), la temperatura del suelo a 10 cm (ORa 1.36; IC95%: 1.28-1.44), la humedad del suelo a 10 cm (ORa 0.90; IC95%:0.88-0.92) y el índice de vegetación (ORa 0.79; IC95%:0.68-0.91). Nuestros resultados confirman la asociación entre las variables ambientales y la ocurrencia de LC en la región Andina del país y pueden contribuir a la toma de decisiones en relación con las políticas de salud pública para la prevención de la enfermedad.

Palabras clave: ecoepidemiología, factores ambientales, leishmaniasis cutánea, región andina

Estudio eco-epidemiológico de Leishmaniasis en la vereda El Palmar, zona rural dispersa del municipio de Ovejas (Sucre), Colombia

Fernando Javier Florez-Arrieta^{1*}, Oscar Pérez-Vargas¹, Aura Cristina Anaya-Monterroza¹, Luís Enrique Paternina¹, Suljei De Carmen Cochero-Bustamante¹, Eduar Elías Bejarano¹

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

*Presentador: florezfernando@gmail.com

El departamento de Sucre es un área endémica para la incidencia de leishmaniasis, con la presencia de numerosos casos de Leishmaniasis Cutánea y Visceral tanto en zonas rurales y urbanas, principalmente en el municipio de Ovejas y en zonas rurales dispersas del mismo. El presente estudio se enfocó en abordar el estudio eco-epidemiológico de la transmisión de Leishmaniasis en la vereda “El Palmar”, zona rural del municipio de Ovejas en el departamento de Sucre, donde recientemente se registraron casos. Los flebotómicos fueron capturados utilizando trampas tipo CDC ubicadas en las tres viviendas donde se presentaron los casos de leishmaniasis para su identificación taxonómica, análisis de antropofilia (hembras alimentadas) mediante PCR de AluYb8 humano y de infección por parásitos (grupos de insectos) mediante PCR de la región 18S de Trypanosomatidae. Se realizó diagnóstico de Leishmaniasis Canina mediante pruebas rápidas Kalazar Detect y se aplicó encuesta de conocimientos y actitudes a los cabezas de familia dentro de cada vivienda de la vereda. Se colectó e identificó un total de 2,944 flebotómicos, 980 machos y 1,964 hembras (618 alimentadas y 1,346 no alimentadas) pertenecientes a 10 especies: *Lutzomyia evansi* (2719), *Lutzomyia panamensis* (80), *Lutzomyia gomezi* (68), *Lutzomyia cayennensis* (33), *Lutzomyia dubitans* (25), *Lutzomyia rangeli* (6), *Lutzomyia trinidadensis* (6), *Lutzomyia carpenteri* (4), *Lutzomyia micropyga* (1) y *Lutzomyia atroclavata* (1). Tripanosomatídeos por

identificar (en secuenciación) fueron detectados en una muestra peridomiciliar de *Lutzomyia evansi*, y se encontró ADN humano en 4.76% (3/63) de *Lu. evansi* del extradomicilio de la vivienda positiva a parásitos. Se encontró *Leishmania* en 16.36% (9/55) de los perros de la zona, además el 72% (71/98 viviendas) de las familias reportan la existencia histórica de al menos un caso de *Leishmania* en años pasados, con un registro total de 69 casos cutáneos y 2 viscerales. La naturaleza mixta de este foco de enfermedad, la presencia de caninos activamente infectados y de *Lutzomyia evansi* infectada en peridomicilio, pero con comportamiento antroponómico extradomiciliar, demuestran un complejo escenario de transmisión en estas zonas rurales si consideramos la persistente presentación de casos que reportan los habitantes de esta localidad.

Financiado: este trabajo fue financiado por el SGR código BPIN 2020000100024

Palabras clave: ecoepidemiología, humanos, Leishmaniasis, reservorios, Sucre, vectores

Nuevos usos terapéuticos para fármacos existentes: identificación de potenciales inhibidores de blancos proteicos de *Trypanosoma cruzi*

Daniel Pardo-Rodríguez^{1,2,3*}, Juan Matiz-González^{1,4}, Juan Bravo-Espejo¹, Paola Nocua-Martínez¹, Juan Burgos-Beltrán⁵, Jorge Robles-Camargo², Sol Mejía-Chica², Claudia Cuervo-Patiño¹

¹ Grupo de Enfermedades Infecciosas, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, Colombia

² Grupo de Fitoquímica, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, Colombia

³ Core de Metabolómica, Vicerrectoría de investigación y creación, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia

⁴ Unidad de Genética y Resistencia Antimicrobiana - UGRA, Universidad El Bosque, Bogotá, Colombia

⁵ Grupo de Modelado Computacional (GruMoC), Programa de Ingeniería Química, Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia

*Presentador: d.pardorodriguez@uniandes.edu.co

La enfermedad de Chagas es una patología producto de la infección por *Trypanosoma cruzi*. Debido a las dificultades del tratamiento convencional, se ha buscado identificar nuevas moléculas con potencial tripanocida. Recientemente, nuestro grupo de investigación se ha enfocado en la identificación de fármacos en desarrollo o aprobados para otras enfermedades, que tengan potencial *in silico* para inhibir blancos proteicos específicos de *T. cruzi*. Con este propósito, se utilizó el programa Blast+ para buscar blancos proteicos en el proteoma de *T. cruzi*. Inicialmente, se descartaron proteínas homólogas con el hospedero humano, y, posteriormente, se identificaron homólogos a blancos terapéuticos reportados en el ChEMBL (criterio de homología: $e\text{-value} \leq 0.001$). Se elaboró un flujo de trabajo en KNIME para captar los ligandos con actividad a los blancos terapéuticos homólogos, así como fármacos estructuralmente similares (fase de desarrollo 1 a 4; coeficiente de similitud de Tanimoto $\geq 80\%$). Se identificaron 41 fármacos con potencial para inhibir blancos proteicos de *T. cruzi* implicados en procesos como regulación génica, virulencia y metabolismo redox del parásito. De los cuales, dos compuestos (triclocarban y forodesine) fueron seleccionados como promisorios. Mediante análisis de *docking* molecular se observó que ambos compuestos interactúan con el sitio activo del blanco en el parásito, con la misma eficiencia energética obtenida para la interacción con el blanco del ChEMBL, adicionalmente, los complejos formados fueron estables durante 200 ns de dinámica molecular.

Financiado: Proyecto financiado por la Vicerrectoría de Investigación de la Pontificia Universidad Javeriana ID 20441.

Palabras clave: *in silico*. reposicionamiento de fármacos, *Trypanosoma cruzi*

Infección por *Trypanosoma cruzi* en donantes de sangre de Guayaquil, Ecuador

Juan Cadena-Alvarado^{1*}, José Orozco Cerezo¹, Gisella Morante Muñoz¹

¹ Banco de Sangre del Hospital “Teodoro Maldonado Carbo”. Guayaquil, Ecuador

*Presentador: jm_cadena59@hotmail.com

El *Trypanosoma cruzi* es un hemoparásito que produce la enfermedad de Chagas y se puede transmitir por la picadura directa del chinchorro a la persona, por vía transfusional a través de sangre infectada y por transmisión vertical durante el embarazo. Se realizó la detección de anticuerpos anti-*Trypanosoma cruzi* en 171,357 donantes de sangre que acudieron al Banco de Sangre del Hospital “Teodoro Maldonado Carbo”, de Guayaquil, desde el año 2004 hasta el 2021, es decir durante 18 años. A todos los donantes se les realizó la detección de anticuerpos anti *Trypanosoma cruzi* por los métodos de ensayo inmunoabsorbente ligado a enzimas (ELISA) y quimioluminiscencia (CLIA). Para el análisis de los resultados se utilizó la t de Student, Chi cuadrado y el intervalo de confianza al 95%. La seroprevalencia de la infección por *Trypanosoma cruzi* en donantes de sangre es de 0.38%, es decir que, por cada 263 donantes de sangre, uno resulta reactivo para *Trypanosoma cruzi*. (n=654). Se reitera la importancia de evitar la transmisión de esta infección por vía transfusional.

Palabras clave: donantes de sangre, infección, *Trypanosoma cruzi*

Situación de la leishmaniasis en el Ecuador en la década 2012-2021

Juan Cadena-Alvarado^{1*}, José Orozco-Cerezo¹, Jair Silvera-Jácome¹

¹ Hospital de Especialidades “Teodoro Maldonado Carbo”. Guayaquil, Ecuador

*Presentador: jm_cadena59@hotmail.com

La Leishmaniasis es una enfermedad parasitaria producida por un protozoario intracelular obligado del género *Leishmania*, transmitido por el vector del género *Lutzomyia*. En el Ecuador es una enfermedad endémica de reporte obligatorio desde el año 2005 y es prevalente en regiones tropicales y subtropicales del Ecuador, tanto de la Amazonia, Costa y valles interandinos. Se caracteriza por presentar lesiones dermatológicas de predominio en las zonas corporales expuestas como lo son la cara, cuello y extremidades. Dentro de los factores de riesgo para esta enfermedad se encuentran: pobreza, desnutrición, migración, condiciones de vivienda inadecuadas y personas que realizan trabajos rurales, como agricultores, granjeros o militares. En la actualidad existen diferentes métodos y pruebas para la determinación de leishmaniasis, siendo el frotis directo el método de laboratorio más utilizado y la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) la más sensible y específica para el diagnóstico de esta enfermedad. En el Ecuador, desde el año 2012 hasta el año 2021 se notificaron 12,507 casos, con un promedio de 1,250 casos por año en dicha década. La forma más frecuente de leishmaniasis fue la cutánea o tegumentaria y el grupo de edad más afectado es el de 20 a 49 años, predominando el sexo masculino. El Ministerio de Salud Pública debe mejorar su programa de control de las enfermedades vectoriales, como la búsqueda activa de casos, capacitación y dotación de recursos, manteniendo un buen stock de medicamentos y estimular investigaciones bio-sociales para comprender las características particulares de las enfermedades tropicales. Se requiere un plan de control de fauna urbana, la cual permita disminuir la probabilidad de urbanización de la leishmaniasis asociado a los reservorios naturales, como los perros.

Palabras clave: Ecuador, leishmaniasis

Influencia de la estructura del paisaje en la distribución potencial de flebotominos transmisores de Leishmaniasis (Diptera: Psychodidae: Phlebotominae) en centro y Sudamérica

Carlos A. Galvis-Martínez^{1*}, David A. Moo-Llanes², Mariano Altamiranda-Saavedra³

¹ Grupo de investigación en Ecología y Biogeografía (GIEB), Pamplona, Norte de Santander, Colombia

² Grupo de Arbovirosis y Zoonosis, Centro Regional de Investigación en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud Pública, Tapachula, Chiapas, México

³ Grupo de investigación Bioforense Tecnológico de Antioquia Institución Universitaria, Medellín, Antioquia, Colombia

*Presentador: betomartinezg6@gmail.com

Las métricas del paisaje son una herramienta útil para comprender la relación entre el paisaje y la distribución potencial de vectores de diversas enfermedades, como los flebotominos (Diptera: Psychodidae: Phlebotominae) responsables de la transmisión de la leishmaniasis, ya que el paisaje circundante, puede influir en la distribución y abundancia de estos vectores y, por tanto, en la transmisión de la enfermedad. Por lo tanto, se evaluaron índices del paisaje de paisaje (Cohesión, y porcentaje del área central) mediante modelos de nicho ecológico (MNE) de tres especies de flebotominos: *Psathyromyia shannoni*, *Lutzomyia gomezi* y *Pintomyia ovallesi*, con el fin de comprender la conectividad entre los parches de fragmentación en su área de distribución geográfica potencial. Para esto, se usaron las proyecciones del modelo binario para el periodo Pleistoceno, para el periodo actual y en escenarios futuros de cambio climático, estimando dos índices de paisaje: COHESIÓN y CPLAND utilizando el paquete R basado en FragStat ver4 que se usa para calcular métricas de paisaje relevantes para la fragmentación y subdivisión de poblaciones. Los resultados de la evaluación de la fragmentación del MNE de las tres especies fueron en COHESION superiores al 99.8% en los diferentes periodos estudiados y sugieren una alta agregación de especies, mientras que los valores de CPLAND fueron altos para todas las especies (valores $\geq 50\%$), con excepción de *Lu. gomezi* en el periodo pasado (12.3%), lo que podría indicar una actual fragmentación de la población de esta especie. Además, un valor de cobertura de parche para *Pa. shannoni* para todos los periodos de estudio (valores $\geq 50\%$) indica que la variación en la cobertura del paisaje para esta especie fue mínima, y por lo tanto presentó la mayor conectividad poblacional en los periodos evaluados. Por lo tanto, la estimación de índices paisajísticos como COHESION Y CPLAND en los MNE de estas especies, funcionan como una herramienta novedosa para proporcionar más evidencia en los vectores transmisores de enfermedades en Centro y Sudamérica. Además, al conocer la conexión entre parches geográficos basados en los MNE se puede emplear para la toma de decisiones y la creación de las estrategias de control preventivo en futuros escenarios epidemiológicos.

