



Vol. 46

ISSN 0304-3584 ISSNe 2145-7166

Suplemento 1, 2024

Instituto de Biología

MEMORIAS

IX

Reunión Colombiana
Leishmaniasis y enfermedad
de Chagas



UNIVERSIDAD
DE ANTIOQUIA

1803

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

IX REUNIÓN COLOMBIANA DE LEISHMANIASIS Y ENFERMEDAD DE CHAGAS Y XIX SIMPOSIO PECET: AVANCES EN LA INVESTIGACIÓN DE ENFERMEDADES TROPICALES

EDITORA

Ana María Mejía Jaramillo

DIAGRAMADOR

Hernán Andrés Hoyos Maya

CORRECTORES DE ESTILO

Sara M. Robledo

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

Victoria Eugenia Ospina Aristizabal

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

Ana Cristina Patiño Taborda

Grupo Estudios Preclínicos, Corporación de Innovación CIDEPRO, Medellín, Colombia

COMITÉ ORGANIZADOR

Presidente

Sara M. Robledo - Universidad de Antioquia

Vicepresidente

Iván Darío Vélez - Universidad de Antioquia

Vicepresidente

Felipe Guhl - Universidad de Los Andes

Coordinador de Programa Científico

Sara M. Robledo – Universidad de Antioquia

Coordinador de Comunicaciones y Logística

Ana Cristina Patiño – Corporación de Innovación CIDEPRO

COMITÉ CIENTÍFICO

Carlos Muskus - Universidad de Antioquia

Omar Cantillo Barraza - Universidad de Antioquia

Liliana López - Universidad de Antioquia

Marcel Marín Villa - Universidad de Antioquia

Harold Vargas - Universidad de Antioquia

Ligia Luz -Lilú- Corrales - Universidad de Antioquia

Andrés Vélez – Corporación de Innovación CIDEPRO

Laura Posada - Corporación de Innovación CIDEPRO

INSTITUCIONES ORGANIZADORAS DE SIMPOSIOS

Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM)

Equipos y Laboratorio de Colombia

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales de la Universidad de Antioquia

Fundação Oswaldo Cruz – FIOCRUZ

Gentech Biosciences

Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales del Ejército (GINETEJ), Dirección de Sanidad Ejército

ILMD Fiocruz-Amazonía

Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Universidad CES

Instituto de Biología, Universidad de Antioquia

Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas -BCEI- Universidad de Antioquia

Lifefactors

Merck

Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales -PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia

Universidad Cooperativa de Colombia, Sede Bucaramanga

Universidad del Atlántico

Universidad de Carolina del Sur

ALIADOS Y PATROCINADORES

AM Lab Tech

Corporación de Innovación CIDEPRO

Corporación de Ciencias Básicas Biomédicas, Universidad de Antioquia

DISMOL

Equipos y Laboratorio de Colombia

Fundación Universidad de Antioquia

Gen Products

Gentech Biosciences

ICETEX

ICOSAN

Isagen

Isla SAS

Lifefactors

Merck

NVPLab

Purificación y Análisis de Fluidos
Sede de Investigación Universitaria, SIU, Universidad de Antioquia

Suministros Hospitalarios Hernán Ochoa

Revista Actualidades Biológicas, Universidad de Antioquia

Vicerrectoría de Investigación, Universidad de Antioquia



RESÚMENES CONFERENCIAS MAGISTRALES

IX Reunión Colombiana
LEISHMANIASIS
y enfermedad de **CHAGAS**

XIX SIMPOSIO
PECET Avances en la
investigación de
enfermedades
tropicales

Unidos contra las enfermedades olvidadas



Centro de Investigaciones en
Microbiología y Parasitología
Tropical
CIMPAT
Universidad de los Andes



PECET
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales



**UNIVERSIDAD
DE ANTIOQUIA**

Facultad de Medicina

La Inteligencia Artificial: una nueva herramienta para el manejo de las Enfermedades Tropicales Desatendidas sobre el terreno

Carme Carrion

eHealth Lab Research Group, Estudios de Ciencias de la Salud, eHealth Center, Universitat Oberta de Catalunya (UOC)

*Presentador: mcarrionr@uoc.edu

Las enfermedades tropicales desatendidas (ETD) de la piel plantean un importante desafío para la salud mundial y requieren recursos sustanciales para su diagnóstico y tratamiento. La aplicación móvil SkinNTDs (OMS) tiene como objetivo capacitar a los profesionales de la salud para identificar y manejar las ETD de la piel. Esta aplicación en su versión 3 se encuentra disponible en los repositorios habituales. Resulta fundamental evaluar y validar la app antes de su implementación generalizada. Hemos realizado un primer estudio que evalúa la aplicación SkinNTDs V3 como herramienta de capacitación y apoyo a la toma de decisiones. Se realizó un estudio transversal en Ghana y Kenia (2020-2022). Se invitó a participar a diversos profesionales sanitarios que se seleccionaron mediante bola de nieve. Tras unos días de uso de la app, se recogió la valoración de los profesionales mediante el cuestionario validado de evaluación de aplicaciones móviles (uMARS). Paralelamente se llevaron a cabo entrevistas semiestructuradas. Se contó con un total de 60 participantes, quienes puntuaron la aplicación SkinNTDs con un valor global de 4,02/5, puntuación de calidad subjetiva de 3,79/5 y puntuación de impacto percibido de 4,42/5. No se identificó ninguna influencia estadísticamente significativa de las variables categóricas de los participantes en los resultados finales. Las respuestas de la entrevista (n=18) se alinearon con los resultados obtenidos y permitieron identificar espacios de mejora. Actualmente la app sNTD está incorporando nuevos elementos. Destaca la inclusión de algoritmos de inteligencia artificial (IA) que permiten ayudar en el diagnóstico de las ETD de la piel sobre el terreno. En estos momentos estamos llevando a cabo la evaluación de la usabilidad y fiabilidad de esta nueva versión de la app sobre el terreno en Kenia. Un total de 40 profesionales están utilizando la app durante su rutina asistencial. Toman fotos de las lesiones cutáneas y los algoritmos incluidos en la app les brindan posibles opciones de diagnóstico. Este resultado se comparará con el diagnóstico de dos dermatólogos expertos (patrón de oro). Así pues, la aplicación SkinNTDs versión 3 es bien valorada por los usuarios y tiene potencial para su uso en otros países que luchan contra las ETD de la piel. La inclusión de la IA ofrece nuevas potencialidades a la herramienta que pueden añadir mucho valor al manejo de las ETD en zonas endémicas.

Palabras clave: aplicación SkinNTDs, enfermedades tropicales desatendidas de la piel, inteligencia artificial, salud móvil

Fifteen years after the definition of *Trypanosoma cruzi* DTUs: What we learned and what we still don't know

Bianca Zingales

Instituto de Química, Departamento de Bioquímica, Universidade de Sao Paulo, São Paulo, Brasil

*Presentador: bszodnas@iq.usp.br

Trypanosoma cruzi, the protozoan causative of Chagas disease (ChD), exhibits striking genetic and phenotypic intraspecific diversity, along with ecoepidemiological complexity. Human-pathogen interactions lead to distinct clinical presentations of ChD. In 2009, an international consensus classified *T. cruzi* strains into six discrete typing units (DTUs), TcI to TcVI, later including TcBat, and proposed reproducible genotyping schemes for DTU identification. This lecture aims to review the impact of classifying *T. cruzi* strains into DTUs on our understanding of biological, ecoepidemiological, and pathogenic aspects of *T. cruzi*. I will explore the likely origin of DTUs and the intrinsic characteristics of each group of strains concerning genome organization, genomics, and susceptibility to drugs used in ChD treatment. I will also provide an overview of the association of DTUs with mammalian reservoirs, and summarize the geographic distribution, and the clinical implications, of prevalent specific DTUs in ChD patients. In this lecture, I will emphasize the crucial roles of both parasite and human genetics in defining ChD pathogenesis and chemotherapy outcome. I will discuss the possible causes of why, after 115 years of the discovery of ChD by Carlos Chagas, we still do not have a vaccine for this disease and why, after 60 years, Benznidazole remains the only drug available for its treatment.

Palabras clave: genetic and phenotypic intraspecific diversity, genome organization, genomics, human genetics, geographic distribution

Tropical Disease Research with Artificial Intelligence Tools

Elkin Echeverri-García

CEO La MousAI

*Presentador: eecheverri@gmail.com

Tropical Disease Research with Artificial Intelligence Tools Abstract: Neglected tropical diseases (NTDs) disproportionately burden low- and middleincome countries. This presentation explores the transformative potential of Artificial Intelligence (AI) across various facets of tropical disease research. We will delve into how AI LLMs like Gemini, ChaGPTo, Claude, Llama and other, empowers researchers in ecoepidemiology, entomology, molecular biology, immunology, and bioinformatics. Also discuss about create specific models of deep learning, for specific cases. This translates to accelerated product development (medicines, vaccines, diagnostics), improved prevention and control measures, and more effective treatments for NTDs. Finally, the concept of quantum computing is introduced and how it could help in research, in contrast to the capabilities of super computing, used until now in biological research.

Keywords: Artificial Intelligence, Tropical Diseases, Eco/epidemiology, Entomology, Molecular Biology, Immunology, Bioinformatics, Product Development, Prevention, Control, Treatment, Disease Mapping and Prediction



RESÚMENES CONFERENCIAS

IX Reunión Colombiana
LEISHMANIASIS
y enfermedad de **CHAGAS**

XIX SIMPOSIO
PECET Avances en la
investigación de
enfermedades
tropicales

Unidos contra las enfermedades olvidadas



Centro de Investigaciones en
Microbiología y Parasitología
Tropical
CIMPAT
Universidad de los Andes



PECET
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales



**UNIVERSIDAD
DE ANTIOQUIA**

Facultad de Medicina

Clinical Management of Cutaneous Leishmaniasis and Chagas Disease - An Experience from the United States and Review of Guidelines

Norman L. Beatty^{1,2}

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

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

*Presenter: norman.beatty@medicine.ufl.edu

Cutaneous leishmaniasis and Chagas disease are both neglected tropical diseases which are gaining attention and recognition in the United States (US). Both autochthonous transmission and imported cases from endemic regions of Latin America are encountered. Sand fly vectors of *Leishmania* have historically been identified and autochthonous cases of cutaneous leishmaniasis are being recognized among humans and other susceptible hosts in certain regions where the sand fly resides. More research is needed to understand the life cycle of *Leishmania* in the US and best practices for diagnosis and clinical management. *Trypanosoma cruzi* is commonly found among naturally residing triatomines (kissing bugs) in the US in at least 30 southern states. Autochthonous Chagas disease is being described consistently within regions where kissing bugs are invading homes or in areas where *T. cruzi* is found within sylvatic and peridomestic cycles. Chagas disease endemicity is being proposed within the US which is supported by new research in regions like Texas, Florida and the southwest. Cutaneous leishmaniasis and Chagas are also seen among those who travel to endemic regions within Latin America or those who have immigrated to the US. Clinical management of cutaneous leishmaniasis is primarily driven by the *Leishmania* species identified or region of acquisition of infection, stage and number of the lesions, and access to certain levels of health care. Acute and chronic Chagas disease management depends on the stage of disease and other factors related cardiac and/or gastrointestinal involvement. In this presentation we will discuss autochthonous cutaneous leishmaniasis and Chagas disease in the US. We also review the current guidelines for management of both these diseases and future directions needed to improve access to appropriate care and long-term management.