Palabras clave: Diptera: Psychodidae: Phlebotominae, flebotominos

La inteligencia artificial como herramienta para el estudio y diagnóstico de la infección por *Trypanosoma cruzi*

Nidiyare HeviaMontiel^{1*}, Jorge Perez-Gonzalez¹, Antonio Neme¹, Leonardo Guillermo-Cordero², Paulina Haro³

¹ Unidad Académica del Instituto de Investigaciones en Matemáticas Aplicadas y en Sistemas en el Estado de Yucatán, Universidad

Nacional Autónoma de México, Yucatán México

² Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Autónoma de Yucatán, Yucatán, México

³ Instituto de Investigaciones en Ciencias Veterinarias, Universidad Autónoma de Baja California, Baja California, México

*Presentador: nidiyare.hevia@iimas.unam.mx

El estudio y diagnóstico de la infección por *Trypanosoma cruzi* (*T. cruzi*) es un proceso complejo y desafiante, debiendo considerarse varios factores. Este trabajo presenta el estudio y análisis de la infección en un modelo experimental murino, utilizando inteligencia artificial por medio de: a) algoritmos de aprendizaje computacional entrenados con cuatro modalidades (señales de electrocardiografía, imágenes de ecocardiografía, espectro Doppler y pruebas ELISA) para clasificación automática entre animales pertenecientes al grupo control y animales infectados en etapa aguda y/o crónica; y b) técnicas de aprendizaje profundo utilizando imágenes de cortes histológicos y una arquitectura U-Net de redes neuronales convolucionales para la detección y segmentación automática de nidos de amastigotes de *T. cruzi*. Los atributos multimodales relevantes fueron ELISA (IgGT, IgG1, IgG2a), electrocardiografía (SR media, intervalos QT y ST), señales Doppler de aorta ascendente y ecocardiografía (diámetro del ventrículo izquierdo en diástole). La clasificación automática, a partir de las características seleccionadas, llegó a obtener una precisión del $93,3 \pm 13,3$ % en el entrenamiento de los algoritmos y 100 % en la prueba final durante etapa aguda; mientras que en etapa crónica fue del 100 % para ambos casos. Para la segmentación de nidos de amastigotes se realizó una validación cruzada, alcanzando una precisión del 98.19% y un índice de Jaccard del 49.43%, mientras que en pruebas finales se alcanzaron valores de 0.991 y 0.673, respectivamente.

Palabras clave: : aprendizaje automático, aprendizaje profundo, clasificación, redes neuronales convolucionales, *T. cruzi*

Prevalencia de *Trypanosoma cruzi* en una interacción triatomino-ácaros en el sudeste de los Estados Unidos: una investigación piloto

Pamela Michelle Cornejo-Rivas^{1*}, Marvin Stanley Rodriguez-Aquino¹, José Ricardo Palacios-Valladares¹, Kyndall Dye-Braumuller², Hanna Waltz², Mary K. Lynn², Melissa S. Nolan², Stephen A. Klotz³, Justin O. Schmidt⁴, Álvaro Romero⁵

¹ Centro de Investigación y Desarrollo en Salud, Universidad de El Salvador, San Salvador, El Salvador

² Arnold School of Public Health, University of South Carolina, Columbia, SC 29208, USA

³ Department of Medicine, University of Arizona College of Medicine, Tucson, AZ 85719, USA

⁴ Southwestern Biological Institute, Tucson, AZ 85719, USA

⁵ Department of Entomology, Plant Pathology and Weed Science, New Mexico State University, Las Cruces, NM 88003, USA

*Presentador: mcornejo0730@gmail.com

La enfermedad de Chagas es una causa principal de miocardiopatía en América Latina, con casos poco frecuentes que también ocurren en los Estados Unidos. Aunque existe una variación diversa de especies en el suroeste de los Estados Unidos, la ecología del vector y la dinámica de transmisión en esta región de los Estados Unidos no están bien estudiadas. Se ha encontrado que los ácaros ectoparásitos habitan vectores triatomino en esta región, sin embargo, el papel de estos ácaros en la fecundidad de los vectores y la transmisión de *T. cruzi* no está claro. Los triatomino fueron recolectados en el periodo 2020-2021, en cuatro puntos de muestreo en el sur de Arizona y Nuevo México. Se detectó la presencia de ácaros adheridos al exoesqueleto de los triatomino.

Posteriormente se analizaron para la detección de *T. cruzi* mediante PCR; la extracción de material genético fue realizada con el kit de sangre y tejido QIAGEN DNeasy Blood and Tissue Kit® y la amplificación se realizó con los cebadores 121 y 122 para amplificar regiones altamente conservadas del kinetoplasto. Se recolectaron 403 triatominos del género *Triatoma*, especie *recurva*, *protracta* y *rubida*, pero solamente 393 fueron analizados mediante PCR. Aproximadamente el 13 % de los triatominos recolectados tenían ácaros adheridos a la cabeza, el tórax, el abdomen y las patas. Un hallazgo común entre los triatominos ectoparasitados fue la presencia de más de un ácaro adherido a su exoesqueleto. Sin embargo, la presencia de ácaros no influyó estadísticamente en el estado del triatomino ante la presencia de *T. cruzi*. El estudio proporciona la primera evidencia contemporánea de ectoparásitos en triatominos en una región de alto contacto vector-humano, aunque con bajas tasas de transmisión. Debido a los pocos mecanismos para el control de vectores, es necesario comprender mejor el impacto biológico de la interacción ácaros-triatominos y su potencial como una herramienta de control biológico.

Palabras clave: : ácaros, *Triatoma protracta*, *Triatoma recurvo*, *Triatoma rubida*, *Trypanosoma cruzi*

Leishmaniasis cutánea diseminada recidivante y compromiso mucoso con respuesta exitosa a miltefosina y coadyuvantes tópicos: reporte de caso

Margarita Arboleda¹, Paula E. Ramírez-Arboleda^{1*}, Luis Alberto Rivera-Pedroza¹, Sara Robledo²

¹ Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Apartadó, Colombia

² PECET-Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

*Presentador: paularamirezarboleda@gmail.com

Se presenta el caso de un paciente masculino de 65 años, residente en zona rural de Unguía-Chocó, agricultor, sin antecedentes personales relevantes. Consultó inicialmente por cuadro de dos años de evolución consistente en aparición de cuatro lesiones verrugosas en brazo derecho. Se confirmó diagnóstico de leishmaniasis cutánea por examen directo y se trató con glucantime 20 mg/kg, IM, durante 20 días (80 ampollas de glucantime intramuscular), con resolución completa de sus lesiones. Luego de dos semanas de terminar el tratamiento reinicia con reactivación de úlceras en brazo, aparición paulatina de lesiones generalizadas y sensación de obstrucción nasal por lo que vuelve a consultar dos años después. Al examen físico se identificaron 25 lesiones, en su mayoría placas verrugosas, de bordes indurados y eritematosos y base limpia que comprometían región interiliar, nariz, mentón, pabellón auricular derecho, brazos, antebrazos, abdomen, glúteos y ambas piernas, con 10 lesiones hipopigmentadas por resolución aparente con medicamentos caseros; además presentaba adenomegalias inguinales y epitrocleares. Se realiza biopsia de piel, PCR (reacción en cadena de la polimerasa), serología por inmunofluorescencia indirecta (IFI) y prueba de Montenegro. El estudio histopatológico reportó proceso inflamatorio crónico granulomatoso con presencia de amastigotes, PCR de la lesión positiva para *Leishmania* spp., y anticuerpos para leishmania por IFI de 1:128 y prueba de Montenegro reactiva de 17 mm. Con diagnóstico de leishmaniasis mucocutánea recidivante dada la edad del paciente y el fracaso terapéutico al primer esquema con glucantime se decide iniciar manejo con miltefosina 50 mg cada ocho horas durante 28 días y como coadyuvancia aplicación tópica de loción y emulsión de Aleyuba (extracto vegetal de *Caesalpinia spinosa*). Además, el paciente se estuvo aplicando de forma tópica Paico (extracto vegetal de *Chenopodium ambrosioides*, planta usada en medicina tradicional como antiparasitario) y aceite de coco en las lesiones, apreciándose aplanamiento parcial de algunas lesiones en el momento en que regresa a consulta. Con el segundo esquema de tratamiento se lograron criterios de curación de todas las lesiones cutáneas, desaparición de síntomas respiratorios superiores, y desaparición de la linfangitis. Hasta la fecha (un año después de finalizar el tratamiento) no ha presentado nuevas recaídas.

Palabras clave: alyeyuba, glucantime, leishmaniasis, miltefosina, recidiva

Contacto con sangre de reservorios, factor de riesgo para transmisión accidental de Chagas: estudio de caso Tauramena-Casanare, 2023

Liliana Patricia Zuleta-Dueñas^{1*}, Claudia Yaneth Rincón-Acevedo², Yenny Angélica Azuero-Vargas¹

¹ Secretaría Departamental de Salud de Casanare, Dirección de Salud Pública Yopal-Casanare

² Instituto Nacional de Salud, dirección de Vigilancia y Análisis del riesgo en Salud Pública

*Presentador: Liliana.zuleta@casanare.gov.co

Casanare, departamento endémico para la enfermedad de Chagas, cuenta con un diverso perfil eco epidemiológico propicio para su transmisión, que incluye amplia distribución de triatomíneos y reservorios de *Trypanosoma cruzi*. En el departamento persisten como vías principales de transmisión la vectorial y oral, no se han identificado otras vías. En el primer trimestre de 2023 se confirmaron cinco casos en fase aguda, uno procedente del municipio de Tauramena en quien se presume una vía de transmisión no usual en el territorio. El objetivo del estudio es describir este caso e identificar su posible vía de transmisión. Estudio de caso que incluye investigación epidemiológica, entomológica, sanitaria y por laboratorio. Se confirmó *T. cruzi* a través de gota gruesa en hombre de 55 años, procedente de área rural, quien consultó a una institución de salud por síntomas de tres días de evolución: fiebre no cuantificada, mialgias, artralgias, cefalea, náuseas, vómitos, sin signos de puerta de entrada, sin comorbilidades, sin transfusiones ni antecedente de Chagas. En la investigación epidemiológica no se identificaron otros casos, su único contacto cercano fue negativo en pruebas directas y serológicas. Aproximadamente 20 días previos al inicio de síntomas el paciente tenía una herida en mano y sacrificó un armadillo *Dasypus novemcinctus* para el consumo, teniendo contacto directo con la sangre del animal. El paciente recibió tratamiento etiológico y evolucionó satisfactoriamente. Se identifican palmas nativas con presencia de *Rhodnius prolixus* en peridomicilio sin infección natural, sin evidencia de vectores en el intradomicilio, índices de infestación intra y peri domiciliaria para *R. prolixus* 0% en 2022. Se confirma caso de Chagas agudo asociado a la manipulación de reservorios y el contacto directo con su sangre, estableciendo posible vía de transmisión accidental. Se recomienda fortalecer las medidas de prevención asociadas a la manipulación y consumo de reservorios.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, *R. prolixus*, reservorio, *T. cruzi*, transmisión

Efecto anti trypanosoma y anti leishmania *in vitro* de aceites esenciales (AEs) de dos zingiberáceas

Simón Gomez-Barrera^{1*}, Yohan Erley Puyo-Cuetocue¹, Luisa Fernanda Vargas-López¹, Jhonatan Eduardo Correa-Caballero¹, Juan José González-Lasprilla¹, Juan José Rincón-Rodríguez¹, Mariana Suarez-Cardona¹, Juan Manuel Moreno^{1,2}, Diana Carolina Henao¹, Eunice Ríos-Vasquez³, Juan Felipe Osorio⁴, Jhon Carlos Castaño-Osorio¹