Keywords: autochthonous transmisión, endemicity, clinical management, sylvatic and peridomestic cycles

Genómica comparativa de aislados clínicos de *Leishmania* en Colombia mediante el uso de secuenciación Nanopore

Laura Natalia Gonzalez-Garcia^{1,*}, María Paula Rodriguez¹, Marcela Parra-Muñoz², Ana Clavijo², Laura Levy¹, Clemencia Ovalle-Bracho³, Claudia Colorado³, Carolina Camargo³, Eyson Quiceno⁴, Maria Juliana Moncada⁴, Carlos Muskus⁴, Daniel Alfonso Urrea⁵, Felipe Baez-Aguirre⁶, Silvia Restrepo^{1,6}, María Clara Echeverry², Jorge Duitama¹

¹Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia

²Universidad Nacional de Colombia – Sede Bogotá, Bogotá, Colombia

³Hospital Universitario Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta E.S.E., Bogotá, Colombia

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



⁵Universidad del Tolima. Ibagué, Colombia

⁶Boyce Thompson Institute, Ithaca, NY, USA

*Presentador: ln.gonzalez138@uniandes.edu.co

La leishmaniasis es una enfermedad transmitida por vectores que representa un importante problema de salud pública a nivel mundial. Esta parasitosis, considerada una antropozoonosis, muestra un amplio espectro de características clínicas y epidemiológicas asociadas a la diversidad genómica y el complejo ciclo de vida del parásito. Sin embargo, la diversidad genética de *Leishmania* en los escenarios naturales de transmisión es poco conocida. La mayoría de estudios existentes, han sido realizados con lecturas cortas de secuenciación, lo cual presenta dificultades en la resolución de repeticiones dentro del genoma y anotación de genes. Este estudio aborda la secuenciación y ensamblaje del genoma a nivel cromosómico de 10 aislados colombianos mediante secuenciación de lecturas largas por tecnología Nanopore. Los aislados incluyeron las especies *L. (V). braziliensis*, *L. (V). panamensis* y *L. (V). guyanensis*; y fueron analizados con herramientas de código abierto desarrolladas dentro de la plataforma NGSEP. El ensamblaje y anotación de los genomas mostró una alta conservación entre los genomas de las especies incluidas al evaluar el contenido génico y su sintenia. Sin embargo, el análisis pangenómico mostró una variación en el número de copias para diferentes familias de genes entre las especies. Con la reconstrucción del pangenoma, se evidenció un mayor número de copias de genes de la familia de las amastinas y mayor diversidad que los reportes basados en el análisis de datos de lectura cortas. Este trabajo proporciona recursos genómicos para continuar explorando la diversidad de *Leishmania* en Colombia, así como la evolución y mecanismos de resistencia a tratamientos. Adicionalmente, las metodologías empleadas pueden ser extrapoladas a parásitos circulantes en Colombia.

Financiación: Minciencias Patrimonio autónomo del Fondo Nacional de Financiamiento para la ciencia, la tecnología y la innovación Francisco José de Caldas. Contract 80740-441-2020].

Palabras clave: genoma, *Leishmania*, Nanopore, NGSEP, pangenoma

La hoja de ruta de la OMS para las enfermedades tropicales desatendidas. Retos y perspectivas

Gabriel Parra-Henao

Centro de Investigación en Salud para el Trópico, Universidad Cooperativa de Colombia, Santa Marta-Colombia

*Presentador: gabriel.parrah@ucc.edu.co

A pesar de los avances sustanciales que desde el año 2010 se han logrado en la prevención y control de las enfermedades tropicales desatendidas (ETDs) aún existen varias metas que no se han logrado cumplir a partir de la primera hoja de ruta. La nueva hoja de ruta planteada para el período 2021-2030 identifica brechas críticas y acciones necesarias para alcanzar los objetivos fijados para el año 2030, los cuales fueron establecidos mediante una consulta global. La experiencia de la última década demuestra que se requiere de la acción multisectorial para abordar de forma adecuada las 20 enfermedades y grupos de enfermedades tropicales desatendidas que la nueva hoja de ruta de la OMS plantea. Para esto se requiere de un esfuerzo y enfoque importante hacia el diagnóstico, monitoreo y evaluación, promoción y acceso y financiación de los programas. Por lo tanto, se

identifica que son necesarios objetivos ambiciosos y orientados al impacto para alcanzar los Objetivos de Desarrollo Sostenible (ODS) y de esa forma poder acelerar el control y la eliminación de las ETDs. La actual hoja de ruta pretende renovar el compromiso a través de acciones concretas propuestas dentro de plataformas integradas para la realización de intervenciones, y mejorar así el costo-efectividad de dichas intervenciones, su cobertura y el alcance geográfico de los programas. La hoja de ruta propone una estrecha coordinación y acción multisectorial e intersectorial que permita abarcar aspectos de lucha anti vectorial, saneamiento, sanidad animal y medioambiental y educación, maximizando así las sinergias necesarias para el éxito de los programas. La hoja de ruta para las ETDs es el segundo esfuerzo de la OMS para prevenir, controlar y donde sea posible, eliminar y/o erradicar algunas ETDs.

La hoja de ruta se enfoca en tres acciones importantes, a saber:

Acelerar la acción de los programas mediante una correcta planeación e implementación.

Propender por la intensificación de los enfoques transversales mediante la integración de las ETDs en plataformas comunes que combinen el trabajo conjunto para varias enfermedades.

Incidir hacia el cambio de los modelos operativos y la cultura para de esa forma facilitar la apropiación nacional así alinear los programas hacia el logro de las metas de la hoja de ruta 2021-2030.

Palabras clave: control, eliminación, enfermedades tropicales desatendidas, prevención



RESÚMENES SIMPOSIO

IX Reunión Colombiana
LEISHMANIASIS
y enfermedad de **CHAGAS**

XIX SIMPOSIO
PECET Avances en la
investigación de
enfermedades
tropicales

Unidos contra las enfermedades olvidadas



Centro de Investigaciones en
Microbiología y Parasitología
Tropical
CIMPAT
Universidad de los Andes



PECET
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales



**UNIVERSIDAD
DE ANTIOQUIA**

Facultad de Medicina

Simposio 1

Leishmaniasis y enfermedad de Chagas: historia, innovación farmacéutica y desafíos para la salud global

Moderador

Magali Romero Sá, Fundação Oswaldo Cruz - FIOCRUZ, Brasil

Organizador

Fundação Oswaldo Cruz - FIOCRUZ



Conexiones entre la enfermedad de Chagas y la leishmaniasis en Brasil

Jaime Larry Benchimol

Casa de Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz

*Presentador: jailabench@gmail.com

Existen vínculos entre la leishmaniasis y la enfermedad de Chagas en varios momentos de su historia, ya sea por ambas estarán relacionadas con Trypanosomatidae, o por las instituciones y trayectorias de hombres y mujeres que se dedicaron al estudio de estas enfermedades. Los primeros casos de leishmaniasis cutánea y mucocutánea autóctona en las Américas se describieron en 1909, pero fue solamente en 1934 que la leishmaniasis visceral surgió como un problema de salud pública en la región. La primera epidemia documentada de *calazar* (palabra entonces incorporada a la lengua portuguesa) estalló en el nordeste de Brasil, en los años 1950, y allí comenzó una campaña cuyo líder es también autor de la Historia Natural de la enfermedad de Chagas en Ceará (1987). En el Instituto Evandro Chagas, en la Amazonía brasileña, Lainson, Shaw y sus colaboradores comenzaron a estudiar la leishmaniasis en 1965, prestando atención a las zoonosis y al camino seguido por los parásitos desde los animales salvajes hasta los humanos y los animales domésticos. Lainson y sus colaboradores estudiaron el primer brote autóctono de enfermedad de Chagas en Belém, capital de Pará, planteando la hipótesis de que los pacientes habían adquirido la infección por vía oral. Estas cuestiones fueron debatidas en las reuniones anuales de Investigación Básica en Enfermedad de Chagas, realizadas casi siempre en Caxambu, Minas Gerais, desde mediados de la década de 1970. La creciente importancia de los grupos dedicados a la leishmaniasis llevó en 1997 a la bifurcación entre la XIII Reunión Anual de Investigación Aplicada sobre la Enfermedad de Chagas y 1er Encuentro de Investigación Aplicada sobre Leishmaniasis, en otra ciudad de Minas Gerais, Uberaba. Tales encuentros fueron fundamentales para la condensación de una masa crítica en estas dos importantes fronteras de la medicina tropical brasileña.

Financiación: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro – FAPERJ

Palabras clave: história de las leishmaniasis, Leishmaniasis y enfermedad de Chagas, interconexiones, circulación del conocimiento, instituciones, trayectorias profesionales en medicina tropical

Leishmaniosis: un viaje a través de la historia, la ciencia y la salud en Colombia

Cláudio de Oliveira Peixoto

Instituto Leônidas & Maria Deane - ILMD/Fiocruz Amazônia/ Universidade de São Paulo – USP

*Presentador: claudio.peixoto@fiocruz.br

Las leishmaniosis representan una amenaza significativa para la salud humana a escala global; sin embargo, siguen siendo en gran medida descuidadas en las agendas de salud pública nacional e internacional. En los últimos años, la endemia ha experimentado cambios en su patrón epidemiológico y se ha expandido geográficamente en los países de las Américas. En Colombia,

la propagación geográfica de las leishmaniosis, desde principios del siglo XX hasta la actualidad, revela una transformación de la enfermedad, inicialmente restringida a cuatro departamentos a fines del siglo XIX y actualmente endémica en casi todo el territorio colombiano, abarcando 30 de los 32 departamentos. Desde la década de 1980, ha habido un aumento exponencial en los casos de leishmaniosis notificados. Documentos y estudios recientes indican que los cambios en el perfil de las leishmaniosis están relacionados con factores como la migración, la urbanización, la deforestación y los conflictos armados. Los programas de control han enfrentado dificultades para contener la expansión geográfica y la creciente urbanización de la enfermedad. A pesar de representar un desafío sanitario significativo, la aproximación para abordar este problema parece ser distinta en las esferas de la producción de conocimiento y de la salud pública. En algunas regiones afectadas, los programas de control se implementan sin tener en cuenta las características sociales, económicas y demográficas locales. Aunque la OMS promueve el desarrollo de nuevos fármacos, el acceso a estos medicamentos sigue siendo precario, y el gobierno tiene dificultades para implementar medidas para frenar la expansión geográfica de la enfermedad. En este estudio, se están analizando las acciones de control realizadas por instituciones científicas y sanitarias desde finales del siglo XX, así como la producción del conocimiento sobre la distribución espacial de la leishmaniosis, sus vectores, especies de parásitos y hospederos. La investigación, de enfoque cualitativo y exploratorio, utiliza documentos y entrevistas para contextualizar la producción del conocimiento y las acciones de control realizadas por instituciones, organismos gubernamentales y otros actores sociales. El enfoque metodológico integra aspectos interdisciplinarios de los procesos histórico-sociales para analizar los trabajos teóricos, experimentales y prácticos más relevantes producidos en las principales instituciones de investigación en Colombia.

Palabras clave: leishmaniosis, historia de la leishmaniosis, producción del conocimiento, salud pública en Colombia, programas de control

Los bastidores de los proyectos de innovación farmacéutica internacional: ¿qué lecciones para los países endémicos?

Mady Malheiros-Barbeitas

Laboratoire Interdisciplinaire de Sciences Innovations Sociétés, Université Gustave Eiffel, Conseil National de Recherche Scientifique (CNRS) – Marne la Vallée, France

*Presentador: mady.unb@gmail.com

Las leishmaniases son un complejo de manifestaciones clínicas, también conocidas como enfermedades olvidadas o desatendidas que amenaza a 98 países y pone en riesgo a más de mil millones de personas. En Colombia, la leishmaniasis cutánea golpea fundamentalmente a campesinos, militares, trabajadores informales de la selva y a los perros, utilizados en la guerra y en acciones de desminado humanitario (Pinto García, 2022). El control de esta enfermedad constituye un desafío para los países del Sur en los campos de la salud pública, la innovación farmacéutica y la regulación del mercado de medicamentos. En el campo de la innovación farmacéutica, entre los años 1980 y 2000 se lanzaron numerosos proyectos y/o iniciativas de desarrollo de fármacos con el apoyo del programa de la OMS, el llamado *Special Programme for Research and Training in Tropical Diseases* (TDR). A partir de los años 2000 la organización DNDi, (Drugs for Neglected Diseases initiative) asume el liderazgo internacional de proyectos de

I+D farmacéutico para la leishmaniasis. ¿Pero lo qué cambió? ¿Cómo era la interacción entre la OMS, las compañías farmacéuticas y los Estados endémicos (centros públicos de investigación y Universidades)? ¿Cómo se impulsa en este momento los proyectos de innovación entre DNDi y compañías farmacéuticas en los países endémicos? A partir del ejemplo de la pomada Anfoleish para el tratamiento para la leishmaniasis cutánea, analizo la modalidad de innovación escogida por los actores y conocida en términos generales como alianza público-privada. Anfoleish fue un proyecto de desarrollo farmacéutico concebido entre DNDi, la Universidad de Antioquia y la empresa farmacéutica Humax entre 2014 y 2018. La pomada no atingió el nivel de eficacia satisfactorio en ensayos clínicos randomizados, pero pretendo ir mas allá de los simples resultados clínicos. Las preguntas a ser respondidas durante la conferencia son ¿Cuáles fueron las lecciones de la iniciativa Anfoleish al sistema de innovación colombiano? ¿Cómo esta iniciativa contribuyó para la autonomía o soberanía sanitaria colombiana?

Financiación: Global Research Institute of Paris (GRIP) – Université Paris Cité

Palabras clave: leishmaniasis, Anfoleish, alianza público-privadas, innovación farmacéutica

Lecciones del pasado. Políticas de soberanía sanitaria y autonomía tecnológica para el mercado de medicamentos en Colombia: una reflexión histórica

Víctor Manuel García

Departamento de Humanidades, Universidad El Bosque, Bogotá

*Presentador: vgarciag@unbosque.edu.co

Esta ponencia pone en perspectiva las iniciativas de innovación actuales y las inscribe en una corriente de más larga duración basada en los esfuerzos históricos del Estado colombiano, de la industria local y la academia por enfrentar enfermedades tropicales y otras de importancia para la salud pública colombiana. A partir del análisis de documentos históricos se problematiza la noción de soberanía sanitaria y sus configuraciones en tres momentos diferentes: uno en 1925 con la organización entre Fundación Rockefeller y Estado colombiano para fortalecer la producción de sueros y vacunas. Esa modalidad de innovación moviliza la filantropía internacional y el interés del Estado colombiano por dotarse de instrumentos de soberanía sanitaria. Segundo momento: 1962-1966 cuando, el Estado colombiano impulsa el mercado de medicamentos genéricos y se dota de una empresa con la cual esperaba copiar medicamentos en caso desabastecimiento o de sabotaje a su política farmacéutica nacional. Un tercer momento, a partir de la pandemia COVID 19 cuando al menos tres iniciativas se ponen en marcha: Una por la empresa VaxThera (grupo SURA en cooperación con Butantan y Universidad de Wisconsin) y otra por BogotáBio (alianza entre distrito de Bogotá y Sinovac) así como la iniciativa INS-y Vecol (laboratorio farmacéutico de productos veterinarios) para la producción de vacunas. ¿De qué manera esas iniciativas pueden responder a las necesidades de salud pública y de autonomía tecnológica en Colombia? ¿Qué lecciones se pueden sacar del pasado para comprender la emergencia de nuevos actores en estos dispositivos de innovación?

Palabras clave: Colombia siglo XX, historia, industria farmacéutica, medicamentos, vacunas

Simposio 2

Perspectivas investigativas en población militar con leishmaniasis cutánea

Moderador

Camilo Andrés Correa, Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales del Ejército (GINETEJ), Dirección de Sanidad Ejército, Colombia

Organizador

Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales del Ejército (GINETEJ), Dirección de Sanidad Ejército, Colombia



Situación epidemiológica de la leishmaniasis en Personal Militar Activo del Ejército Nacional, 2019 – 2023

Elizabeth Katherine Marquez-Alfonso

Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales del Ejército (GINETEJ), Dirección de Sanidad Ejército, Bogotá, Colombia

*Presentador: elizabeth.marquez@buzonejercito.mil.co

Dado que nuestro país cuenta con un clima selvático tropical, las enfermedades parasitarias transmitidas por vectores se convierten en un segundo enemigo para el personal militar que se desempeña en operaciones defensivas donde estas condiciones ambientales son predominantes, dentro de las principales afecciones encontramos la leishmaniasis. Durante el 2023 en Colombia se registraron 4.152 casos a nivel nacional de estos en Ejército Nacional se registraron 1.181 casos de leishmaniasis en Militares activos, el 28,3% de todos los casos presentados para este año, el 98,9% de los casos se diagnosticaron como Leishmaniasis Cutánea y en el restante 1,1% se registraron afección en mucosa. Aunque respecto al año anterior se presentó una disminución del 35,5% es la enfermedad parasitaria que más afecta a la población militar. Según la procedencia de casos encontramos en primer lugar al departamento del Meta con 179 casos lo que representa el 15,1% del total de la afectación, le sigue Antioquia con 170 casos correspondiente al 14,3%, Guaviare con 153 casos una proporción del 12,9%, Putumayo con 136 casos, una proporción del 11,5 % y Choco con 114 casos lo que corresponde a una afectación del 9,6%. Los casos de Leishmaniasis Mucosa se ubican en los departamentos del Meta con 4 casos, Guaviare con 4 casos, Antioquia con 3 casos, Putumayo con 2 casos y Vichada con 1 caso, manteniendo la tendencia de los departamentos con mayor número de casos de Leishmaniasis Cutánea en el 2023. En el reporte por municipio de procedencia, se ubica en primer lugar San José del Guaviare (Guaviare) que aporta el 73,8% (113) del total de los casos al departamento y el 9,5% a la totalidad del país, en segundo lugar está el municipio de Tierra Alta (Córdoba) que aporta el 76,1% al departamento y el 7,1% del país, en tercer lugar Valdivia (Antioquia) aporta al departamento el 44,1% (75) casos y al consolidado el 6,3%, en cuarto lugar Puerto Asís (Putumayo) aporta el 41,1% (59) y el 4,9% al país y en quinto lugar la Macarena (Meta) aporta al departamento el 29% (52) y el 4,4% de la totalidad de los casos del consolidado para el año.

Palabras clave: Leishmaniasis, Leishmaniasis Cutánea, Leishmaniasis Mucosa, Leishmania SPP., personal militar activo

Impronta, toma de muestra no invasiva en leishmaniasis cutánea: una experiencia operacional

Diego Alberto Chacón Pinilla

Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales del Ejército (GINETEJ). Laboratorio de Referencia de Investigación. Dirección de Sanidad del Ejército. Bogotá-Colombia

*Presentador: diego.chaconpinilla@buzonejercito.mil.co

La leishmaniasis cutánea es una de las enfermedades infecciosas con mayor incidencia en el Ejército

Nacional de Colombia la cual afectó a 1112 militares en el 2023. El diagnóstico oportuno de esta enfermedad es determinante para garantizar el tratamiento adecuado y disminuir su morbilidad y mortalidad. Por ello, en el 2019, el Laboratorio de Referencia e Investigación, de la Dirección de Sanidad del Ejército, validó la técnica de PCR por impronta en papel filtro para lesión ulcerativa en pacientes del Ejército Nacional de Colombia. Esta técnica no es invasiva, no requiere cadena de frío y su sensibilidad es superior a la del aspirado (90,1% vs 86,3%). Una vez validada, se capacitó al personal de Enfermeros Auxiliares, Bacteriólogos y Socorristas Militares iniciando su implementación en febrero de 2022. Al mes de mayo de 2024, se han procesado un total de 65 improntas representando un tercio (27.4%) de todo el diagnóstico por PCR de leishmaniasis cutánea. El origen de las muestras y su positividad (p), son: Brigada-16 de Yopal (n=11 p= 81.8%); Batallón de Infantería de San José de Guaviare (n= 7, p =0%); Batallón de Selva (n= 6 p= 83.3%); Brigada-11 de Montería (n= 6 p= 50%); Brigada-6 de Ibagué (n=6 p= 66.6%). Adicionalmente, se han procesado muestras de otros 18 establecimientos militares que no superan un número de tres pacientes (n= 29 p= 58.7%). La impronta apoyó el diagnóstico de 33 extendidos con un 100% de concordancia con frotis positivos y 51,5% con frotis negativos permitiendo corroborar casos de difícil diagnóstico. Únicamente se ha comparado tres muestras mediante Inmunofluorescencia (IFI) mostrando una concordancia del 40%. Finalmente, 17 pacientes cuentan exclusivamente con la impronta como diagnóstico, con una positividad del 64,7% siendo necesario su corroboración mediante otras pruebas. El método de PCR por impronta ha demostrado ser una herramienta útil para el apoyo del diagnóstico de la leishmaniasis cutánea y ha recibido una gran acogida en batallones aislados donde las herramientas de diagnóstico son limitadas. Se considera necesario seguir capacitando al personal militar y de salud para seguir empleando este método como apoyo al diagnóstico de leishmaniasis cutánea.

Palabras clave: impronta, diagnóstico, leishmaniasis cutánea, PCR, salud militar

Evaluación del comportamiento de laboratorio durante el seguimiento al tratamiento para leishmaniasis en una cohorte de militares, Colombia

Cindy Lorena Albarracin-Avila¹⁻², Yariela Jenessa Acevedo¹, Karen Andrea Soto-Cortes¹, Katherine Contreras-Acosta¹

¹FETP, Field Epidemiology Training Program, nivel avanzado, Instituto Nacional de Salud. Bogotá-Colombia

²Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales del Ejército (GINETEJ), Laboratorio de Referencia e Investigación, Dirección de Sanidad Ejército, Bogotá, Colombia

*Presentador: cindy.albarracin@buzonejercito.mil

El Ejército Nacional conduce operaciones militares orientadas a defender la soberanía y la integridad territorial, tiene características propias como la alta movilidad, exposición ocupacional en áreas endémicas que incrementan la probabilidad de desarrollar enfermedades transmitidas por vectores. La Leishmaniasis es la que presenta mayor incidencia, con 85 casos por cada 10 000 militares; a semana epidemiológica 14 de 2022 se registró una prevalencia de 32,6%. Como objetivo se planteó describir y analizar las características sociodemográficas, conocimientos de medidas de prevención y paraclínicos de seguimiento en pacientes con tratamiento para Leishmaniasis. Dentro de las pruebas estadísticas se realizó Shapiro-Wilk, test de Levene y el t-test ajustado por Welch

para el cálculo de la diferencia de medias de los paraclínicos del primer, segundo y último control entre los grupos de tratamiento. Se revisaron un total de 84 historias clínicas que cumplieron con la definición de caso, de las cuales 20 fueron excluidas, dentro de los resultados se encontró población masculina con edad media 28 años (DE:7,3), provenientes con mayor frecuencia de Guaviare (n=17, 26,6 %) y Putumayo (n=13, 20,3 %). Los pacientes que recibieron Pentamidina presentaron un aumento en la creatinina y BUN de 25 mg/ (p<0,001), y 7,11 mg/dl (p<0,001) entre primer y tercer control respectivamente. En cuanto a la función hepática, se evidenció un incremento significativo en la fosfatasa entre el primer y segundo control (p=0,01) con 6 UI/L de diferencia, y el primer y último control (p=0,017) con 23,11 UI/L para los que recibieron Glucantime. Asimismo, se presentó un aumento en el primer y segundo control (p=0,001) en la amilasa en los resultados para ambos tratamientos, Glucantime de 31,6 U/L y en Pentamidina de 7,22 U/L. Se logro concluir que existen diferencias estadísticamente significativas entre las líneas de tratamiento Glucantime y Pentamidina, con alteraciones a nivel hematológico, renal, hepático y pancreático. Las diferencias estadísticamente significativas de las líneas de tratamiento entre el primer control y la terminación del tratamiento se presentaron a nivel renal y hepático. El desarrollo de esta investigación demuestra la importancia de realizar los controles indicados en los lineamientos para la atención clínica integral de Leishmaniasis en Colombia.