¹ Grupo GYMOL, Programa de Medicina. Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Quindío-Colombia

² Programa de Enfermería. Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Quindío-Colombia

³ Grupo QUIDERA, Programa de Química. Facultad de Ciencias Básicas, Universidad del Quindío-Colombia

⁴ Programa de Medicina. Corporación Universitaria Alexander Von Humboldt

*Presentador: simon.gomezb@uqvirtual.edu.co

La enfermedad de Chagas y la leishmaniasis son problemas graves de salud pública en América Latina que pueden causar complicaciones que pueden llevar a la muerte. Actualmente, los medicamentos utilizados para tratar estas enfermedades tienen limitaciones, por lo que se están buscando tratamientos alternativos a partir de productos naturales, el objetivo del estudio fue evaluar la actividad tripanosomicida y leishmanicida de AEs de cardamomo y jengibre frente a epimastigotes de *Trypanosoma cruzi*, y *Leishmania* spp., así como determinar su citotoxicidad en células de riñón de hámster bebe BHK y células de leucemia mieloide humanas THP1, así como la actividad hemolítica en células humana. Para ello, se obtuvieron aceites esenciales (AEs) por hidrodestilación asistida por microondas acoplada a Clevenger y pre tratamiento con ultrasonido de semillas de cardamomo trituradas (*Elettaria cardamomum*) y rizomas de jengibre (*Zingiber officinale*). Posteriormente, se realizaron ensayos de su actividad frente a epimastigotes de *T. cruzi* cepa X1081 (LIPT) Universidad del Tolima y *Leishmania panamensis* cepa UA140 y *Leishmania braziliensis* cepa UA301 PECET Universidad de Antioquia, los cuales se cultivaron en medio LIT. Los ensayos se realizaron en placas de cultivo celular de 96 pozos en los que se sembraron 2 millones de parásitos por pozo en 100 μ l con los AEs diluidos en DMSO al 1% a concentraciones entre 2.000 μ g y 15,6 μ g finalmete, se adicionaron 10 μ l de Resazurin como indicador metabólico. El efecto citotóxico de los AEs se determinó siguiendo la misma metodología en células BHK y THP-1 utilizando las concentraciones antes mencionadas se realizaron dos experimentos independientes por triplicado y se hizo comparación de las medias y sus DS para determinar si existían diferencias estadísticas entre los tratamientos. Se encontró que el aceite de cardamomo y jengibre frente a células BHK provoca citotoxicidad a concentraciones altas (120 μ g /mL - 600 μ g /mL), frente a las células THP-1 los AEs de cardamomo a partir de 250 μ g /mL y de jengibre de 31 μ g /ml, lo que muestra que el aceite esencial de jengibre es más activo contra este tipo de célula tumoral. Ambos aceites esenciales tienen la actividad anti-trypanosoma a partir de una concentración de 12.5 μ g /mL. Los resultados con respecto a la actividad anti-leishmaniasis no son concluyentes, tenemos pendiente repetir los experimentos. Se encontró que la citotoxicidad del AEs de cardamomo fue en concentraciones de 120 y 250 μ g /mL frente a células BHK y THP-1 respectivamente y para el AEs de jengibre de 600 μ g /mL frente a células BHK y 31 μ g /mL frente a THP-1, pudiendo evidenciarse que el AEs de jengibre es más efectivo contra las células tumorales THP-1 que contra las células de línea BHK.

Financiado: El presente proyecto cuenta con financiación de la Vicerrectoría de Investigaciones de la Universidad del Quindío.

Palabras clave: aceites esenciales, *Leishmania*, *Trypanosoma*, Zingiberaceae

Pruebas de diagnóstico rápido y ELISA para el diagnóstico de enfermedad de Chagas crónico: Revisión sistemática y metaanálisis

Sandra Helena Suescún-Carrero^{1*}, Philippe Ferdinand Tadger-Viloria², Carolina Sandoval-Cuellar¹, Lluís Armadans-Gil³, Laura Ximena Ramírez-López¹

¹ Universidad de Boyacá, Tunja, Colombia

² Universidad de Genk

³ Servicio de Medicina Preventiva y Epidemiología, Hospital Universitari Vall d'Hebron - Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, Spain

*Presentador: ssuescun27@uniboyaca.edu.co

La tripanosomiasis americana o enfermedad de Chagas, causada por el protozoo *Trypanosoma cruzi*, es una causa importante de enfermedad, discapacidad y muerte, se ha posicionado como la principal enfermedad parasitaria en América Latina y como una de las 13 enfermedades tropicales más desatendidas. Es importante diagnosticar la infección por *Trypanosoma cruzi* a través de pruebas de laboratorio para la administración del mejor tratamiento y, así detener la progresión de la enfermedad y prevenir su transmisión. El objetivo de esta investigación fue determinar la validez diagnóstica del ensayo por inmunoadsorción ligado a enzimas (ELISA) y de las Pruebas de Diagnóstico Rápido (PDR) entre individuos con sospecha de enfermedad de Chagas crónica. Se buscaron estudios con estimaciones de validez de pruebas ELISA y PDR como criterios de elegibilidad, publicados entre mayo y agosto de 2020 en PubMed, Web of Science, Scopus y LILACS. Así, se extrajeron los datos y se evaluó el riesgo de sesgo y la aplicabilidad de los estudios con la herramienta QUADAS-2. Se utilizó el modelo bivariado de efectos aleatorios para estimar la sensibilidad y la especificidad global a través de gráficos *forest-plots*, espacio ROC, y se evaluó visualmente la heterogeneidad entre los estudios. Se realizaron metarregresiones mediante análisis de subgrupos. Para evaluar el riesgo de sesgo de publicación se utilizó el test de Deeks. Se incluyeron 43 estudios, 27 que evaluaron pruebas ELISA; 14, PDR, y 2, ELISA y PDR, contra diferentes patrones de referencia. El 51.2% de ellos utilizaron diseño observacional no comparativo, y el 46.5%, diseño clínico comparativo (tipo “caso-control”). Se detectó riesgo alto de sesgo para la selección de pacientes y estándar de referencia. Las pruebas ELISA tuvieron una sensibilidad del 99% (IC95%: 98-99) y una especificidad del 98% (IC95%: 97-99); mientras que las PDR tuvieron valores del 95% (IC95%: 94-97) y del 97% (IC95%: 96-98), respectivamente. El test de Deeks mostró asimetría para las pruebas ELISA. Las pruebas ELISA y PDR tienen una validez elevada para el diagnóstico de la enfermedad de Chagas crónica. El análisis de estos dos tipos de pruebas en esta revisión sistemática y metaanálisis constituye un aporte para su uso.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, ensayo por inmunoadsorción enzimas, metaanálisis prueba de diagnóstico rápido, revisión sistemática

La problemática del Chagas y Leishmaniasis en Latinoamérica y Colombia: una revisión de los aspectos sociales, comunitarios y culturales en la literatura científica

Genny Lilibeth Carvajal^{1,2*}, Edison Alexander Bedoya-Gómez^{1,2}

¹ Programa de Antropología, Departamento de Antropología de la Universidad de Antioquia

² Grupo de Investigación Medio Ambiente y Sociedad (MASO) y Laboratorio de Antropología Biológica, Medellín-Colombia

*Presentador: genny.rengifo@udea.edu.co

El objetivo del trabajo fue revisar los estudios publicados que tratan directa o indirectamente sobre los aspectos sociales, comunitarios y culturales de la problemática de la enfermedad de Chagas y Leishmaniasis en Latinoamérica y Colombia, para su discusión y como punto de partida para proponer nuevas líneas de trabajo hacia la apertura multidimensional (social, cultural y comunitaria) del tema. Se utilizó un enfoque de revisión sistemática, con base en la metodología Prisma, se parte de una base de datos, y la generación de fichas de análisis, busca señalar el aporte de los estudios cualitativos a la comprensión y tratamiento de estas enfermedades tropicales o enfermedades de la pobreza desatendidas, como veremos en los resultados, en la última década si bien hay buenos estudios de corte biomédico que señala el seguimiento que se le ha venido haciendo a estas enfermedades, encontramos pocos estudios que partan de la mirada o del dialogo con las comunidades. Entre los hallazgos más relevantes de los artículos científicos sobre la enfermedad de Chagas y Leishmaniasis en Latinoamérica y Colombia se encuentran que la mayoría de los estudios se localizaron en contextos rurales, su localización estuvo asociada a la presencia grupos de investigación, otros de los hallazgos

principales de la revisión fueron, la perspectiva de género en la enfermedad, el efecto de la migración de tránsito y migración de residencia, el posconflicto y la estigmatización de la enfermedad, en diferentes comunidades. La revisión permite concluir que se requiere avanzar en la investigación sociocultural, económica y política desde las ciencias sociales que refleje la complejidad de la enfermedad de Chagas y la Leishmaniasis dando énfasis en tener en cuenta aspectos sociales, culturales y comunitarios en las estrategias de atención integral de la enfermedad de Chagas y *Leishmania* especialmente en los programas de información, y en las estrategias de atención integral, desarrollar intervenciones comunitarias que prioricen la participación, evitar el uso de discursos estigmatizantes y discriminatorios en la comunicación de la enfermedad de Chagas y *Leishmania*, promover una representación más positiva y empoderadora de la población afectada y por último la importancia de promover la formación de profesionales de la salud u otras áreas involucradas con un enfoque integral de la enfermedad de Chagas y *Leishmania* que considere sus factores sociales, culturales, comunitarios, históricos, políticos y económicos, sin olvidar el enfoque territorial. Concluyéndose como una problemática socioambiental tanto en contextos rurales como urbanos, de múltiples dimensiones.

Palabras clave: aproximación sociocultural, apropiación comunitaria, enfermedad de Chagas, leishmaniasis, representaciones sociales

Identificación de *Leishmania* spp. y *Trypanosoma* spp. (kinetoplastea: trypanosomatidae) en *Proechimys* spp. de tres municipios del departamento del Atlántico, Colombia

Lizeth Molinares-Acosta^{1,2*}, Roberto García-Alzate^{1,2,3}, Yeisson Cera-Vallejo^{1,3}, Daisy Lozano-Arias³

¹ Ciencia, Educación y Tecnología, CETIC, Facultad Ciencias Básicas. Universidad del Atlántico, Puerto Colombia-Colombia

² Programa de Biología, Facultad de Ciencias Básicas. Universidad del Atlántico, Puerto Colombia-Colombia

³ Facultad de Ciencias de la Salud, Fundación Universitaria San Martín, Puerto Colombia- Colombia

*Presentador: lpmolinares@mail.uniatlantico.edu.co

El orden Rodentia son el grupo de mamíferos más diversos y en muchos países son considerados como plagas, los roedores como los *Proechimys* spp silvestres, brindan importantes servicios ecosistémicos como contribuir al equilibrio del bosque, al ser controladores de insectos, alimento de depredadores, etc. La familia Echimyidae también son considerados hospedadores de muchos parásitos, como *Trypanosoma cruzi* y *Leishmania* spp ya que se han encontrado diferentes especies infectadas naturalmente. En el caribe colombiano se encuentran diferentes zonas endémicas de enfermedades transmitidas por tripanosomátidos, el Departamento del Atlántico, cuenta con la presencia de los vectores de *T. cruzi* y los vectores de *Leishmania* spp. Como objetivo se tiene determinar la frecuencia de infección con *Trypanosoma* spp y *Leishmania* spp en *Proechimys* spp de los municipios de Usiacurí, Piojó y Tubará. Para la fase de campo la captura de los roedores se llevará a cabo mediante trampas Tomahawk de captura viva, las cuales se colocarán a las 15:00h y se recogerán a las 6:00h, se tomará una muestra de sangre por medio de una punción cardíaca, que son evaluadas por observación directa al microscopio y el resto de las muestras fueron depositados en tubos EDTA. Para determinar la presencia de tripanosomatideos se realizó una PCR, técnica de PCR para la detección de ADN de kinetoplasto de *Trypanosoma cruzi* (PCR-ADNk) y del ADN codificante del ARN-subunidad-ribosomal (PCR-SSUrRNA) de *Leishmania* sp. Se capturaron un total de siete *Proechimys* spp, resultando una muestra positiva a kinetoplasto, no se ha identificado un resultado positivo a *Leishmania* spp.