Palabras clave: glucantime, leishmaniasis, paraclínicos, pentamidina

Experiencias con el uso de glucantime intralesional en Leishmaniasis Cutánea en un centro de atención en Colombia

Claudia Lorena Cano-Cuadros

Medico dermatóloga, Centro de Recuperación de Leishmaniasis, Ejército Nacional, Colombia

*Presentadora: claudia.canocu@buzonejercito.mil.co, claudika123@gmail.com

La Leishmaniasis es una enfermedad vectorial causada por protozoos del genero leishmania, endémica en casi todo el territorio nacional. De las tres formas de presentación clínica sigue siendo la Leishmaniasis cutánea la forma más frecuente en Colombia con una incidencia de 42,89 casos por 100 000 habitantes de los cuales el 75% son hombres, siendo esta la enfermedad parasitaria que más afecta al personal militar activo. Para noviembre del año 2023 se creó la guía para la administración de terapia intralesional con antimonio de meglumina como tratamiento de primera línea en Leishmaniasis cutánea por parte del ministerio de salud y protección social en Colombia, para lesiones que cumplan con las indicaciones específicas, las cuales fueron implementadas en el Centro de Recuperación de Leishmaniasis localizado en Bonza Boyacá y destinado para el tratamiento específico de esta patología en el personal militar activo del Ejército Nacional procedente de todas las regiones del país desde el 01 de diciembre del 2023. A partir de su implantación a fecha 10 de junio del 2024, hemos tenido un total de 55 pacientes tratados con antimonio de meglumina intralesional, de los cuales 77% (n:42) presentaron curación completa, 14% (n:08) falla terapéutica y 9% (n:05) aún se encuentran en observación. Se observaron efectos adversos locales en 06 pacientes de los 55 tratados siendo el edema, eritema y calor los principales efectos reportados seguidos de parestesias, 01 paciente presento signos locales de sobreinfección que conllevó a la suspensión del esquema. Hasta el momento no se han reportado efectos adversos sistémicos asociados. En general consideramos la terapia intralesional como una terapia segura

con adecuada respuesta clínica, desconocemos aún los efectos adversos a largo plazo dado el corto tiempo de observación más sin embargo se continuará la observación clínica y estudios posteriores para evaluar los mismos.

Palabras clave: antimonio de meglumina, terapia intralesional

Avances preliminares en la detección de Leishmania RNA Virus 1 (LRV-1) en lesiones de leishmaniasis cutánea en población militar colombiana: ¿posible factor de virulencia?

Camilo A. Correa-Cárdenas, Diego A. Chacón, Claudia Cruz, Carolina Oliveros, Julie Pérez, Carolina Avella, Carlos D. Daza, Lorena Albarracín, Elizabeth K. Márquez, Maria T. Alvarado, Frank D. L. S. Ortiz, Pilar Ruiz, Vanessa Herrera
Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales del Ejército (GINETEJ), Laboratorio de Referencia e Investigación, Dirección de Sanidad Ejército, Bogotá, Colombia.

*Presentador: camilo.correacardenas@buzonejercito.mil.co; camilocc510@gmail.com

En los últimos 5 años se han reportado más de 9000 casos de Leishmaniasis en personal militar activo en Colombia, de los cuales el 35.7% (más o menos 632 casos anuales) han mostrado alguna resistencia al tratamiento con antimonio de meglumina (glucantime), aumentando exponencialmente los costos en su recuperación y la incapacidad de dicho personal, debilitando el pie de fuerza en el área de operaciones. En estudios realizados en países de la región y en Colombia, la presencia de Leishmania RNA Virus (LRV-1) en parásitos del protozoo *Leishmania* spp aislados de pacientes, se ha sugerido como uno de los factores de la falla terapéutica y la virulencia del parásito. Con el objetivo de determinar la distribución espacial, prevalencia y factores de virulencia de Leishmanivirus y su relación con el éxito del tratamiento farmacológico, se tomaron muestras por aspirado y frotis en las lesiones de 169 pacientes provenientes del centro de leishmaniasis en Bonza (Boyacá) próximos a iniciar 1er esquema de glucantime, así como pacientes que van a iniciar 2do esquema con glucantime, pentamidina o Anfotericina B liposomal del Batallón de Sanidad BASAN y/o el Hospital Militar Central de Bogotá, seguido de extracciones de ADN y preparación del cultivo de *Leishmania* spp en medio Novy-MacNeil-Nicolle [NNN]/Shneider a partir del material aspirado. Se amplificaron y secuenciaron por Sanger los genes *Cytb* y *HSP70* de *Leishmania* spp para la identificación molecular y análisis filogenéticos. Las extracciones de ARN se realizaron a partir de los frotis de las lesiones y parásitos cultivados para efectuar un diagnóstico de tamizaje del LRV-1 a través de RT-qPCR, así como la secuenciación genómica del LRV-1, haciendo uso de la plataforma tecnológica MinION Mk1B (Oxford Nanopore Technologies). Los resultados preliminares de este estudio evidencian una alta relación de la prevalencia del LRV-1 en pacientes infectados por *L. braziliensis* y *L. guyanensis*, sugiriendo que su presencia contribuye a la falla terapéutica en personal militar colombiano que es tratado con medicamentos de 1ra línea (Antimonio de Meglumina) y 2da línea (Antimonio de Meglumina / Isetionato de Pentamidina / Anfotericina B Liposomal). Las implicaciones de estos resultados serán discutidas, y permitirán al equipo GINETEJ hacer parte de la red nacional de vigilancia genómica de microorganismos emergentes, liderado por el Instituto Nacional de Salud mediante la adquisición de un equipo de tecnología de punta.

Financiación: Dirección de Ciencia y Tecnología (DITEC) del Comando de Educación y Doctrina

(CEDOC), Ejército Nacional de Colombia, Ministerio de Defensa a través de la convocatoria interna de investigación científica y tecnológica, enfocada a las capacidades requeridas por la fuerza, vigencia 2022, No. matrícula interna 003/2023.

Palabras clave: diagnóstico molecular, factores de virulencia, Leishmaniavirus (LRV-1), RT-qPCR, vigilancia genómica

Simposio 3

Nuevas herramientas de diagnóstico para la leishmaniasis y enfermedad del Chagas

Moderador

Roberto García, Universidad del Atlántico, Barranquilla, Colombia

Organizador

Universidad del Atlántico, Barranquilla, Colombia



Nuevas técnicas diagnósticas: Modelo de apoyo diagnóstico para la enfermedad de Chagas por Bioespectroscopia y análisis multivariado

Alejandra Zambrano^{1,2}, Roberto García¹, Jorge Trilleras¹, Victoria A. Arana¹, De Lima, Kassio M.G², Ana C.O. Neves², Carlos Carmona³

¹Doctorado en Medicina Tropical, Universidad del Atlántico, Carrera 30 Número 8- 49 Puerto Colombia – Atlántico, Colombia.

²Institute of Chemistry, Federal University of Rio Grande do Norte, Natal, RN, 59072-970, Brazil.

³Laboratorio de Salud Pública Departamento del Atlántico, CL 40 No. 45 46, Barranquilla Colombia.

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

La enfermedad de Chagas, causada por el parásito protozoo flagelado *Trypanosoma cruzi*, es endémica en 21 países de América Latina. En Colombia, esta enfermedad está incluida en el SIVIGILA, con la notificación de casos agudos y crónicos, adicional se cuenta con la vigilancia de la transmisión congénita en el binomio madre-hijo y se trabaja de manera intersectorial. En este estudio, se propone el uso de la técnica de Bioespectroscopia FTIR-ATR combinada con análisis multivariado para identificar la enfermedad de Chagas con base a la muestra de plasma sanguíneo, pacientes positivos (n=50) y control o negativas (n=70). Debido a que los espectros obtenidos por el Espectrofotómetro de las muestras de plasma sanguíneo de los pacientes, aporta mucha información bioquímica que dificulta su interpretación. Por tal motivo, es conveniente utilizar los algoritmos que ayuden y faciliten la interpretación. Los algoritmos considerados a aplicar: Análisis de Componente Principal (PCA) con la finalidad de reducir la dimensionalidad de los datos, seguido de algoritmo de proyecciones sucesivas y algoritmo Genético (SPA y GA), estos también reducen los datos, pero en especial lo hacen seleccionando variables que discriminan clases, combinados con análisis discriminante lineal (LDA) y Análisis Discriminante cuadrático QDA, para separar de manera máxima las clases a través de la relación de varianza entre las clases y dentro de las clases, obteniendo los algoritmos (PCA-LDA, SPA-LDA, GA-LDA, PCA-QDA, SPA-QDA y GA-QDA). Adicional exploraremos el algoritmo no lineal, máquinas vectores de soporte (SVM), combinado con PCA-SVM, SPA-SVM y GA-SVM, debido a que puede discriminar datos complejos con bajo riesgo de sobrevaloración. Los datos espectrales se tomarán en la región de la huella biológica de 1900 -1000 cm⁻¹, en los pre procesamientos se usará PLS Toolbox versión (Eigenvector Research, Inc., E.E. UU). Se procederá a realizar las rutinas de los análisis multivariados propias del grupo de investigación QBQ, en la Universidad Federal de Rio Grande del Norte (UFRN-Brasil) usando el entorno de MATLAB 2022a Update 7 9.12.0.2327980 (Math Works, Inc E.E.UU) (UA-Colombia). Las muestras serán separadas en grupo calibración (70%), validación 15%, Test (15%). Usando el algoritmo Kennard-Stone (KS). Seguido a los análisis, continua los modelos de validación con los parámetros de calidad para las muestras de prueba. Sensibilidad, Especificidad, Accuracy, F-Score y AUC.

Palabras clave: Análisis multivariado, Bioespectroscopia, Chagas, FTIR-ATR

Magnitud de la enfermedad de Chagas en los municipios endémicos del departamento del Huila

Carlos Carmona-Patiño, Pedro Reyes-Gaspar, José Domingo-Alarcon, Lisímaco Vallejo-Cuellar

Ciencias de la Salud, Universidad Surcolombiana, Neiva-Colombia

*Presentador: cacarmona80@hotmail.com

La Enfermedad de Chagas es considerada como un problema de Salud Pública y emergente a nivel mundial que afecta de 5,7 a 7 millones de personas, en América Latina genera 12,000 a 14,000 casos fatales, estimando una infección anual de medio millón de personas, donde el 60% es población infantil con una mortalidad del 10 al 15% en fase aguda de la enfermedad centrándose en 21 zonas endémicas. En Colombia más de un millón de habitantes son seropositivos identificados principalmente en los bancos de sangre con una prevalencia entre 1,2 y del 7,2%. Se realizó un estudio observacional analítico de corte transversal con análisis probabilísticos, cálculo y ajustes de tasas, porcentajes de cambio relativo y comparaciones de medianas, infiriendo en una perspectiva más profunda de la enfermedad en la población en riesgo, diseñando un modelo multivariado que determinó las variables asociadas a la Enfermedad de Chagas. Con las fuentes de datos secundarias se estableció el comportamiento de la morbimortalidad de la EC midiendo las tasas ajustadas durante los años 2009 a 2021, con una probabilidad del 63,2% de presentar de 13 a 23 casos de la EC en el próximo periodo, se encontraron diferencias significativas entre las tasas y las zonas de Occidente-Norte, Sur-Norte y el departamento; con las fuentes de datos primarias se encuestaron y tamizaron a 1.591 participantes observando una seroprevalencia del 1,45% (IC 0,85-2) en el departamento, con prevalencias altas en los municipios de Tello, Campoalegre, Baraya, Palermo y Garzón. El departamento del Huila tiene una alta probabilidad de presentar casos de EC, principalmente en los municipios que muestran una tendencia al incremento en su prevalencia; asociando factores de riesgo a la EC como fueron: Curso de vida en la vejez, residir en el municipio de Tello, pertenecer a una etnia indígena, ganar menos de un SMLV, haber sido picado antes por el vector, no donar sangre, no utilizar toldillos, vivir cerca de un río, nunca limpiar los gallineros y no tapar los alimentos; determinando la probabilidad de presentar la enfermedad en un 99% relacionados a estos factores.

Palabras clave: enfermedad de chagas, epidemiología, modelos estadísticos, seroprevalencia *Trypanosoma cruzi*

Experiencias en la detección de *Trypanosoma cruzi* durante un brote de Chagas con transmisión oral en población escolar en el departamento de Sucre

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

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

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

³Laboratorio de Salud Pública del Cesar.