Palabras clave: Chagas, hospedero, infección natural, leishmaniasis

Prevalencia, patrones y desenlaces de la fibrosis miocárdica por resonancia magnética cardíaca en Chagas: revisión sistemática y metaanálisis

Sergio A. Gómez-Ochoa^{1,2}, Lyda Z. Rojas^{3*}, Juliana A. Hernández-Vargas⁴, Silvia J. Trujillo-Cáceres⁴, Alexandra Hurtado-Ortiz⁵, Maricel Licht-Ardila⁵, Michelle A. Guarín-Aragón⁵, Carlos E. Rochitte⁶, Carlos A. Morillo⁷, Luis E. Echeverría¹

¹ Heart Failure and Transplant Clinic, Fundación Cardiovascular de Colombia, Floridablanca, Colombia

² Department of General Internal Medicine and Psychosomatics, Heidelberg University Hospital, Heidelberg, Germany

³ Research Group and Development of Nursing Knowledge (GIDCEN-FCV), Research Center, Fundación Cardiovascular de Colombia, Floridablanca, Colombia

⁴ Julius Center for Health Sciences and Primary Care, Department of Global Public Health and Bioethics, University Medical Center Utrecht (UMCU), Utrecht, The Netherlands

⁵ Epidemiology Unit, Fundación Cardiovascular de Colombia, Floridablanca, Colombia

⁶ Heart Institute, InCor, University of São Paulo Medical School and Heart Hospital, Hospital do Coração, São Paulo, Brazil

⁷ Department of Cardiac Sciences, Libin Cardiovascular Institute, Cumming School of Medicine, University of Calgary, Calgary, Alberta, Canada

*Presentador: lydarojas@fcv.org

La miocardiopatía chagásica crónica (MCC) es la forma crónica más grave de la enfermedad de Chagas (EC), se asocia con mayor morbilidad y mortalidad en comparación con otras etiologías de insuficiencia cardíaca. La fibrosis miocárdica (FM) por resonancia magnética cardíaca (RMC) es un sello distintivo de esta entidad. Sin embargo, aún existe incertidumbre en cuanto a sus características e implicaciones en todo el espectro de la EC. El objetivo de este estudio fue analizar la prevalencia, distribución e impacto clínico de la FM en pacientes con EC. Sistemáticamente se buscó en Medline, EMBASE, LILACS y CINAHL estudios que evaluaran los hallazgos de la RMC en pacientes en cualquier estadio de la EC. Los datos se agruparon mediante modelos de efectos aleatorios. Se incluyeron un total de 20 estudios en la revisión sistemática y 19 en el metaanálisis (n=1130). La prevalencia agrupada de FM en pacientes con forma indeterminada (FI) (23% [IC 95%: 13%-34%]. I²: 68%) fue significativamente menor versus el grupo CMC (71% [IC 95%: 62% -80%] I²: 88%), siendo esta diferencia estadísticamente significativa (diferencia de riesgos RD -0,59 [IC 95%: -0.69- -0.50] I²: 79%). En pacientes con CMC, la región inferolateral medial (Prevalencia 43% [IC 95%: 10%-80%] I²: 97%) y la inferolateral basal (Prevalencia 46% [IC 95%: 9%-85%] I²: 98%) mostraron la mayor prevalencia de FM, mientras que la mayoría de los segmentos evaluados con fibrosis tenían un patrón subendocárdico o transmural (Prevalencia 52% [IC 95%: 43%-60%] I²: 85%). Además, la detección de FM se asoció con una fracción de eyección más baja (DM -20.0 [IC 95%: -28.1- -11.9] I²: 72%), una mayor prevalencia de taquicardia ventricular (DR 0.08 [IC 95%: 0.02-0.13] I²: 60.7%) y mayor riesgo de desenlaces cardiovasculares (HR 1.04 [IC 95%: 1.03-1.06] I²: 0%). En conclusión, la prevalencia de FM en la EC es alta, incluso en la FI y su presencia se asocia significativamente con una peor función del ventrículo izquierdo y peores desenlaces cardiovasculares. Estos hallazgos destacan el papel fundamental de la FM en la detección temprana de la afectación miocárdica y la estratificación del riesgo de los pacientes con EC para mejorar los desenlaces clínicos.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, fibrosis miocárdica, miocardiopatía chagásica, resonancia magnética cardíaca

Leishmania braziliensis*: modelo *in vitro* para la evaluación de la actividad leishmanicida de la fracción etanólica de *Annona purpurea

Diana Lucía García-Nova^{1*}, Claudia Patricia Zuluaga-Quintero¹, Lily Paola Martínez-Abad¹, Erwin Yesid Camacho-Burgos¹, María Stella Parejo-Alcocer¹, Osneider José Castillo-Contreras¹, Rita Luz Márquez-Vizcaino¹, Eduar Elías Bejarano-Martínez¹

¹ Programa de Biología, Departamento de Educación y Ciencias, Universidad de Sucre, Sincelejo-Colombia

*Presentador: dianalucia.1606@gmail.com

Los medicamentos que se emplean en el tratamiento de la parasitosis presentan serios problemas asociados a su toxicidad, efectos secundarios severos, altos costos y restricciones. Conocer las fases de crecimiento de las especies del parásito causante de la leishmaniasis, es de gran importancia al momento de realizar ensayos *in vitro*, especialmente en aquellas investigaciones que están encaminadas a la búsqueda de nuevas alternativas de medicamentos para tratar las leishmaniasis. El objetivo de este estudio fue estudiar la curva de crecimiento de *L. braziliensis* para determinar el efecto leishmanicida de la fracción etanólica de *A. purpurea*. Se emplearon cepas de *L. braziliensis* aisladas de pacientes con lesiones asociadas a leishmaniasis cutánea criopreservadas en el Biobanco del Laboratorio del grupo Investigaciones Biomédicas de la Universidad de Sucre. Se cultivaron los parásitos en medios de cultivos NNN y RPMI-1640 suplementados con Suero Fetal Bovino 5%, se les realizó seguimiento diariamente durante quince días. Paralelamente, las hojas frescas de *A. purpurea* se sometieron a maceración con etanol, seguido de partición líquido-líquido para obtener la fracción etanólica. Se evaluó la actividad leishmanicida en promastigotes metacíclicos de *L. braziliensis*. Se estimaron concentraciones inhibitorias media (CI₅₀) de la fracción evaluada. El seguimiento de la curva de crecimiento permitió identificar tres fases: 1. fase de crecimiento logarítmica, dada principalmente entre los días 1 a 7, donde los parásitos morfológicamente se observaban de mayor tamaño, alargados, con movimientos rápidos y con altas tasas de replicación, característicos de promastigotes procíclicos; 2. fase de crecimiento estacionaria, notable entre el día 8 al 12, con promastigotes de movimientos más lentos, un poco menos alargados, bajas tasas de replicación, característico de promastigotes metacíclicos; 3. fase de declive, del día 13 al 15, se observó una disminución de los parásitos y muy bajas tasas de replicación. La fracción etanólica (CI₅₀ [μ g/ml]= 334.8 \pm 8) demostró tener mayor actividad con relación al Glucantime[®] (CI₅₀ [μ g/ml]= 734.8 \pm 7). En conclusión, la caracterización de la curva de crecimiento de *L. braziliensis* permitió identificar las fases de crecimiento de esta especie, el momento adecuado y la calidad de promastigotes, reduciendo la variabilidad en los resultados obtenidos en los ensayos *in vitro*.

Palabras clave: curva de crecimiento, fracción etanólica, promastigotes metacíclicos

Evaluación de Curcumina, Piperina y Quercetina como opción terapéutica al tratamiento de leishmaniasis cutánea en *Mesocricetus auratus*

Javier Darío Murillo^{1*}, Mariana Canastho¹, Álvaro Felipe Céspedes¹, Sara María Robledo¹

¹ Programa de estudio y control de enfermedades tropicales PECET, Universidad de Antioquia, Colombia

*Presentador: javier.murillo@udea.edu.co

Curcumina, Piperina y Quercetina son compuestos orgánicos derivados de origen natural, los cuales han mostrado respuesta en el tratamiento de ciertas enfermedades infecciosas. El objetivo de esta investigación

fue evaluar la respuesta terapéutica de estos tres compuestos en el tratamiento de leishmaniasis cutánea, en el hámster dorado *Mesocricetus auratus*. Para ello se formaron tres grupos de tratamiento de hámsteres infectados con *L. braziliensis* en la base de la cola, se les suministro a cada grupo de tratamiento el compuesto asignado al azar, por vía tópica a una dosis de 40mg, una vez al día por 15 días y se realizó seguimiento por tres meses postratamiento; encontrando que los tres compuestos mostraron potencial curativo de las lesiones cutáneas, obteniendo los mejores resultados por parte de la Quercetina (curación: 6/6), luego Curcumina (curación: 5/6) y Piperina (curación: 4/6).

Financiado: los recursos para este estudio provinieron de la Universidad Nacional Villa Maria, Cordoba Argentina y del Programa de estudio y control de enfermedades tropicales PECET, Universidad de Antioquia, Colombia.

Palabras clave: alcaloide, fenoles, flavonoide, leishmaniasis cutánea, *Mesocricetus auratus*

Respuesta terapéutica y seguridad de los tratamientos para leishmaniasis cutánea en pacientes de un centro de investigación de Medellín, 2016-2021

Nicolás Rozo-Montoya^{1*}, Juliana Quintero-Pulgarín¹, Liliana López-Carvajal¹

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

*Presentador: nicolas.rozo@udea.edu.co

La leishmaniasis es una enfermedad infecciosa causada por el parásito leishmania, siendo la leishmaniasis cutánea (LC) la forma más común en Colombia. Durante los últimos 70 años, los antimoniales pentavalentes han sido la principal opción de tratamiento, pero su perfil de seguridad plantea riesgos para los pacientes. Sin embargo, la inclusión de terapias alternativas en las guías de tratamiento ha sido limitada debido a la falta de evidencia científica sólida que respalde su eficacia. Este estudio tuvo como objetivo analizar la respuesta terapéutica y la seguridad de diversos tratamientos para la LC administrados a pacientes del centro de investigación del Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET) en Medellín, Colombia, entre 2016 y 2021. Se empleó un diseño transversal y se recolectaron datos de las historias clínicas, incluyendo información sociodemográfica, antecedentes de leishmaniasis, caracterización de la infección actual, tratamiento recibido, seguimiento de la respuesta terapéutica y evaluación de la seguridad. El análisis abarcó 486 historias clínicas, de estos 356 pacientes que recibieron tratamiento. Se evaluaron ocho alternativas terapéuticas diferentes, que incluían enfoques sistémicos, locales y combinados. La respuesta terapéutica de la mayoría de las alternativas superó el 50%. Los efectos adversos más frecuentes fueron mialgias, artralgias y cefaleas en el tratamiento sistémico, y vesículas en el tratamiento local. Con el análisis de desempeño terapéutico de los tratamientos pudo concluirse que las alternativas terapéuticas locales y los regímenes de tratamiento combinados presentan buenos perfiles de seguridad y resultados de efectividad comparables e incluso mejores que los de los tratamientos sistémicos. Estas opciones ofrecen beneficios potenciales para el tratamiento de la enfermedad y justifican una mayor exploración de estas.

Palabras clave: enfermedad tropical desatendida, leishmaniasis cutánea, tratamiento combinado, tratamiento local, tratamiento sistémico

Actividad leishmanicida, inmunomoduladora y cicatrizante *in vitro* de la fracción

PE2t derivada de *Caesalpinia spinosa* (Molina) kuntze

Laura Agudelo Vallejo¹, Eyson Alberto Quiceno^{2*}, Sara María Robledo Restrepo², Yulieth Alexandra Upegui Zapata³

¹ Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia

² Programa de estudio y control de enfermedades tropicales -PECET-, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia

³ Grupo de Salud e Infecciones en el Trópico, Universidad Nacional de Colombia

*Presentador: Eyson.quiceno@udea.edu.co

El tratamiento contra la leishmaniasis cutánea presenta muchas desventajas: pérdida de eficacia, creciente resistencia parasitaria, largos esquemas de tratamiento y toxicidad. Esto hace evidente la necesidad de buscar nuevos tratamientos y responder al llamado de la OMS a hacer uso de la medicina tradicional y la fitoquímica. Siendo la leishmaniasis una enfermedad fuertemente mediada por la respuesta inmune del hospedero frente al parásito, se plantea evaluar la actividad leishmanicida y inmunomoduladora de un extracto etanólico de *Caesalpinia spinosa* (Molina) kuntze. Se realizaron ensayos en la línea celular U-937 y en cultivo primario de monocitos de sangre periférica humana (MDMhu), evaluando la efectividad contra amastigotes en macrófagos infectados con la cepa *L. braziliensis* (MHOM/CO/88/UA301-*wt*), y contra promastigotes solos en *L. braziliensis* UA301-LUC. La capacidad inmunomoduladora fue evaluada midiendo la producción por ELISA e inducción por RT-qPCR de las citoquinas TGF- β 1, CCL22 e IL-4, hasta las 48h, al igual que la producción de óxido nítrico (ON) y especies reactivas del oxígeno (ROS) tras la exposición al tratamiento. La capacidad cicatrizante fue evaluada hasta las 24h por medio de la migración de Detroit 551 y la capacidad proliferativa en U-937 hasta las 96h por el método de reducción de la resazurina. P2Et fue clasificada como potencialmente no tóxica y activa contra amastigotes. La producción de las citoquinas en U-937 tratadas con infección fue menor al control con células infectadas y en la RT-qPCR se encontró un nivel de inducción mayor al control proinflamatorio y a las células tratadas sin infección, excepto en la IL-4. En MDMhu los niveles de expresión relativa de las tres citoquinas fueron menores a las células no infectadas tratadas y mayores al control proinflamatorio excepto en la TGF- β 1. La baja producción de ROS y ON en células infectadas tratadas respecto a las células infectadas no tratadas revela una modulación por parte del tratamiento, correlacionado con la reducción del porcentaje de macrófagos infectados, sugiriendo una tendencia a reparación del tejido, como se evidenció en fibroblastos a las 24h por un cierre en la brecha del 54.4% y un aumento en la proliferación de U-937 frente al control basal.

Palabras clave: citoquinas, citotoxicidad, fitoquímica, *Leishmania braziliensis*, leishmaniasis, proliferación, respuesta inmune

Estrategia de identificación de epítopes T de la proteína de *Leishmania panamensis* NH mediante predicción de unión a moléculas de HLA

Magda Melissa Flórez^{1*}, Francy Elaine Torres¹

¹ Centro de Investigación en Salud para el Trópico CIST, Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia campus Santa Marta

*Presentador: magda.melissa@campusucc.edu.co

La leishmaniasis causa diversas presentaciones clínicas dependiendo de la especie del parásito infectante y el estado inmunológico del individuo, incluso hasta el 80% de los infectados pueden cursar de forma asintomática

la infección por lo que las secuencias que logran inducir una respuesta inmune celular de linfocitos T ayudadores perfil Th1 con producción temprana de IFN γ podrían constituir candidatos potenciales para el desarrollo de una vacuna efectiva. La identificación entonces de las secuencias que se unan de forma fuerte al bolsillo de moléculas HLA-DR, podría ser un indicador de epítopes T del parásito para humanos. El objetivo de este estudio fue la identificación de secuencias peptídicas a partir de la estructura primaria de la proteína NH39 de *Leishmania* spp. que se unan fuertemente al bolsillo de diversos HLA-DRs frecuentes en la población colombiana. El proyecto constó de 2 fases, en la primera se predijeron fuerzas de unión mediante las herramientas NETMHCIIIPAN, MixMHC2 y MARIA frente a 25 alelos de HLA-DR. Para la segunda fase, los péptidos preseleccionados fueron modelados por PEP-FOLD 3.5 y se realizó el acoplamiento molecular por medio de Autodock tools (Autodock vina). Finalmente, el modelo con mejor afinidad (kJ/mol) se visualizó y analizó por medio de Discovery Studio Visualizer, identificando parámetros de interacción entre ligando y proteína (AA, átomos, Distancia, unión hidrofóbica, electrostática). Como resultados se obtuvo un análisis de 298 secuencias de 15 a.a cubriendo la totalidad de la secuencia proteica y una posterior preselección de 7 secuencias con predicción de unión fuerte a diversos HLA-DRs por las tres herramientas de predicción de epítopes y a partir de ellas el acoplamiento molecular mostró que 3 secuencias tenían la capacidad de unión fuerte con el bolsillo de la molécula DR4. Concluimos que el uso de esta estrategia de análisis de forma secuencial permite el tamizaje de un número limitado de secuencias para evaluar en estudios posteriores *in vitro*, optimizando la identificación de epítopes naturales de diversos patógenos directamente para el sistema inmune de humanos.

Palabras clave: epítopes T, *in silico*, leishmaniasis, péptidos, vacunas

Conocimientos, actitudes y prácticas frente a la enfermedad de Chagas en zona rural de municipios del Meta

Emelyn Natalia Echeverri-Giraldo^{1*}, Sandra Carolina Montaña-Contreras²

¹ Programa de Enfermería, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de los Llanos, Colombia

² Grupo de investigación cuidado, Facultad de ciencias de la salud, Universidad de los Llanos, Colombia

*Ponente: emelyn.echeverri@unillanos.edu.co

La enfermedad de Chagas, causada por el *Trypanosoma cruzi*, es una infección zoonótica y parasitaria que representa un importante desafío para la salud pública debido al impacto que tiene en las comunidades. El objetivo de la investigación fue describir los conocimientos, actitudes y prácticas frente a los vectores transmisores de la enfermedad de Chagas en comunidades rurales de los municipios de Restrepo, Cumaral y Villavicencio. Mediante un estudio transversal con análisis de fuente secundaria. Se identificó como principales características de la vivienda tener techo en Eternit, paredes en bloque o ladrillo y piso de cemento o baldosa; se caracterizan por tener cuadros y calendarios colgados en las paredes, depósitos de madera, escombros y lugares propensos a la oscuridad. Frente a los conocimientos se encontró que han escuchado acerca del vector, aun así, desconocen los riesgos asociados con la exposición, los signos y síntomas de la enfermedad y formas de propagación. Respecto a las actitudes, la falta de información y de tiempo, son consideradas como dificultades para prevenir el Chagas. Algunas de las prácticas utilizadas por la comunidad y que influyen en la disminución del riesgo son la limpieza de utensilios de cocina, la desinfección de pisos y paredes, cortar el monte, el uso del toldillo y la fumigación, por el contrario, la falta de mallas en ventanas y presencia de animales domésticos o en el peridomicilio incrementan el riesgo de contacto con el vector. Así mismo el desconocimiento de su ciclo biológico y formas de alimentación, aumenta el riesgo de exposición. Sumado a esto, la falta de información, interés y tiempo, influyen en la toma de decisiones para la prevención oportuna, siendo necesario una mirada

holística.

Palabras clave: actitudes y prácticas en salud, conocimientos, enfermedad de Chagas, *Trypanosoma cruzi*

La enfermedad de Chagas: macroecología y macrogeografía de una zoonosis

Laura Rengifo-Correa^{1*}

¹ Investigadora posdoctoral. Centro de Investigaciones en Enfermedades Tropicales (CINTROP), Universidad Industrial de Santander

*Presentador: larecorr@gmail.com

La enfermedad de Chagas es una enfermedad tropical desatendida pese a que es potencialmente incapacitante y mortal. Alrededor de siete millones de personas están infectadas con el parásito que la ocasiona, *Trypanosoma cruzi*. La ruta de transmisión principal es a través de los vectores (Reduviidae: Triatominae) tras adquirir el parásito de los huéspedes (mamíferos silvestres). Por lo tanto, es necesario inferir el escenario de transmisión más probable de *T. cruzi*, tanto biótico como abiótico y reflejarlo en modelos de nicho y de distribución de especies. Para México 116 huéspedes potenciales y nueve vectores podrían estar contribuyendo en mayor medida en la transmisión de *T. cruzi*. Esta inferencia es posible gracias a la modelación con redes de interacción biótica, la cual permite identificar las asociaciones espaciales más probables y las transferirlas a redes de interacción potencial. Asimismo, la inclusión de predictores tanto abióticos como bióticos en mapas de riesgo no solo proporciona modelos más predictivos y precisos, sino también modelos que son más comprensibles y explicables. Utilizando una técnica de minería de datos espaciales previamente establecida, se generaron modelos de nicho y de distribución de especies bióticos, abióticos y biótico+abiótico, considerando 14 vectores, 459 huéspedes potenciales y 258 categorías climáticas. Se cuantificó, comparó y contrastó las contribuciones individuales y totales de los predictores al nicho y distribución de la enfermedad de Chagas en México. La evaluación del rendimiento del potencial predictivo de los modelos detectó que aquellos que incluyen variables de nicho bióticas son más predictivos y explicables.

Financiado: Dirección General de Asuntos de Personal Académico, Universidad Nacional Autónoma de México; Vicerrectoría de Investigación y Extensión, Universidad Industrial de Santander.

Palabras clave: ciclo de transmisión, enfermedad de Chagas, hospederos, minería de datos, modelos de nicho

¿Están aumentando los casos de transmisión oral de *Trypanosoma cruzi* en América Latina?

Alexia Fernanda CarrilloRiaño^{1*}, Julio César Carranza-Martinez¹, Daniel Alfonso Urrea-Montes¹, Gustavo Adolfo Vallejo¹

¹ Programa de Biología, Facultad de ciencias, Universidad del Tolima, Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical, Ibagué-Colombia

*Presentador: afcarrillor@ut.edu.co

La enfermedad de Chagas, causada por *Trypanosoma cruzi*, afecta entre seis y siete millones de personas en

Latinoamérica. El parásito se transmite principalmente por contacto con las heces de triatominos, sin embargo, también se puede transmitir por vía congénita, transfusiones de sangre, trasplante de órganos, accidentes de laboratorio y contaminación de alimentos. Los primeros reportes de transmisión oral en humanos aparecieron desde 1965 y se estima que en los últimos 10 años la situación es reemergente. En esta investigación se realizó una revisión sistemática de la literatura en los últimos 60 años, sobre la transmisión de *T. cruzi* por contaminación de alimentos en Colombia y demás países latinoamericanos. Para ello, se utilizaron las bases de datos BibTriv3.0, PubMed, SCOPUS, Scielo y Google Scholar para obtener información sobre la distribución geográfica, el tipo de alimento contaminado, las especies de vectores implicados, la epidemiología y otros factores relevantes para el análisis. Se encontró que los vectores implicados fueron *Panstrongylus geniculatus*, *Rhodnius pallescens*, *Triatoma sordida*, *T. brasiliensis*, *T. maculata*, *T. megistus*, *R. prolixus*, *R. picrotipus* y *R. robustus*. Las DTUs detectadas fueron TcI, TcII y TcIV. El jugo de açaí sigue siendo la principal fuente de alimento contaminado, seguido del jugo de guayaba y posteriormente, el jugo de caña de azúcar. La población más afectada correspondió a familias que viven en zonas rurales. Se encontró que durante los últimos 60 años se han reportado alrededor de 3.254 casos de Chagas adquiridos por contaminación oral, de los cuales 1.856 casos fueron reportados desde 1960 hasta 2013 (aproximadamente 35 casos por año) y 1.398 casos durante los últimos 10 años (alrededor de 139 casos por año), de los cuales aproximadamente el 85% correspondieron a Brasil, el 10% a Colombia y el 5% a Venezuela. En los últimos 10 años, los casos de transmisión oral de *T. cruzi* han aumentado 4 veces con relación a los casos reportados entre 1960 y 2013. Varios autores consideran que este aumento pueda deberse al cambio climático, la colonización de entornos selváticos, la deforestación, la migración y el ingreso de los vectores silvestres a los domicilios.