*Presentador: alveioperez@gmail.com

Durante la ocurrencia de un brote de enfermedad de Chagas con casos agudos en población escolar registrado en El Roble, Sucre entre 2019-2020 se emplearon técnicas parasitológicas y herramientas de Biología Molecular para detección y tipificación del linaje genético infectante de *Trypanosoma cruzi*. En el estudio epidemiológico se incluyó población escolar sintomáticas y asintomáticas (previo asentimiento y consentimiento informado firmado por padres o tutores legales), se realizó vigilancia entomológica mediante y se capturaron vertebrados sinantrópicos. La detección de *T. cruzi* se realizó mediante frotis sanguíneos de gota gruesa, hemocultivos y PCR usando tres dianas diferentes: dos ubicadas sobre secuencias repetitivas de una región microsatélite del ADN nuclear, empleando los cebadores TCZ1 y TCZ2 y los cebadores Cruzi1 y Cruzi2, y una tercera diana ubicada en el minicírculo del kinetoplasto, con los cebadores 121 y 122. Como control interno se amplificó el gen que codifica para Beta-actina con los cebadores Actin-FWD y Actin-REV. Como control positivo se usó ADN de una cepa de *T. cruzi* de *Didelphis marsupialis* obtenida en previos estudios realizados en el departamento de Bolívar, como control negativo se usó ADN humano libre de infección y ADN de *Leishmania infantum* aislado de caninos del municipio de Ovejas. La tipificación del linaje de los parásitos se realizó por PCR-secuenciación de la región V7V8 del gen que codifica para la subunidad pequeña del ARN ribosomal 18S (SSU rRNA) empleando los cebadores 609F y 706R y una región del gen glicosomal gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa (gGAPDH), con los cebadores GAPTRY-F y GAPTRYr-R, las secuencias fueron analizadas con secuencias de referencia de los linajes disponibles en GenBank. Como resultado del análisis de los frotis sanguíneos de gota gruesa se encontró una tasa de infección por *T. cruzi* del 11,76% (N: 8/68) en la población escolar analizada, mientras que por hemocultivo se estimó en 14,71% (N: 10/68) y por métodos de PCR arrojó un valor del 16,18% (N: 11/68), mostrando diferencias entre los diferentes métodos empleados, incluso entre los basados en PCR. En cuanto a la tipificación de los parásitos, seis cepas aislados de los pacientes fueron caracterizadas como *T. cruzi* linaje I (TcI), mientras que un aislado de *D. marsupialis* se identificó como *T. rangeli* Linaje C. en el estudio entomológico se encontró que *Rhodnius pallescens* fue la única especie de triatomo encontrada en la estrategia comunitaria, la tasa de infección natural por *T. cruzi* fue del 59,5% (N: 22/37), la infección se encontró en machos y hembras de todos los estadios, observándose una mayor prevalencia en la fase adulta. En conclusión, los métodos empleados en la detección de *T. cruzi* mejoran su efectividad cuando se usan en combinación, esto sucede al interior de los métodos parasitológicos, como entre los basados en biología molecular. Por otra parte, el aislamiento y tipificación de *T. cruzi* linaje TcI y *T. rangeli* TrC en hospedadores humanos y sinantrópicos y la presencia y alta frecuencia del parásito en los vectores implica la posibilidad de un ciclo enzoótico de transmisión en El Roble y aumenta la complejidad del diagnóstico de ChD en la zona.

Palabras clave: Chagas oral, gota gruesa, hemocultivos, infección natural, PCR, *T. cruzi* linaje TcI, *T. rangeli* TrC, *Rhodnius pallescens*

Simposio 4

Reservorios de tripanosomátidos

Moderador

Jeiczon Jaimes-Dueñez, Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia (UCC), Bucaramanga, Colombia

Organizador

Universidad Cooperativa de Colombia (UCC), Bucaramanga, Colombia



Desafíos en el diagnóstico por Tripanosomátidos en vertebrados y perspectivas

André Luiz Rodrigues-Roque

Laboratório de Biologia de Tripanosomatídeos, Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro-Brasil

*Presentador: roque@ioc.fiocruz.br

Los tripanosomátidos son parásitos obligados que cada vez se consideran más generalistas. Se han observado nuevas especies e infecciones por especies de *Trypanosoma* consideradas durante mucho tiempo especialistas en diferentes órdenes e incluso clases de vertebrados, un fenómeno conocido como “*spillover*”. También se han descrito infecciones en mamíferos por parásitos considerados monoxenicos para los insectos e incluso por protozoos considerados de vida libre. En este escenario de diversidad y ruptura de paradigmas, el diagnóstico de estas infecciones en fauna silvestre debe considerar infecciones mixtas y abordarse desde diferentes perspectivas: parasitológica, serológica y molecular. El diagnóstico parasitológico puede indicar la competencia del huésped para ser fuente de infección para el vector. El diagnóstico serológico demuestra la presencia del parásito en las zonas donde circulan estos huéspedes, y la ausencia de reactivos comerciales para la mayoría de las especies constituye el mayor desafío. El diagnóstico molecular es una herramienta muy sensible y específica, pero en el caso de los tripanosomátidos debe siempre asociarse al análisis de secuencias obtenidas en reacciones de PCR. En esta charla se discutirán las ventajas, desventajas, limitaciones y cómo interpretar los diferentes abordajes metodológicos.

Financiación: FAPERJ y CNPq.

Palabras clave: diagnostico, parasitologia, PCR, serología, tripanosomátidos

Chagas oral en Colombia, ¿qué sabemos de los mamíferos involucrados?

Omar Cantillo-Barraza

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

*Presentador: Omar Cantillo

La enfermedad de Chagas (EC) sigue siendo endémica en muchas regiones de Colombia a pesar de la implementación de estrategias de control vectorial que han logrado la eliminación de la transmisión por *R. prolixus* intradoméstico en más de 70 municipios de 10 departamentos en los últimos 10 años. Si bien en algunas regiones se ha producido una disminución significativa de la transmisión vectorial, en otros lugares el reporte de casos asociados con la ingestión oral a través del consumo de alimentos y bebidas contaminados con de *Trypanosoma cruzi* es cada vez más común. Esta forma de transmisión tiene una importante relevancia para la salud pública en Colombia debido al aumento de casos de EC aguda reportados y a las manifestaciones clínicas que a menudo conducen a una morbilidad y mortalidad significativas. La EC oral en Colombia se ha

asociado al consumo de zumos de fruta contaminados, como el vino de palma, el zumo de caña de azúcar o mandarina y el agua para consumo, o a superficies contaminadas donde se han preparado alimentos. Otra vía interesante de transmisión está asociada a prácticas de medicina tradicional entre las que se destaca la ingestión de sangre de armadillos infectados para tratar afecciones respiratorias como el asma. Algunos estudios han señalado el consumo de carne de animales silvestres infectados como fuente de transmisión, pero esta cuestión sigue siendo objeto de debate. Dentro de la cuenca del Amazonas, la transmisión oral se considera ahora la principal causa de EC aguda en estas regiones. Además, se están observando nuevos casos de EC aguda en departamentos en los que no se había documentado la EC y en los que los triatominos vectores no se encuentran de forma natural, lo que hace sospechar de una transmisión oral. La EC oral también podría considerarse una zoonosis de transmisión alimentaria y las secreciones odoríferas de didélfidos se han implementado en la contaminación del entorno de la vivienda humana, aumentando el riesgo de consumo de tripomastigotes metacíclicos infecciosos. En este trabajo, discutiremos la compleja dinámica de transmisión de la EC oral en Colombia y examinaremos la fauna de mamíferos que han sido incriminados en focos de transmisión oral en Colombia.

Palabras clave: reservorios, fauna, chagas agudo, transmisión alimentaria

El papel de los murciélagos en la transmisión de Tripanosomatídeos en los Llanos de Colombia

Plutarco Urbano¹, Carolina Hernández^{2,3}, Karen Barragán¹, Juan David Ramírez^{2,4}

¹Grupo de Investigaciones Biológicas de la Orinoquia, Universidad Internacional del Trópico Americano (Unitrópico), Yopal, Colombia.

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

³Centro de Tecnología en Salud (CETESA), Innovaseq SAS, Bogotá, Colombia.

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

*Presentador: plurbanus@gmail.com

Los quirópteros desempeñan un papel crucial en el equilibrio ecológico al actuar como polinizadores y controladores de plagas. Su capacidad para dispersar semillas contribuye a la biodiversidad y salud de los ecosistemas. Adicionalmente, este grupo de mamíferos pueden desempeñar un importante rol en la propagación de patógenos al ser reservorios de diversos virus y parásitos. Al mismo tiempo, su capacidad de vuelo y migración contribuye a la dispersión geográfica de estos agentes patógenos. En ese contexto, el objetivo de esta investigación fue identificar el rol de los quirópteros en el mantenimiento y dispersión de tripanosomatidos y sus implicaciones eco-epidemiológicas en los llanos de la Orinoquia colombiana. Para ello, se realizaron muestreos en ecosistemas naturales y antropogénicos en distintos sitios del departamento. Las capturas fueron realizadas con red de niebla y se tomaron muestras de sangre con volúmenes máximos de 300 μ L, dependiendo de la condición reproductiva, tamaño y edad del individuo. Se utilizó qPCR y cebadores específicos para la detección de Tripanosomatídeos y la identificación de unidades de tipificación discretas. Se identificó que las especies de murciélagos están principalmente infectadas con *T. cruzi* (92%) y en menor proporción con *Leishmania* (8%). Se registró una igual proporción de

infecciones tanto en ecosistemas naturales como en áreas fragmentadas. Estos hallazgos, permiten inferir el alto riesgo de transmisión de Chagas o Leishmaniasis en estas zonas, dado que muchas especies pueden actuar como reservorios, manteniendo y propagando los parásitos causantes de estas enfermedades. Además, su capacidad de vuelo y su condición sinantrópica, en muchos casos, amplía la distribución geográfica de los patógenos, generando un riesgo latente de infección para la vida humana y animal en estos ecosistemas. Además, la interacción de murciélagos con otros animales y vectores puede intensificar la transmisión de parásitos, lo cual resalta la importancia de entender su ecología para abordar eficazmente estas amenazas.

Financiación: Dirección de Investigación e Innovación de la Universidad del Rosario, Colombia, Universidad de los Andes, Colombia (proyecto INV-2021-126-2265) y MinCiencias, proyecto número 143889685192-2021.

Palabras clave: bosques, Llanos orientales, reservorios, Tripanosomátidos, *T. cruzi*

Reservorios de tripanosomatideos ¿Qué hemos encontrado en el Área Metropolitana de Bucaramanga – Santander?

Jeiczon Jaimes-Dueñez^{1*}, Angela Jiménez-Leaño¹, Ian Sebastián Murcia-Cueto¹

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

*Presentador: jeiczon.jaimes@campusucc.edu.co

La enfermedad de Chagas y la leishmaniasis son enfermedades zoonóticas de gran importancia en América. Los cambios ecológicos han incrementado las poblaciones de reservorios y vectores, lo que representa un riesgo para las poblaciones humanas. Nuestro grupo de investigación ha realizado varios estudios ecoepidemiológicos de la infección por tripanosomatidos en reservorios domésticos y silvestres, incluyendo perros, zarigüeyas y mascotas exóticas en el Área Metropolitana de Bucaramanga (AMB). Durante el período de 2019 a 2020, llevamos a cabo un estudio serológico y molecular de la infección por *Trypanosoma cruzi* y *Leishmania* spp. en 215 perros del AMB. Los resultados mostraron una tasa de seropositividad del 27,9% para *T. cruzi*, con un 43,3% de estas muestras positivas en la PCR anidada. El análisis estadístico indicó que la seropositividad a *T. cruzi* estaba asociada con sectores socioeconómicos específicos y la falta de recolección de basura en estas zonas ($P < 0,05$). Para *Leishmania* spp., el 17,8% de los perros dieron positivos para anticuerpos en la prueba de IFAT, y el 4,3% fueron positivos para *L. infantum* por PCR. Los análisis multivariados sugirieron que los albergues caninos y los perros con signos clínicos comúnmente asociados con la leishmaniasis tenían una mayor prevalencia de infección ($P < 0,05$). Por otro lado, entre el 2023 y 2024, se analizaron 70 ejemplares de *D. marsupialis* provenientes del AMB. La frecuencia de infección fue del 14% para *T. cruzi* mediante métodos moleculares, siendo todas las muestras positivas al genotipo TcI. Finalmente, durante el 2024, nuestro grupo informó del primer caso de infección por *T. cruzi* en un erizo africano (*Atelerix albiventris*) en Bucaramanga. El examen anatomopatológico reveló cambios significativos en varios sistemas, con la qPCR confirmando la presencia del genotipo TcI en múltiples órganos. En conclusión, la presencia de infecciones activas por *T. cruzi* y *L. infantum* en mamíferos silvestres, domésticos y animales exóticos evidencia un ciclo autóctono de estas infecciones en el AMB. Esto sugiere un alto



riesgo de transmisión zoonótica cuando la población humana entra en contacto con estos animales, y la posibilidad de la ocurrencia de brotes cuando la población de vectores se incrementa.

Palabras clave: ADN, Chagas, leishmaniasis visceral, PCR, reservorios

Simposio 5

Biomarcadores de *Trypanosoma cruzi* con uso potencial para el diagnóstico y tratamiento de la enfermedad de Chagas

Moderador

Miryan Margot Sánchez, ICMT -Instituto Colombiano de Medicina Tropical- Universidad CES, Sabaneta, Colombia

Organizador

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



Identificación de biomarcadores asociados con la diferenciación de *Trypanosoma cruzi* como potenciales blancos terapéuticos

Paola García-Huertas, Yesid Cuesta-Astroz, Juan David Ospina-Villa, Nora Cardona-Castro

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

*Presentador: pgarciah@ces.edu.co

El parásito *Trypanosoma cruzi* sufre diferentes cambios durante su ciclo de vida para adaptarse a las condiciones del insecto vector y del hospedero mamífero. Dentro de estos cambios, la diferenciación conocida como metacicloogénesis es una de las más importantes, debido a que implica el paso de epimastigotes a tripomastigotes metacíclicos. En esta diferenciación, el parásito en la forma de tripomastigote metacíclico, adquiere la habilidad de infectar una variedad de especies de mamíferos, incluyendo a los humanos. Para identificar los genes que puedan estar relacionados con la metacicloogénesis, se analizó el transcriptoma de tripomastigotes metacíclicos y de epimastigotes. Brevemente, se realizó la inducción de la metacicloogénesis *in vitro* para obtener los tripomastigotes metacíclicos. Se secuenció por triplicado el mRNA de tripomastigotes metacíclicos y de epimastigotes para identificar cambios en la expresión de genes. 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 metacicloogénesis. 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. Posteriormente, se seleccionaron 5 genes sobre-expresados para identificar compuestos afines a su proteína, mediante análisis de acoplamiento molecular o docking. Aún no se tienen resultados definitivos, sin embargo, se esperan identificar compuestos promisorios para validar la actividad contra el parásito *T. cruzi* en estudios *in vitro*. Los resultados obtenidos en este trabajo generan nuevo conocimiento sobre la biología de *T. cruzi* y la identificación de biomarcadores como potenciales blancos terapéuticos. Esta información podría, a futuro, contribuir con la investigación para mejorar el tratamiento de la enfermedad de Chagas y la calidad de vida de los pacientes.

Palabras clave: biomarcadores, diferenciación, metacicloogénesis, transcriptoma, *Trypanosoma cruzi*

Biomarcadores de *Trypanosoma cruzi* con uso potencial para el diagnóstico y tratamiento de la enfermedad de Chagas

Juan David Ospina-Villa¹, Isabella Quijano-Muñoz², Miryan Margot Sánchez-Jiménez¹

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

²Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia

*Presentador: jospina@ces.edu.co

La enfermedad de Chagas (EC) es considerada por la Organización Mundial de la Salud (OMS) como una enfermedad desatendida y endémica de las Américas, aunque su propagación a nivel

mundial ha sido impulsada por las migraciones. La enfermedad es casi 100% curable si se detecta a tiempo. No obstante, la falta de pruebas diagnósticas rápidas con la sensibilidad y especificidad necesarias conlleva a una fase crónica con una mortalidad anual de aproximadamente 50,000 personas en todo el mundo. Utilizando las proteínas totales extraídas de muestras de suero de pacientes confirmados con CD por medio de Inmunofluorescencia indirecta (IFI), implementamos la estrategia Bio-SELEX la cual fue propuesta por primera vez en el laboratorio Baltymas del ICMT-CES y tiene como finalidad la identificación de biomarcadores a partir de muestras biológicas. Tras 10 rondas de selección positiva y 4 rondas de selección negativa, se identificaron los aptámeros más promisorios por medio de secuenciación de nueva generación (NGS). Posteriormente, los aptámeros seleccionados acoplados a nanopartículas magnéticas (NPMs) se emplearon para aislar posibles biomarcadores directamente de muestras de suero de pacientes con EC, mediante ensayos de Pull-Down los cuales fueron posteriormente identificados por medio de espectrometría de masas. El aptámero CH1 fue seleccionado tras el análisis de los resultados de NGS. Los experimentos de Pull-Down y espectrometría de masas identificaron la presencia de la subunidad alfa de la ATPasa de *T. cruzi* en muestras de suero de pacientes con EC. La subunidad alfa de la ATPasa de *T. cruzi* es un biomarcador potencial para la EC y el aptámero CH1 es una herramienta prometedora para el diagnóstico de la enfermedad. Actualmente se están probando diferentes formatos diagnósticos que utilizan el aptámero CH1 y el biomarcador identificado para su futura implementación.

Financiación: Fundación para la promoción de la investigación y la tecnología. Proyecto No. 5.083.

Palabras clave: aptámeros, biomarcadores, enfermedad de Chagas, *T. cruzi*, Bio-SELEX

Descripción y caracterización de la expresión de TcSWEET, un potencial transportador de glucosa de *Trypanosoma cruzi*

Juan Felipe Osorio-Méndez, Germán Alberto Tellez, Daniela Zapata, Diana Carolina Henao

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

*Presentador: josorio88@cue.edu.co

Trypanosoma cruzi es un parásito obligado que depende completamente del hospedero para adquirir nutrientes, siendo la glucosa una de las principales fuentes de carbono y energía metabólica. En tripanosomátidos y en otros parásitos protistas se considera el transporte de glucosa como un prometedor blanco terapéutico y se ha asociado con las diferencias de susceptibilidad a benzimidazole observadas en cepas de *T. cruzi*. A la fecha se ha caracterizado sólo un transportador de glucosa en *T. cruzi*, denominado TcHT1. Búsquedas en la secuencia del genoma de los tripanosomátidos permitieron identificar genes que codifican para transportadores de glucosa de la recientemente descrita familia SWEET (del inglés *Sugar Will Eventually be Exported Transporters*). Estos genes se encuentran en varias especies de los géneros *Leishmania* y *Trypanosoma*, y poseen todos los atributos típicos de esta familia de proteínas. En el genoma de *T. cruzi* sólo se identificó un gen de esta familia de transportadores, que se denominó TcSWEET. Se evaluó la expresión del gen por RT-qPCR utilizando ARN total de *T. cruzi* X-1081 extraído de epimastigotes en fase exponencial y estacionaria de crecimiento, así como de tripomastigotes metacíclicos purificados por lisis por

complemento. Se lograron amplificar transcritos maduros del gen en todos los estadios mencionados. Para evaluar la expresión a nivel de proteína, se generó un suero policlonal inmunizando ratones con una mezcla de 4 péptidos sintéticos de fragmentos derivados de la secuencia de TcSWEET. El suero policlonal reconoce proteínas del tamaño teórico de TcSWEET (25,8 kDa.) en lisados de proteína de epimastigotes, sugiriendo la expresión de la proteína en este estadio. Adicionalmente, ensayos con este suero usando inmunofluorescencia indirecta sugieren la localización de la proteína en la superficie del cuerpo celular y en el flagelo del epimastigote. Se requieren estudios adicionales para comprender el papel de TcSWEET en la biología de *T. cruzi*.

Financiación: Dirección de investigaciones; Corporación Universitaria Empresarial Alexander von Humboldt; Armenia; Quindío.

Palabras clave: glucosa, transportador, TcSWEET

Simposio 6

Avances en la ecología y control de triatominos

Moderador

Omar Cantillo Barraza, Grupo de Biología y Control de Enfermedades Infecciosas -BCEI, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia y
Melissa Nolan, Universidad de Carolina del Sur, EE. UU

Organizador

Arnold School of Public Health
University of South Carolina y Grupo de Biología y Control de Enfermedades Infecciosas -BCEI, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia



Estimación de la prevalencia de la enfermedad de Chagas crónica y evaluación de los efectos de la deforestación en la incidencia de la enfermedad de Chagas aguda en Brasil

Gabriel Zorello Laporta¹, Miguel Angel Aragón López², Arthur Santner Lindori¹, Roberto Cardoso Ilacqua¹

¹Departamento de Posgrado, Innovación e Investigación, Centro Universitario de la Escuela de Medicina FMABC, Santo André, SP, Brasil

²Organización Panamericana de la Salud, Organización Mundial de la Salud, Brasilia, DF, Brasil

*Presentador: gabriel.laporta@fmabc.br

Estimación de la prevalencia de la enfermedad de Chagas crónica en Brasil: se realizó un metanálisis de la bibliografía para extraer datos sobre la prevalencia de la enfermedad de Chagas crónica en la población brasileña en general, así como en mujeres y mujeres en edad fértil, en los municipios de Brasil durante el período 2010-2022. Se seleccionaron indicadores relacionados con esta enfermedad disponibles en los sistemas municipales de información de salud. La modelización estadística de los datos extraídos del metanálisis, en función de los obtenidos de los sistemas de información, se aplicó a modelos lineales, lineales generalizados y aditivos. El número estimado de pacientes con enfermedad de Chagas crónica en la población brasileña en general, en mujeres y en mujeres en edad fértil fue de aproximadamente 3,7 millones, 2,1 millones y 590,000. Estas estimaciones sugieren la necesidad de incorporarlas al Pacto Nacional para la Eliminación de la Transmisión Vertical de la Enfermedad de Chagas. Evaluación de los efectos de la deforestación en la incidencia de la enfermedad de Chagas aguda en Brasil: El açaí es uno de los alimentos principales consumidos en Brasil, especialmente en las regiones norte y nordeste, donde su producción y consumo son elevados, ya que constituye la base de la alimentación para muchas personas. Sin embargo, los casos de enfermedad de Chagas aguda causados por el *Trypanosoma cruzi* han aumentado, y este crecimiento está relacionado con el consumo y cultivo, ya que la enfermedad de Chagas puede transmitirse oralmente a través del fruto contaminado con heces o triturado junto con especies de triatominos vectores de la enfermedad. A partir de datos proporcionados por el Instituto Brasileño de Geografía y Estadística, el Departamento de Estadísticas del Sistema Único de Salud y el Sistema de Recuperación Automática del IBGE, hemos construido bases de datos relacionales y espacialmente explícitas para el período de 2010 a 2022. Se han producido mapas como productos exclusivos de esta investigación científica para observar una posible correlación espacial entre el área de cultivo y la productividad del açaí y la incidencia de casos de enfermedad de Chagas aguda, 2010–2022.

Financiación: GZL cuenta con el apoyo del subsidio número 21/06669-6 de la Fundación de Amparo a la Investigación del Estado de Sao Paulo (FAPESP). GZL y MAAL recibieron apoyo del subsidio número CON22-00021407 de la Organización Panamericana de la Salud. ASL es beneficiario de una beca de iniciación científica número 165551/2023-2 del Consejo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico (CNPq). RCI es beneficiario de una beca de doctorado FAPESP número 23/08053-8.