Palabras clave: alimentos contaminados, enfermedad de Chagas, epidemiología, transmisión oral, *Trypanosoma cruzi*

Manteniendo la voluntad de participación en estudios clínicos en enfermedades olvidadas: una experiencia colombiana en enfermedad de Chagas

Juan Carlos Villar-Centeno¹, Luis David Sáenz^{1*}, Antonia Camacho¹

¹ Departamento de investigaciones, Fundación Cardioinfantil, Bogotá-Colombia

*Presentador: lsaenzd@lacardio.org

A pesar de su alta carga, la enfermedad de Chagas (ECHA) se considera una de las enfermedades más olvidadas en el mundo. Actualmente en Colombia persisten grandes brechas en el diagnóstico, estratificación del riesgo y disponibilidad del tratamiento. Para reducir brechas de conocimientos en el diagnóstico y manejo de las enfermedades desatendidas es crucial contar con pacientes dispuestos a participar en estudios clínicos. Nuestro grupo ha conducido una serie de estudios experimentales en individuos seropositivos a *T. cruzi*. Estos han requerido su consentimiento para dar información, someterse a pruebas diagnósticas y recibir tratamientos experimentales o placebo. En este estudio descriptivo, identificamos las proporciones de individuos seropositivos que, habiendo terminado un estudio previo, reiteran su voluntad de participar en un nuevo estudio, de ser elegibles. Hasta la fecha, de 267 participantes en dos ensayos clínicos, 262 (98%) participarían en un nuevo estudio y de estos, 211 (80%) participarían incluso si implicara el uso de un medicamento. Los 56 (21%) pacientes restantes, participarían en dado caso de que el estudio involucrara únicamente visitas de seguimiento y/o toma de exámenes. Tan solo 5 (1.9%) no estarían dispuestos a participar en ningún tipo de estudio, ni permitirían el uso de los datos recopilados hasta el momento para futuras investigaciones. En nuestra experiencia la mayoría de estos participantes seropositivos en ensayos clínicos previos reiteraría su participación en futuros estudios,

incluyendo el uso de medicamentos. Dada la doble condición de ser donante de sangre previo y seropositivo a *T. cruzi* es posible que esta franja de voluntad de participación no sea replicable en otras poblaciones. Los estudios en enfermedades olvidadas requieren de esfuerzos para mantener la adherencia de su población.

Palabras clave: Benznidazol, enfermedad olvidada, Nifurtimox, *T. cruzi*, tratamiento tripanocida

Aislamiento de *Trypanosoma cruzi* I en población escolar afectada por enfermedad Chagas en el municipio El Roble, Sucre

Alveiro Pérez-Doria^{1,2*}, Wendy Zabala-Monterroza³, Alexander Bedoya-Polo¹, Eduar E. Bejarano¹

¹ Facultad de Educación y Ciencias, Programa de Biología, Grupo Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Sucre, Colombia

² División de Investigación, innovación y desarrollo, Pyrogen S.A.S, Sincelejo, Sucre. Colombia

³ Maestría en Salud Pública. Universidad de Córdoba

*Presentador: alveioperez@gmail.com

Durante el mes de diciembre de 2019, en población escolar del municipio El Roble se registró un brote de enfermedad de Chagas con manifestaciones agudas, el cual fue causado por consumo de alimentos contaminados, esto motivó nuestro interés por caracterizar la etiología del brote. Se realizó un estudio de epidemiológico, incluyendo niños de población escolar sintomáticas y asintomáticas y adultos con nexos epidemiológicos. El diagnóstico de *T. cruzi* se realizó mediante frotis sanguíneo de gota gruesa, hemocultivos y PCR convencional, adicionalmente, se realizó vigilancia entomológica a través de una estrategia comunitaria y se tomaron muestras de vertebrados sinantrópicos; finalmente, se determinó el linaje del parásito infectante mediante el análisis filogenético de la secuencia concatenada de la subunidad pequeña del ARN ribosómico (ARNr SSU) y del gen de la gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa glicosomal (gGAPDH). La frecuencia de la infección fue del 10,45% (N:7/67) por identificación del parásito en sangre periférica, 14,93% (N:10/67) por aislamiento *in vitro* y 16,18% (N:11/72) por PCR. Siete cepas de tripanosomátidos aisladas de pacientes fueron identificadas como *T. cruzi* linaje I (TcI), mientras que el aislado derivado de *Didelphis marsupialis* se identificó como *T. rangeli* linaje C. 48 individuos de *Rhodnius pallescens* fueron capturada en el domicilio y áreas circundantes a la vivienda, se encontraron especímenes de ambos sexos y de todos los estadios del ciclo de vida de este insectos, adicionalmente, se observaron palmas de vino (*Attalea butyracea*) en peridomicilio de la vivienda del caso índice. El hallazgo de *T. cruzi* linaje I (TcI) ayuda a explicar la tasa de letalidad observada durante el brote, la presencia de *T. rangeli* linaje C, aumenta la complejidad del diagnóstico de la tripanosomiasis americana en la zona, puesto que se han descrito brotes de Chagas oral causados por este patógeno. La presencia de ambos parásitos en la zona, en conjunto con hallazgo del reconocido vector *R. pallescens*, las palmas de vino e individuos infectados de *D. marsupialis* evidencian la ocurrencia de un ciclo de transmisión doméstica o peridoméstica rural, evidenciando cambios en la epidemiología de la enfermedad de Chagas que se deben tener en cuenta en los programas de prevención y control.

Palabras clave: detección molecular, *Didelphis marsupialis*, enfermedad de Chagas, población escolar, *Rhodnius pallescens*, *T. rangeli* C, transmisión oral, *Trypanosoma cruzi*

Efecto del extracto etanólico P2Et de vainas y frutos de *Caesalpinia spinosa* (Molina) Kuntze, en la resolución de la Leishmaniasis cutánea en hámsteres

infectados experimentalmente con *Leishmania braziliensis*

Natalia Arbeláez Córdoba^{1*}, Sara Robledo¹, Javier Murillo¹, Jorge Higueta¹ y Adriana Restrepo¹

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

*Presentador: natyac182@gmail.com

La leishmaniasis se encuentra entre las diez enfermedades tropicales olvidadas con mayor importancia en salud pública a nivel mundial con alrededor de 12 millones de personas infectadas. La presentación cutánea de la enfermedad es la más común, siendo endémica en 18 países de América. Existen pocas opciones para el tratamiento de la enfermedad y su alta toxicidad es una barrera para acceder a los mismos. Es por esto que es necesario trabajar en el desarrollo de nuevas opciones terapéuticas. El objetivo de este estudio fue evaluar *in vitro* tanto la citotoxicidad como la actividad leishmanicida del extracto etanólico P2ET, usando los métodos de MTT y citometría de flujo respectivamente. La efectividad del extracto P2Et y cinco formulaciones tópicas, también fueron evaluados *in vivo* en el modelo hámster dorado. El extracto P2Et fue activo contra amastigotes intracelulares de *Leishmania (Viannia) braziliensis* con un valor de concentración efectiva media (CE₅₀) de $22.8 \pm 3.4 \mu\text{g/mL}$. El tratamiento de hámsteres (n=5) con el extracto P2Et formulado como solución al 5%, a una dosis de 40 mg/día durante 60 días, produjo la curación completa en 4/5 hámsteres y mejoría en 1/5 hámsteres. A su vez, el P2Et formulado como crema también al 5%, y aplicado bajo el mismo esquema, produjo curación completa en 5/7 hámsteres y mejoría con reducción del tamaño de la lesión del 57% en 1/7 hámsteres. El P2Et formulado como emulsión al 5% (n = 6) y al 10% (n = 6) produjo una tasa de curación del 100% en el primer grupo. Para la emulsión al 10%, hubo cura completa en 5/6 animales y para el gel al 10% en 6/6. Ni los extractos ni las formulaciones administradas a dosis única o a dosis repetida mostraron signos de toxicidad dérmica o sistémica.

Palabras clave: cura, hámster, leishmaniasis, P2Et

Actividad antiparasitaria de isoflavonas bioactivas obtenidas de subproductos de la madera de *Tabebuia chrysantha*

Natalia Arbeláez^{1*}, Sara Robledo¹, Edwin Correa², Fernando Echeverri², Wiston Quiñones², Fernando Torres²

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

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

*Presentador: natyac182@gmail.com

Los subproductos de la madera son una interesante y emergente fuente de metabolitos secundarios. En la búsqueda de nuevos antiparasitarios y a partir de estudios *in vitro*, se detectó una alta actividad del extracto etanólico (SQB-11) de *Tabebuia chrysantha* contra *Leishmania braziliensis* y *Trypanosoma cruzi*. A través de separación por cromatografía, cinco fracciones y dos isoflavonas puras (Sativan y Vestitol), fueron obtenidas y analizadas contra dichos parásitos tanto *in vitro* como *in vivo*. La fracción S4 mostró una alta actividad contra *L. braziliensis* y *T. cruzi*, con una CE₅₀ de $11.1 \mu\text{g/ml}$ y $5.1 \mu\text{g/ml}$ respectivamente. Los metabolitos sativan y vestitol también fueron activos para ambos parásitos con valores más bajos de CE₅₀ de $10 \mu\text{g/ml}$ ($34.92 \mu\text{M}$ and $36.7 \mu\text{M}$ respectivamente). La efectividad de una mezcla de sativan y vestitol, fue confirmada en hámsteres infectados experimentalmente con *L. braziliensis* vía intradérmica y en ratones infectados con *T. cruzi*. Los hámsteres tratados con la mezcla al 3% durante 30 días, mostraron una cura clínica en el 67% de los

individuos y una reducción en el tamaño de la lesión entre el 30% al 70% de los restantes. Adicionalmente, los ratones tratados con dicha mezcla (100 mg/kg, 25 días), tuvieron una reducción del 75% de la parasitemia. Estos resultados demuestran la actividad antiparasitaria leishmanicida y tripanocida de *T. chrysantha* y destaca el potencial farmacológico de los residuos de la industria maderera, que tiene toneladas de sustancias químicas valiosas para el desarrollo de nuevos fármacos.

Financiado: Universidad de Antioquia (ESG-2020) y Minciencias (RC-060-2016).

Palabras clave: actividad antiparasitaria, enfermedad de Chagas, isoflavonas, leishmaniasis cutánea

Evaluación de eficacia de amplificación de minicírculos de kADN como diana en estudios de variabilidad genética de *Leishmania*

Oscar PérezVargas^{1*}, Suljei Cochero-Bustamante¹, Matilde Rivero-Rodríguez¹, Eduar E. Bejarano¹, Luis E. Paternina¹

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

*Presentador: oscar.perez@unisucra.edu.co

La variabilidad genética de *Leishmania* es uno de los tópicos menos explorado dada la cercanía genética y la dificultad para discriminar entre muchas especies de estos parásitos. Desde hace décadas se ha utilizado la diversidad de 15 isoenzimas de acuerdo con el sistema Montpellier, más recientemente se ha implementado la secuenciación de ADN multilocus de algunas de estas dianas para realizar inferencias poblacionales, con genes tales como: Aconitasa, Alanina Aminotransferasa, Enolasa, entre otros. Aunque estas herramientas son funcionales se requieren parásitos aislados en cultivo, y existen dianas hipervariables alternativas como el ADN minicircular del kinetoplasto que podrían facilitar el abordaje de la variabilidad genética. El propósito de la presente investigación fue evaluar la eficacia de sets de cebadores para la amplificación del minicircular de kDNA a partir de muestras clínicas de diversa naturaleza. En la evaluación se incluyeron muestras de sangre de pacientes con diagnóstico de *leishmaniasis* (SPDL, n=21), raspados de pacientes positivos (RPP, n=2), sangre de caninos (SC, n=17) y parásitos procedentes de cultivo (PC, n=2). Todas las muestras fueron sometidas a extracción de ADN con método de sales Cloroformo:Alcohol-Isoamilico. Posteriormente se evaluaron los cebadores CSB2XF/CSB1XR y LiR/13Z (sistema Británico) a través de PCR anidada, y cebadores L.MC-1S/L.MC-1R (sistema Japonés) mediante PCR convencional, así como un sistema híbrido (L.MC-1S/L.MC-1R + L.MC-1S/LiR) implementado en nuestro laboratorio. El sistema Británico (PCR anidada) permitió la obtención de amplicones de tamaño esperado en 9 muestras totales (3 SPDL, 1 RPP, 4 SC, 1 PC= 21.4%), con minicírculos entre 390pb-900pb. El sistema Japonés (PCR convencional) permitió obtener amplicones en 10 muestras (3 SPDL, 1 RPP, 4 SC, 2 PC= 23.8%), con minicírculos entre 400-800pb. El sistema híbrido de PCR anidada permitió obtener amplicones en 24 muestras (8 SPDL, 2 RPP, 12 SC, 2 PC= 57.1%), con amplicones de 350pb (RPP) y de 800-900pb (SPDL, SC, PC). Los resultados indican que el minicircular del kDNA tiene elevado potencial como diana alternativa en la evaluación de variabilidad genética a partir de muestras clínicas, especialmente con el sistema híbrido que introduce mejoras a los previamente reportados y que será utilizado en posteriores ensayos Fingerprinting mediante RFLP.