Palabras clave: Enfermedad de Chagas, Enfermedad de Chagas aguda, incidencia de casos, mapas, modelos estadísticos, prevalencia, revisión sistemática, transmisión oral

Diseño y metodología 'One Health' para abordar la enfermedad de Chagas en zonas endémicas

Lidia Gual Gonzalez, PhD

Department of Epidemiology and Biostatistics, University of South Carolina

*Presentador: lidiag@email.sc.edu

El concepto “One Health” tiene como fin utilizar una perspectiva holística para entender las enfermedades humanas, considerando el impacto del entorno, ya sean animales, plantas, y medioambiente. La investigación de enfermedades mediante el concepto “One Health” contempla un diseño de vigilancia que incluye el muestreo de personas, animales y medioambiente, para entender la frecuencia de transmisión de múltiples enfermedades. En el estudio de enfermedades infecciosas y enfermedades transmitidas por vectores, el concepto “One Health” es muy útil ya que los ciclos de transmisión del parásito dependen de los animales y la supervivencia del vector está altamente relacionada con variables ambientales. Por esta misma razón el uso de una metodología “One Health” nos pueden ayudar a desarrollar métodos epidemiológicos más eficientes y sostenibles. Cuando hablamos de “One Health” no solamente consideramos las interacciones biológicas que afectan la incidencia y distribución de enfermedades, sino que contemplamos los efectos sociales (políticos, demográficos, económicos, etc) que afectan no solamente el riesgo, sino el acceso al diagnóstico, manejo y tratamiento de estas enfermedades. Esta presentación se enfoca en proporcionar el marco teórico sobre el concepto “One Health” y proponer ejemplos y soluciones para el estudio de la enfermedad de Chagas. Se mostrarán ejemplos de estudios epidemiológicos de la enfermedad de Chagas utilizando el concepto “One Health” en zonas endémicas, incluyendo el ejemplo de los resultados de un estudio realizado en el municipio de Miraflores, en el departamento de Boyacá.

Palabras clave: enfermedades infecciosas, transmisión, vectores, interacciones biológicas

Transmisión vectorial de *Trypanosoma cruzi* en El Salvador, luego de la eliminación de *Rhodnius prolixus*

Marvin Stanley Rodriguez¹, Yuko Nitahara^{2,3}, Michelle Cornejo¹, Kevin Siliezar¹, Rafael Grande¹, Ana Gonzalez¹, Kotaro Tasaki⁴, Yu Nakagama^{2,3}, Yu Michimuko^{2,3}, Yoko Onizuka⁵, Junko Nakajima-Shimada⁵, Jose Eduardo Romero⁶, Jose Ricardo Palacios¹, Carmen Elena Arias⁷, William Mejia⁸, Yasutoshi Kido^{2,3}, Ricardo Cardona Alvarenga⁸

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

²Department of Virology and Parasitology, Graduate School of Medicine, Osaka Metropolitan University, 1-4-3 Asahi-machi, Abeno-ku, Osaka 545-8585, Japan.

³Research Center for Infectious Disease Sciences, Graduate School of Medicine, Osaka Metropolitan University, 1-4-3 Asahi-machi, Abeno-ku, Osaka 545-8585, Japan.

⁴Nagasaki University School of Medicine, Nagasaki, Japan.

⁵Graduate School of Health Sciences, Gunma University, 3-39-22 Showamachi, Maebashi, Gunma 371-8514, Japan.

⁶Ministerio de Salud, San Salvador, El Salvador.

⁷Centro Nacional de Investigaciones Científicas de El Salvador, San Salvador, El Salvador.

⁸Ministerio de Educación, Ciencia y Tecnología, San Salvador, El Salvador.

*Presentador: marvin.rodriguez@ues.edu.sv

Desde finales del siglo XX, la enfermedad de Chagas ganó atención mundial para suprimir la carga de vectores como principal estrategia de control en países endémicos. En Centroamérica, iniciativa multinacional logró con éxito reducción significativa en la prevalencia estimada de la enfermedad, así como eliminación de las principales especies vectores (ej. *R. prolixus*) de la región en ese momento en 2012. Si bien la última década ha sido testigo de cambios significativos en el ecosistema, como la urbanización y reemplazo de las principales especies de vectores, que posiblemente puedan afectar el hábitat del vector y la transmisión residual. La carga vectorial actualizada en la región no se ha evaluado exhaustivamente debido al cese del vector activo. El objetivo de este estudio fue actualizar el riesgo de infección por vectores. Desde septiembre 2018 a noviembre de 2020, se realizó una encuesta nacional de vectores en el ámbito interno de El Salvador. La selección de las casas para inspección se basó en un muestreo intencionado por expertos. La infección por *T. cruzi* se examinó mediante observación microscópica de las heces de los insectos, seguida de una confirmación de la especie mediante PCR. Se capturó un total de 1529 triatomíneos *Triatoma dimidiata* en 107 casas (tasa de infestación, 34,4%; 107/311) en total los catorce departamentos del país visitados en el período; La prevalencia de la infección por *T. cruzi* llegó al 10% (153/1529). En el país, la infestación doméstica por *T. dimidiata* se distribuyó de manera ubicua, mientras que las tasas de infección por *T. cruzi* varió entre los departamentos. Cinco de catorce departamentos mostraron tasas de infección más altas que el promedio, lo que sugiere zonas esporádicas de alto riesgo en el país.

Financiación: Asociación de Investigación en Ciencia y Tecnología para el Desarrollo Sostenible (SATREPS), Agencia Japonesa para la Investigación y el Desarrollo Médico (AMED, bajo el número de subvención JP 21jm0110016 a JNS/YK).

Palabras clave: enfermedad de Chagas, transmisión por vectores, triatomino, *Trypanosoma cruzi*, *Triatoma dimidiata*.

Ectoparásitos como mecanismo biológico potencial para control de transmisión de *Trypanosoma cruzi* en para triatomíneos

M.K. Lynn¹, Kyndall C. Dye-Braumuller¹, Stanley Rodriguez², Michelle Cornejo², Melissa S. Nolan¹

¹University of South Carolina Institute for Infectious Disease Translational Research, Columbia, SC, USA

²Centro de Investigación y Desarrollo en Salud, Universidad de El Salvador, San Salvador, El Salvador

*Presentador: Lynnmk@mailbox.sc.edu

La enfermedad de Chagas, causada por el protozoo *Trypanosoma cruzi*, afecta aproximadamente a 6 millones de personas en todo el mundo. Aunque históricamente no se ha considerado un país endémico, existen aproximadamente 10.000 casos adquiridos localmente en Estados Unidos, con la mayoría de casos ubicado en el suroeste. En todo el suroeste, la infección humana difiere mucho según la región y la especie predominante de triatomíneos. Este estudio tuvo como objetivo dilucidar un posible mecanismo biológico de control de patógenos que puede contribuir a esta variación en la infección humana. Entre 2020 y 2021 se recolectaron triatomíneos en múltiples ubicaciones de campo en Arizona y Nuevo México. Los insectos fueron analizados por microscopía 112.5X para

determinar la presencia de ácaros ectoparásitos adheridos externamente. Usamos cebadores 121 y 122 para amplificar regiones altamente conservadas del cinetoplasto para detectar la presencia de *T. cruzi*. El 17,6% de los insectos analizados resultaron positivos para *T. cruzi*. El análisis estadístico no reveló diferencias significativas entre los insectos parasitados y no parasitados por ácaros. Hasta donde sabemos, este es el primer informe contemporáneo de ectoparasitismo de ácaros triatominos en los Estados Unidos. Como los epimastigotes se replican en el intestino posterior del triatomino y no en la hemolinfa del insecto, es biológicamente improbable que los ácaros afecten la replicación de *T. cruzi* una vez dentro del huésped triatomino. Sin embargo, existe evidencia que sugiere que los ácaros pueden servir como un medio mecánico para disminuir la viabilidad del vector, disminuyendo así el potencial general de transmisión de *T. cruzi* entre una población ectoparasitados. Se ha demostrado que los ácaros ectoparásitos en los triatominos y otros insectos tienen un impacto significativo en la aptitud, lo que lleva a una reducción de la producción de huevos, tiempos de muda más largos, huevos inviables e incluso la diezma de la población en las colonias de laboratorio. Los estudios futuros deben explorar más a fondo el impacto de estos ácaros ectoparásitos en la aptitud de los insectos, la fecundidad y la prevalencia de patógenos para comprender si esto puede ser un posible mecanismo de control biológico para *T. cruzi*.

Financiación: Esta investigación fue generosamente financiada por la Fundación de Investigación Médica Brockman y el Premio Magellan Scholar de la Oficina de Investigación de Pregrado de la Universidad de Carolina del Sur.

Palabras clave: control biológico, ectoparasitismo, triatominos, *Trypanosoma cruzi*

Simposio 7

Conversatorio en Perspectivas integradas de la leishmaniasis: de la ciencia básica al seguimiento en la práctica clínica

Moderador

Miryam Margoth Sánchez, ICMT
-Instituto Colombiano de Medicina
Tropical- Universidad CES, Sabaneta,
Colombia y Margarita Arboleda, ICMT
-Instituto Colombiano de Medicina
Tropical- Universidad CES, Apartadó,
Colombia

Organizador

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



Casos clínicos de leishmaniasis de difícil manejo

Margarita Arboleda-N

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

*Presentador: marboleda@ces.edu.co

A pesar de haber una terapia estandarizada y diversas alternativas para el tratamiento de la leishmaniasis cutánea, la atención de poblaciones especiales con leishmaniasis cutánea (LC): niños ≤ 2 años y adultos ≥ 60 años, exigen desarrollar estrategias para mejorar el tratamiento, la seguridad y efectividad del estándar de atención en el país, con especial atención a los pacientes pediátricos. Dados los efectos adversos de los medicamentos sistémicos, particularmente del antimonio de meglumina (Glucantime®), la Miltefosina y el Isetionato de pentamidina, el acceso a alternativas para el manejo pacientes pediátricos menores de 2 años, con lesiones en rostro o de adultos mayores con comorbilidades, que presentan varias lesiones cutáneas, es limitada en los primeros niveles de atención. Las lesiones en cara suelen ser un factor importante para extenderse por contigüidad hasta fosas nasales, sobre todo aquéllas que se localizan en mejillas, filtro o dorso nasal; de igual modo la localización de estas lesiones en región frontal o muy cerca de los párpados representa un riesgo de compromiso ocular si no se procede al tratamiento en forma rápida y eficaz. Aunque las directrices de atención actual de LC (MSyPS, OPS, OMS) priorizan las alternativas de tratamiento local (Glucantime® intralesional, paramomicina B tópica y termoterapia), éstas no garantizan que se elimine el riesgo de compromiso mucoso y no estarían indicadas para localizaciones como las descritas en cara. Por este motivo la opción restante sería la utilización parenteral de anfotericina B liposomal o desoxicolato, que se debe hacer en tercer nivel de atención, lo cual implica el traslado del paciente, acudiente y hospitalización por varios días. De igual modo, la atención de adultos mayores con comorbilidades e inmunodeprimidos, implica un reto cuando son más de tres lesiones, o de gran tamaño, que de manera similar su única alternativa de tratamiento termina siendo la anfotericina B, en forma intrahospitalaria en un tercer nivel de atención. Por lo tanto, la vigilancia de las reacciones adversas a los tratamientos antileishmaniales, incluidas las terapias intralesionales y otras terapias locales en niños y adultos mayores, merecen la atención de la comunidad de investigación en salud y de los profesionales de la salud pública, ante la escasez de evidencia que apoye el manejo de casos de LC en niños y adultos mayores. Se necesitan directrices y la implementación de intervenciones para niños y adultos mayores con LC.