Financiado: proyecto código BPIN2020000100024 de la Universidad de Sucre.

Palabras clave: *Leishmania*, minicírculos kDNA, muestras clínicas, PCR, variabilidad genética

Tripanosomátidos en poblaciones flebotomíneas de la vereda El Santuario, municipio de Ovejas, Sucre

Dina GuevaraCanole^{1*}, Suljey Cochero-Bustamante¹, Matilde Rivero-Rodríguez¹, Eduar E. Bejarano¹, Luis E. Paternina¹

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

*Presentador: dinaluz1220@gmail.com

Actualmente la leishmaniasis se ha convertido en un problema de relevancia en zonas urbanas, sin embargo, no podemos pasar por alto el hecho que se siguen reportando casos en zonas rurales dispersas de la región Caribe, como aquellas del municipio de Ovejas. Debido a los posibles escenarios epidemiológicos y las escasas investigaciones en dinámica de transmisión, aún se desconocen muchos elementos clave de la epidemiología de esta enfermedad en la región. El objetivo de este estudio fue evaluar la presencia y determinar la identidad de tripanosomátidos en flebotomíneos de la vereda El Santuario, en Ovejas, Sucre. Los flebotomíneos fueron capturados con trampas CDC instaladas en intra, peri y extradomicilio de viviendas selectas de esta zona rural dispersa. Las hembras fueron cortadas en su terminalia y posteriormente identificadas con claves taxonómicas de referencia. El tórax y parte del abdomen fueron usados en extracción de ADN y la presencia de parásitos fue evaluada mediante PCR de la región ribosomal ITS1. El estudio entomológico permitió la identificación de tres potenciales vectores en la zona: *Lutzomyia evansi* (especie dominante, 304 individuos), *Lutzomyia panamensis* (6 individuos) y *Lutzomyia gomezi* (5 individuos). En 23 grupos (23/33 grupos) se detectó amplicón de ITS1 perteneciente presumiblemente a tres parásitos tripanosomátidos diferentes, uno de ellos con ITS1 de 350pb (*Lutzomyia evansi*), uno con ITS1 de ~600pb (*Lutzomyia evansi*) y 21 amplicones de ~450pb (*Lutzomyia gomezi* y *Lutzomyia evansi*), la secuenciación de estos productos permitirá determinar las especies y su relevancia médica y/o veterinaria. Los resultados sobre la diversidad de parásitos tripanosomátidos ayudará a establecer las dinámicas de transmisión de estos parásitos kinetoplástidos y cuáles podrían ser los hábitos de los flebotomíneos considerados vectores en la zona, facilitando la comprensión en ciclos de transmisión de zonas rurales como la de este estudio.

Financiado: Proyecto con código BPIN 2020000100024 de la Universidad De Sucre.

Palabras clave: Caribe, Colombia, ITS1, *Lutzomyia*, Trypanosomatidae

Utilidad de un sistema bioluminiscente a partir del gen reportero luciferasa, para el estudio del metabolismo energético en *Leishmania* spp.

Eyson Quiceno Giraldo^{1*}, Yulieth Upegui¹, Luis Rivas², Sara María Robledo¹

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

² Grupo de Investigación en péptidos Antibióticos eucarióticos, Centro de Investigaciones Biológicas, Madrid-España

*Presentador: eyson.quiceno@udea.edu.co

En la búsqueda de medicamentos leishmanicidas más eficaces y seguros, los genes reporteros permiten implementar modelos biológicos eficientes y confiables. El gen reportero de luciferasa, utiliza ATP como sustrato para

generar luminiscencia, siendo indicador del efecto de actividad leishmanicida en el metabolismo energético. El objetivo de este trabajo fue evaluar la utilidad del sistema bioluminiscente a partir del gen reportero luciferasa en *Leishmania* spp (*L. braziliensis*, *L. panamensis* y *L. infantum*), en el estudio de la actividad de compuestos leishmanicidas sobre el metabolismo energético en modelos *in vitro*. Para esto se transfectaron promastigotes de *L. braziliensis*, *L. panamensis* y *L. infantum*, y se utilizó como sustrato DMNPE para la luminiscencia. Todas las cepas integraron el plásmido. El grado de luminiscencia observada sugiere que *L. panamensis* y *L. braziliensis* producen más copias del gen; por su parte, *L. infantum* produce menos luminiscencia. Los ensayos de luminiscencia indican que el modelo permite detectar la pérdida de ATP y diferenciando entre alteraciones en membrana citoplasmática o daño mitocondrial en promastigotes. En amastigotes permite detectar la pérdida de ATP en *L. braziliensis* y *L. panamensis*. La transfección no generó alteraciones negativas en la infectividad y sensibilidad a medicamentos leishmanicidas, lo cual será útil para determinar si nuevos compuestos afectan la función mitocondrial en el parásito.

Palabras clave: leishmaniasis, luciferasa, metabolismo, terapia

Evaluación seguridad y respuesta terapéutica de tratamiento tópico con tintura de Árnica para leishmaniasis cutánea no complicada, Colombia

Any Carolina Garcés-Mejía^{1*}, Susana Ríos-Echavarría¹, Esteban de Jesús Soto-Ramírez¹, Juliana Quintero-Pulgarín¹, Liliana López-Carvajal¹, Iván Vélez^{1,3}, Thomas Schmidt², Sara Robledo³

¹ Grupo de Investigación Clínica PECET, GIC-PECET, Universidad de Antioquia, Colombia

² Institute of Pharmaceutical Biology and Phytochemistry (IPBP), University of Münster, Germany

³ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET), Universidad de Antioquia, Colombia

*Presentador: anycarolinagarcés@pecet-colombia.org

En los últimos 70 años y pese a sus documentados problemas de seguridad, los antimoniales pentavalentes han sido la principal opción de tratamiento para la Leishmaniasis Cutánea (LC). En la última década los investigadores del mundo siguiendo las recomendaciones de la Organización Mundial de la Salud, han concentrado sus esfuerzos en buscar otras opciones terapéuticas de preferencia locales para el manejo de la LC no complicada y de esta manera disminuir los problemas de seguridad asociados a las alternativas terapéuticas sistémicas aprobadas para el tratamiento de la enfermedad. *Arnica montana* L. es una planta que pertenece a la familia Asteraceae; endémica en Europa central y Meridional, sur de Escandinavia y norte de España. Es una planta medicinal de uso ancestral, reconocida por varios países con variedad de indicaciones por la producción de una gran cantidad de metabolitos secundarios; como las lactonas sesquiterpénicas, los flavonoides o los ácidos fenólicos. Su tintura es un extracto alcohólico preparado a partir de las flores de *A. montana*; al igual que la planta, la tintura está legalmente autorizada en países de comunidad europea e incluida en vademécum de plantas medicinales en Colombia. Posterior a demostrar su capacidad antiparasitaria *in vitro*, así como su actividad terapéutica y su seguridad en hámsteres, el PECET y su Grupo de Investigación Clínica se encuentra evaluando la seguridad, tolerabilidad y respuesta terapéutica del uso de la tintura de Árnica en individuos con LC no complicada, por medio de un ensayo clínico aleatorizado fase Ib-II, con una muestra de 16 participantes donde se evalúan 2 esquemas de tratamiento (30 días y 45 días) con una aplicación de 80 uL de solución por cada cm² del área de la lesión 3 veces al día. Los participantes son evaluados al inicio, mitad y final del tratamiento y en los días 45, 90 y 180 postratamiento. Los desenlaces para evaluar son la respuesta terapéutica y la seguridad; al finalizar el seguimiento de los 16 participantes se analizará la información esperando resultados promisorios para el manejo de la LC no complida similares a los obtenidos en los ensayos *in vitro* y en hámsteres.

Palabras clave: leishmaniasis cutánea, tratamiento tópico, tintura de árnica

Estudio estructural de la quinasa AKT de *Trypanosoma cruzi*: blanco farmacológico para la enfermedad de Chagas

Lesly Johanna Ortiz-Joya^{1*}, Karina Stadler², Treasa Ot'Hagan³, Sergio Andrés Pulido-Muñoz¹, Klaus Zangger², Alba Guarné³, Nina Kerstin Gubensäk³, Marcel Marín-Villa¹

¹ Facultad de medicina, Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET), Universidad de Antioquia, Medellín-Colombia

² Instituto de química, University of Graz, Graz, Austria

³ Departamento de bioquímica, McGill University, Montreal, QC. Canadá

*Presentador: lesly.ortiz@udea.edu.co

En el campo de enfermedades tropicales como la enfermedad de Chagas, a pesar de los significativos avances de los últimos años, existe la necesidad de profundizar en la caracterización biofísica, estructural y funcional de enzimas que pueden ser la base de tratamientos más seguros y eficaces. Nosotros estudiamos la serina/treonina quinasa AKT del parásito *Trypanosoma cruzi* (TcAKT), potencial blanco farmacológico dado su rol en varios procesos biológicos esenciales, incluidos la expresión génica, la proliferación celular, la diferenciación y la supervivencia celular. En este trabajo se estudió la proteína TcAKT y su dominio de homología a pleckstrin (PH) mediante el acoplamiento de diferentes métodos biofísicos. Realizamos análisis por Resonancia Magnética Nuclear en solución del dominio PH marcado isotópicamente con ¹³C y ¹⁵N y determinamos sus características estructurales y su afinidad de unión a lípidos fosfatidilinositol, específicamente Ins (1,3,4,5) P₄; revelando importantes detalles sobre la estructura de la enzima. Así mismo, se confirmó la interacción entre TcAKT y un potencial inhibidor mediante STD-NMR y ¹H-¹⁵N HSQC. Actualmente buscamos cristalizar la proteína AKT *full-length*. Con este fin, utilizamos Fluorimetría Diferencial de Barrido (DSF) que nos permitió identificar que TcAKT se estabiliza por interacción con nucleótidos en presencia de iones divalentes (Mn²⁺ y Mg²⁺), estableciendo las condiciones óptimas iniciales para ensayos de cristalografía. Nuestros hallazgos revelan conocimientos únicos sobre la estructura y funcionalidad de TcAKT, constituyendo así la base para el diseño farmacológico racional basado en estructura en tratamientos para la enfermedad de Chagas.

Financiado: MinCiencias-Colombia (Código del proyecto:111577757016). Grupo Coimbra Programa de Becas para Jóvenes Profesores e Investigadores de Universidades Latinoamericanas. Beca ELAP de Canadá.

Palabras clave: AKT, biología estructural, Chagas, dominio pleckstrin, inhibidor, RMN, *T. cruzi*

Caracterización sociodemográfica, clínica y terapéutica de una población pediátrica con leishmaniasis cutánea atendida en el PECET, Medellín. 2012-2022

Susana Ríos-Echavarría^{1*}, Laura Victoria Tabares Roa³, José Andrés Tascón Arcila³, Vanessa Cruz³, Juliana Quintero-Pulgarín¹, Liliana López-Carvajal¹, Iván Vélez^{1,2}, Claudia Beltrán³

¹ Grupo de Investigación Clínica PECET, GIC-PECET, Universidad de Antioquia, Colombia

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

³ Programa de pediatría Universidad de Antioquia- Colombia

*Presentador: susana.riose@udea.edu.co

La leishmaniasis cutánea (LC) es la forma clínica más común de la leishmaniasis y representa el 95-98% de los casos. Aunque se cuentan con tratamientos efectivos para el manejo de la enfermedad, la mayor tasa de respuesta al tratamiento se concentra en la población adulta (20-50 años); factores inmunitarios, farmacocinéticos y farmacodinámicos pueden explicar por qué en la población pediátrica y de adultos mayores estas tasas son menores. Las limitaciones éticas y de seguridad impiden en muchos casos la inclusión de niños en los ensayos clínicos, lo que deriva en una exigua evidencia científica que oriente un manejo terapéutico basado en la evidencia para esta población. Teniendo en cuenta esta problemática, el objetivo del estudio fue caracterizar la población pediátrica con LC atendida en el Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales (PECET) y determinar la respuesta terapéutica y seguridad del tratamiento recibido. Para ello se diseñó un estudio de corte, donde a partir de la revisión de las de las historias clínicas del PECET se recolectaron datos relacionados con información sociodemográfica, antecedente de leishmaniasis, características clínicas, tratamiento, respuesta terapéutica y eventos adversos. El análisis se llevó a cabo en 156 pacientes pediátricos quienes tenían una mediana de edad de 10 años (RIQ= 6-14 años), la mayoría de ellos de sexo masculino (57.7%), pertenecientes al departamento de Antioquia (82.7%) y provenientes de zona rural (75.6%). 18.6% de los pacientes tenían el antecedente de infección por leishmaniasis, de los cuales 23.1% no habrían recibido tratamiento y 15.4% habrían recibido previamente Glucantime sistémico. Respecto a características clínicas y terapéuticas, las lesiones para estos pacientes fueron en su mayoría úlceras únicas, manejadas con Glucantime intralesional (18.6%) seguido del Glucantime sistémico (8.2%), con los cuales se encontró mayor tasa de curación, seguido de un medicamento tópico en investigación. Entre los eventos adversos encontrados destacan dolor abdominal, náuseas y Rash cutáneo, de intensidad leve y resolución completa. Basado en esta información, se podría apoyar el uso de la medicación tópica para el manejo de la LC en la población pediátrica como una opción segura y alternativa al uso de Miltefosina como primera opción en Colombia.

Palabras clave: eventos adversos, glucantime intralesional, glucantime sistémico, leishmaniasis cutánea, población pediátrica, tratamiento

Genoma de una cepa colombiana de *Trypanosoma theileri* (Trypanosomatidae): ensamblaje, organización y familias multigénicas

Mauricio Ochoa-Capera^{1*}, Natalia S. Medina¹, Julio Cesar Carranza Martinez¹, Gustavo Adolfo Vallejo¹, Daniel A. Urrea-Montes¹, Omar Triana Chavez², Jeiczon Jaimes-Dueñez³

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

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

³ Grupo de Investigación en Ciencias Animales (GRICA), Universidad Cooperativa de Colombia, seccional Bucaramanga

*Presentador: jmochoac@ut.edu.co

Los tripanosomátidos han sido ampliamente estudiados por parasitar y generar enfermedades en animales y humanos, presentar ciclos de vida complejos que implican uno o más hospederos y no presentar vacunas o tratamiento efectivo sin efectos colaterales. Debido a esto, actualmente las investigaciones se han enfocado en el análisis ómico de diferentes especies, con el fin de conocer las características genómicas incluyendo genes específicos y compartidos, principales familias multigénicas, estructura genómica, entre otras, aplicado al estudio de la interacción entre hospederos, ciclos de vida y posibles tratamientos. *Trypanosoma theileri* es un parásito de especies bovinas que afecta explotaciones en diferentes partes del mundo, generando una baja infección

parasítica que afecta a organismos inmunocomprometidos, la cual puede persistir durante toda la vida afectando la producción y generando pérdidas económicas. Estudios previos han mostrado el genoma completo del parásito, sin embargo, se desconocen las características genómicas de los aislados que circulan en Colombia. Por lo tanto, la presente investigación tiene como objetivo el reportar el genoma completo de una cepa colombiana de *T. theileri*. A través de análisis bioinformáticos, los cuales incluyeron limpieza de reads, diferentes estrategias de ensamblaje, genómica por mapeo, análisis de ortólogos, entre otros, se comparó el genoma colombiano secuenciado con el genoma de referencia de *T. theileri* (GCF_002087225.1) publicado en la base de datos RefSeq del NCBI. Se logró identificar hasta el momento 9151 genes dispuestos en 110 scaffolds contrastando con los 11312 genes ya reportados en 319 scaffolds. Se espera seguir mejorando este ensamblaje en cuanto a parámetros de fragmentación, contenido nucleótido y cantidad de proteínas.

Palabras clave: bioinformática, bovinos, ensamblaje, genoma, *Trypanosoma*

Respuesta terapéutica y seguridad de tratamientos locales para leishmaniasis cutánea en pacientes atendidos en el Grupo de Investigación Clínica PECET, Medellín - Colombia, 2022-2023

Esteban de Jesús Soto-Ramírez^{1*}, Juliana Quintero-Pulgarín¹, Iván Vélez^{1,2}, Liliana López-Carvajal¹

¹ Grupo de Investigación Clínica PECET, GIC-PECET, Universidad de Antioquia, Colombia

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

*Presentador: esteban.soto@udea.edu.co

Desde hace siete décadas, y pese a los documentados eventos adversos asociados a los tratamientos sistémicos, efectos que pueden ir desde molestias en el sitio de aplicación, dolor en el sistema musculoesquelético, alteraciones hepáticas, renales y cardiovasculares, que en ocasiones pueden ser mortales, las opciones terapéuticas sistémicas, principalmente el uso de antimoniales pentavalentes, siguen siendo la primera línea de tratamiento para el manejo de la Leishmaniasis Cutánea (LC). Por lo anterior, desde el 2010 el comité de expertos de la Organización Mundial de la Salud alienta a que se intensifique la investigación en alternativas terapéuticas innovadoras, seguras y costoefectivas para la LC; resaltando los tratamientos locales y combinaciones de fármacos como unas de las opciones más prometedoras para la investigación en esta área. Con el objetivo de describir las características de los pacientes y la respuesta a diferentes tratamientos locales, se presenta una serie de 17 casos atendidos por el Grupo de Investigación Clínica del PECET entre los años 2022 y 2023. A partir de la información contenida en la historia clínica se describen aspectos sociodemográficos y de comorbilidades, así como la antecedencia de la enfermedad, caracterización de la infección actual y desempeño y seguridad de los tratamientos locales recibidos. Entre los tratamientos evaluados se incluyeron termoterapia, glucantime intralesional y un producto tópico en investigación; los cuales se dieron en esquemas de monoterapia, terapia combinada o complementaria. Se observó que la respuesta terapéutica fue positiva en un 76.46%, con un porcentaje de mejoría y curación de 29.41 y 47.05 respectivamente. La información presentada es coherente con las necesidades globales en la lucha contra la leishmaniasis, ayuda a orientar el manejo de pacientes con LC, y es relevante como evidencia de partida para el diseño y la conducción de estudios analíticos y experimentales que propongan alternativas de manejo seguras y menos invasivas.

Palabras clave: comorbilidades, leishmaniasis cutánea, seguridad, tratamiento local

Caracterización de un foco de transmisión de leishmaniasis cutánea, en la vereda el Barcino, municipio de Campamento, Antioquia

Andrés Felipe Vélez-Mira¹, Paola González-Mejía^{1*}, Laura Cristina Posada-López^{1,2}, Juan Carlos Quintero-Vélez¹

¹ Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Colombia ² Programa de posgrado en Salud Pública, Facultad de Salud Pública, Universidad de Sao Paulo, Brasil

*Presentador: pagonzalezme@gmail.com

Se realizó un estudio descriptivo bajo el método ecoepidemiológico por medio de la aplicación de la prueba de Montenegro, estudio entomológico, encuesta epidemiológica que permite indagar por las concepciones, actitudes y prácticas (CAP) con respecto a la enfermedad y posterior análisis estadístico de los resultados. La prueba de Montenegro se utilizó para evaluar el contacto de la población con el agente etiológico de la enfermedad. Esta prueba se aplicó a las personas presentes en las viviendas seleccionadas, obteniendo un resultado positivo en el 20% de los voluntarios. La encuesta entomológica se realizó mediante el uso de trampas tipo CDC, instaladas en el intra y peridomicilio de las viviendas. Se capturaron un total de 28 flebotómicos, de los que se destaca el hallazgo de *Lu. hartmanni* y *Ny. trapidoi*, especies que han sido incriminadas en la transmisión de la enfermedad. El estudio de concepciones, actitudes y prácticas permitió conocer las percepciones y conocimientos de la comunidad sobre la leishmaniasis cutánea. Se encontró que los lugareños se refieren a la enfermedad como “Pito” y tienen conocimientos limitados sobre la forma de transmisión y prevención. La mayoría de las personas buscarían atención médica en caso de presentar la enfermedad, pero existen demoras en el acceso al tratamiento debido a falta de conocimiento y temores relacionados. El análisis estadístico de los resultados reveló que la población con mayor exposición a la enfermedad son las personas en edad productiva que desempeñan labores en el campo. La presencia de animales en el peridomicilio, como cerdos, perros y gatos, también se asoció con un mayor riesgo de contacto con la enfermedad. Estos hallazgos resaltan la necesidad de promover el conocimiento en la comunidad y de implementar estrategias de control y educación sanitaria, con el objetivo de reducir la carga de la enfermedad.

Palabras clave: estudio de foco, exposición, leishmaniasis, método ecoepidemiológico, vector

Actividad tripanocida, antioxidante e inmunomoduladora *in vitro*, de nanoencapsulados de extractos polifenólicos de *Theobroma cacao* L.

Laura Camila Vargas-Munevar¹, Erika Marcela Moreno-Moreno^{2*}, Olimpo José García-Beltrán³, Liliana Torcoroma García-Sánchez²

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

² Departamento de Posgrado en Enfermedades Infecciosas, Universidad de Santander, Bucaramanga, Colombia

³ Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Universidad de Ibagué, Tolima, Colombia

*Presentador: coord.maestriainfecciosas@udes.edu.co

La Cardiomiopatía Chagásica Crónica (CCC) es la manifestación clínica más relevante en la Enfermedad de Chagas (ECh). La génesis de la CCC es propiciada por la persistencia del parásito (*Trypanosoma cruzi*), la respuesta inmune exacerbada y el estrés oxidativo permanente. Globalmente, la ECh es la infección cardiaca más importante en morbi-mortalidad y la parasitosis de mayor costo, sin que existan alternativas terapéuticas

para detener su progresión o revertirla. Recientemente, fue demostrado el potencial de compuestos antioxidantes y antiinflamatorios, en el control parasitario y la afectación cardiaca en ECh. Polifenoles de *Theobroma cacao* L, han sido descritos como potentes antioxidantes naturales, con acción cardioprotectora y antiinflamatoria. El presente estudio busca explorar el potencial citotóxico, tripanocida, antioxidante e inmunomodulador de estos extractos en células de cardiomioblastos (H9c2) y macrófagos murinos (J774A.1), infectados con *T. cruzi*. Aquí, 21 extractos polifenólicos de semillas de *T. cacao* L (clones CCN51 e ICS 95), fueron estabilizados por nanoencapsulación por spray dryer y liofilización (en goma arábica y maltodextrina al 8%-16%). Las mejores características de solubilidad la fueron dadas por encapsulación por spray dryer. Derivados del clon CCN-51 presentaron el mayor desempeño citoprotectory antiparasitario. A16-160 e ICS 95-GA (nanoencapsulados en goma arábica), evidenciaron la mayor capacidad tripanocida (2X>Benznidazol) e índice de selectividad (87-333). Éstos también fueron los extractos de mayor cardioprotección, inmunomodulación [aumento interleucina (IL)-4 y restablecimiento IL-10, en células sanas; y elevación interferón gamma (IFN- γ), en macrófagos infectados] y antioxidación (incremento Superóxido Dismutasa Total (SOD-T) y Glutatión Reducido (GSH) en cardiomioblastos sanos; y disminución SOD-T, en infectados). Así, los extractos polifenólicos nanoencapsulados de *T. cacao* L estudiados demostraron potencial significativo como coadyuvantes para el manejo antiparasitario de ECh y el control del daño cardiaco, considerando sus propiedades anti proliferativas selectivas contra células infectadas y su capacidad para proteger cardiomiocitos sanos, contra estrés oxidativo, inflamación y muerte celular.

Financiado: Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación, Ministerio de Educación Nacional, Ministerio de Industria, Comercio y Turismo e ICETEX. Convocatoria Ecosistema Científico- Colombia Científica. Fondo Francisco José de Caldas, Contrato RC- FP44842-212-2018. Programa BioReto XXI 15:50. Vicerrectoría de Investigaciones de la Universidad de Santander. Convocatoria Interna de Proyectos de Investigación, Desarrollo Tecnológico e Innovación 2021-2022. Acta de Inicio CIF11-22.

Palabras clave: Antioxidante, extractos polifenólicos, inmunomodulador, *Theobroma cacao* L, *Trypanosoma cruzi*