Palabras clave: reacciones adversas, tratamiento, miltefosina, anfotericina B, glucantime

La leishmaniasis cutánea en niños: monitoreo y opciones terapéuticas, Colombia 2007-2021

Luisa Consuelo Rubiano Perea

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

*Presentador: lcrubiano@gmail.com

La leishmaniasis cutánea (LC) afecta un número elevado de niños en Colombia. Nuestro objetivo es examinar la prevalencia, la distribución geográfica de la LC en niños <10 años en Colombia, y los

retos para adecuada respuesta terapéutica y tolerancia al tratamiento. Revisamos 13.256 registros de <10 años, con LC entre 2007 y 2021 del Sivigila. Se consultaron publicaciones sobre tratamiento y evaluación de la respuesta terapéutica en el país y América Latina. Un total de <1 año 589, entre 1 y 5 años 6185 y entre 6 y 10 años 6472. El número más alto en 2016 (n = 1672; 14,3%), con un promedio de 879 casos/año. La proporción de niños fue (n = 6994; 54.8%) a diferencia de adultos de 80.5% en hombres. El 66% en los departamentos de Antioquia (n=2830; 21.5%), Santander (n=2488;18.9%), Tolima (n=2123;16.1%), Risaralda (n=1254;9.5%). El promedio en <10 años fue de 10% (rango: 2,3%-16,2%). La proporción de incidencia en población expuesta, fue de 34.6 por 100.000 hab. a riesgo; (rango 13.7-67.1). El número de casos de < 1 año fue 589 (0.4%), promedio de 70 casos al año. La eficacia del tratamiento con antimoniales sistémicos en niños ha mostrado un 54.6%, por diferencias farmacocinéticas y menor efectividad. El cumplimiento del tratamiento con antimoniales y anfotericina B en niños es alto (93.8%). Un 3.5% interrumpieron, por reacciones adversas. El 11.9% presentan reacciones adversas, gastrointestinales y del sistema nervioso. La anfotericina B liposomal muestra buena eficacia, aunque preocupa la nefrotoxicidad. La miltefosine muestra eficacia de 68-83%, siendo una ventaja debido a su administración oral. Sin embargo, su uso en niños <2 años sigue siendo problemático por la falta de datos de biodisponibilidad, eficacia y seguridad. El seguimiento post-tratamiento es limitado, con un 28.1% teniendo dos o más visitas. Esto se debe a desafíos logísticos y económicos, especialmente en zonas rurales. Se necesita de desarrollar directrices y ensayos clínicos robustos para el tratamiento de la LC en niños, incluyendo opciones no invasivas y evaluar la eficacia y seguridad de tratamientos nuevos, balancear los riesgos y beneficios de la terapia sistémica y considerar terapias locales.

Financiación: Instituto de Medicina Tropical - Apartadó.

Palabras clave: anfotericina B, antimoniales, leishmaniasis cutánea, miltefosine, pediátrica

Inmunopatogénesis de la leishmaniasis tegumentaria: papel dual en el control de esta infección

Héctor Serrano-Coll

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

*Presentador: hserrano@ces.edu.co

La leishmaniasis cutánea (CL) es una enfermedad infecciosa desatendida, causada por parásitos del género *Leishmania*, que presenta una amplia variedad de manifestaciones cutáneas. La investigación sobre la CL ha revelado que la actividad inmunitaria innata y adaptativa, protagonizada por células como los neutrófilos, células NK, los macrófagos, las células dendríticas y el sistema del complemento, juntos con los linfocitos T desempeñan un papel crucial en el control de esta infección. Estos componentes del sistema inmunológico son capaces de combatir eficazmente esta infección y limitar su proliferación. Sin embargo, *Leishmania* ha desarrollado estrategias para manipular la actividad inmunitaria de estas células en su beneficio, permitiendo su supervivencia y replicación dentro de las células huésped. Los neutrófilos, células inmunitarias especializadas en la fagocitosis de patógenos, juegan un papel importante en la respuesta inicial contra la infección por *Leishmania*. Además, las células NBK y los macrófagos también son esenciales en la eliminación de los parásitos. Por otro lado, las células dendríticas desempeñan un papel crucial en la presentación

de antígenos a los linfocitos T, lo que lleva a una respuesta adaptativa más específica contra *Leishmania*. A pesar de los mecanismos de defensa innatos, *Leishmania* tiene la capacidad de evadir la respuesta inmunitaria del hospedero y persistir dentro de las células. Esto se logra mediante la modulación de la actividad de las células inmunitarias y la inhibición de la señalización que promueve la destrucción de los parásitos. Estas tácticas permiten que *Leishmania* sobreviva y se multiplique dentro de las células huésped, lo que conduce a la propagación de la infección. En conclusión, la investigación sobre la leishmaniasis tegumentaria destaca la importancia de la respuesta inmunitaria innata y adaptativa en el control de esta infección. Por lo que, comprender los mecanismos de interacción entre el parásito y las células del sistema inmunológico es crucial para desarrollar nuevas estrategias terapéuticas y preventivas contra esta enfermedad desafiante.

Palabras clave: respuesta inmune innata, respuesta inmune adaptativa, Leishmaniasis cutánea, sistema inmune

Impacto del Tratamiento Médico en la Modulación de la Respuesta Inmune en Pacientes con Leishmaniasis

Alejandro Llanos-Cuentas

Unidad de Leishmaniasis y Malaria, Instituto de Medicina Tropical Alexander Von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú

*Presentador: alejandro.llanos.c@upch.pe

Leishmaniasis tegumentaria es una enfermedad espectral donde las manifestaciones clínicas dependen del balance de la respuesta inmune del huésped (que a su vez está influenciada por las características genéticas) y el parásito (a su vez influenciada por la especie). Cuando la respuesta inmune es balanceada y una persona es picada por un flebotomíneo infectado, la respuesta innata controla o elimina al parásito y la persona no desarrolla enfermedad. Evidencias de esta infección se corrobora por tener una prueba positiva a la prueba de Montenegro (leishmanina) u otras pruebas moleculares. Cuando la respuesta inmunológica es desbalanceada se desarrolla diversos cuadros clínicos. Así cuando predomina la respuesta hiperérgica a predominio TH1 los cuadros clínicos corresponden a leishmaniasis mucosa que no cura en forma espontánea. Cuando la respuesta inmune predominante es la anérgica (predominio TH2) el cuadro clínico es leishmaniasis cutánea difusa (forma polar) que tampoco cura espontánea y que responde mal a la terapia antileishmaniasis y leishmaniasis cutánea diseminada, la cual tiene una alta tasa de fracaso terapéutico. Durante la exposición de presentará fotografías y diagramas.

Palabras clave: enfermedad espectral, leishmaniasis, respuesta inmune, parásito

Seguimiento de la terapia en enfermedad por *Leishmania*

Angela María Tobón Orozco

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

*Presentador: atobon@ces.edu.co

La terapia, en el espectro clínico de enfermedad por especies de *Leishmania*, es compleja y requiere ser individualizada, debido a las condiciones clínicas y de edad del paciente, la especie implicada y el tiempo de evolución de las lesiones. Las dificultades en su seguimiento, se derivan de éstas mismas condiciones complejas. El poco arsenal terapéutico y sus frecuentes efectos adversos, el desconocimiento en la mayoría de las veces de la especie implicada y su resistencia, hace necesario realizar seguimiento clínico, laboratorio y electrocardiográfico, para evaluar eficacia y detección de efectos adversos, con el fin de correlacionar los hallazgos y tomar decisiones. Con el uso de Antimoniales pentavalentes (Glucantime) en forma intramuscular a dosis de 10-20 mg/Kg/d por 21 días, se obtiene la mayor tasa de curación en el caso de *L. tegumentaria*, pero con frecuentes efectos adversos (93.5%), clasificados como moderados a graves en el 60% de ellos, conduciendo a la interrupción del tratamiento en el 30.4% de los casos. Estas alteraciones se presentan principalmente a nivel muscular, cardíaco, hepático y pancreático, obligando a control clínico cada semana, tiempo en el cual se presentan con mayor frecuencia y control de laboratorio a partir de la segunda semana. Por lo anterior es necesario, en pacientes con condiciones de riesgo utilizar, como otra alternativa, este mismo medicamento por aplicación intralesional, o en esquema modificado (5 mg/Kg/d intramuscular por 30 días). Con ambos esquemas son menos frecuentes los efectos adversos, y de acuerdo con algunos informes eficacia similar al esquema regular. La Miltefosina, como alternativa, con menor eficacia y frecuentes efectos adversos gastrointestinales (63%). La eficacia de Anfotericina B es similar a la de esquema estandarizado con Glucantime intramuscular, con efectos secundarios a nivel renal y electrolítico. Es necesaria la hospitalización y asumir altos costos si se usa la forma liposomal, pero con un esquema diario de solo 5 días consecutivos o 14 días para la forma deoxicolato. Constituye actualmente la principal alternativa al Glucantime y primera opción en tratamiento de *L. mucocutánea* y *L. visceral*. El seguimiento clínico será prolongado, mínimo por 2 años, con el fin de evidenciar tempranamente recaídas o desarrollo de compromiso mucoso a través de signos y síntomas.

Palabras clave: efectos adversos, eficacia, individualizar, *Leishmania*, terapia

Enfrentando la Leishmaniasis Atípica: Desafíos y Estrategias para Diagnóstico y Tratamiento

Jaime Soto

FUNDERMA, Fundación Nacional de Dermatología, Santa Cruz, SC, Bolivia

*Presentador: jasm.dlb@gmail.com

En leishmaniasis el calificativo “atípico” aplica para aquellas presentaciones que se salen de la norma bien sea por la semiología, por la evolución, por el comportamiento natural o por la respuesta al tratamiento. Con algunos casos de leishmaniasis tegumentaria se dan esas circunstancias y, si bien, el término fue inicialmente acuñado para una forma cutánea no ulcerada causada por *L. infantum* en Centroamérica, posteriormente se ha empleado para referirse a presentaciones clínicas inusuales que semejan otras enfermedades. Recientemente se ha empleado para referirse a lesiones cutáneas causadas por especies usualmente viscerotrópicas y viceversa en el subcontinente indio y en nuestro subcontinente para agrupar una serie de enfermos con lesiones cutáneas extensas, crónicas, de muy difícil manejo sin curación o con recidivas frecuentes, tanto en Brasil como en Bolivia y, en menor extensión, en Perú y Colombia en regiones donde predomina *L. brasiliensis*,

El grupo de Bahía las ha denominado “leishmaniasis atípica” mientras que en Bolivia se les ha presentado como “leishmaniasis cutánea crónica recurrente”, término descriptivo ajustado a la presentación clínica y que las separa de las demás formas “atípicas” descritas en la literatura. Los 94 casos publicados en Brasil y Colombia son en su mayoría hombres en la cuarta década, con evolución de 6 meses a 18 años, con numerosas lesiones ulcerativas, verrugosas, infiltradas, papulares, nodulares y cicatriciales alternadas con piel sana, que afectan simultáneamente tres o más áreas corporales, principalmente cara y miembros, que suman entre 62 y 1.845 cm² de área total afectada y que tienen historia de recidiva o de falla a sucesivos tratamientos con antimoniales pentavalentes. A diferencia de leishmaniasis difusa la demostración del parásito y la intradermorreacción son positivos en más de la mitad de los casos. “Si estas formas son el resultado de modificaciones del parásito, de situaciones inmunológicas o de comorbilidades del paciente, de cambios ambientales o de la combinación de todos estos factores, es algo que aún está por definirse”.

Palabras clave: falla terapéutica, leishmaniasis atípica, *Leishmania brasiliensis*, leishmaniasis cutánea

Simposio 8

Salud móvil basada en la comunidad en el manejo de las enfermedades de la piel

Moderador

Maria Carme Carrion, Universidad Abierta de Cataluña, España

Organizador

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



Adaptación de las intervenciones de salud móviles al contexto cultural: experiencia con la comunidad Embera de Risaralda

Martha Milena Bautista-Gomez, Laura Sofia Zuluaga

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

*Presentador: mmbautista@cideim.org.co

Colombia es el segundo país de América Latina más afectado por la leishmaniasis cutánea, que con frecuencia tiene lugar en territorios rurales usualmente habitados por poblaciones con altos niveles de pobreza y necesidades básicas insatisfechas. En estos contextos, la innovación tecnológica resulta una forma viable para mejorar la prevención y control de las enfermedades infecciosas en zonas geográficamente aisladas y con limitado acceso a los servicios de salud. Es por ello que actualmente el desarrollo de m-health y otros productos tecnológicos en salud han tenido un amplio desarrollo en la investigación sobre enfermedades infecciosas. Sin embargo, son pocos los estudios enfocados en el análisis de los retos que surgen durante la implementación en condiciones reales, los cuales pueden afectar su correcto funcionamiento y efectividad. Con base en las lecciones aprendidas durante la implementación de diferentes proyectos de leishmaniasis en el municipio de Pueblo Rico, Risaralda, el presente trabajo tiene como objetivo evidenciar los retos de la implementación tecnológica en contextos rurales complejos y presentar una propuesta de adaptación de las intervenciones basadas en el contexto socio-cultural. Se presentarán diferentes retos de implementación en términos logísticos, culturales, ambientales y políticos, así como diferentes estrategias para su superación basado en el análisis del contexto social, político y del sistema de salud, y en la adaptación de las intervenciones de acuerdo a la cultura Embera y Afro, el territorio rural disperso, y el nivel educativo de la población. Se espera que estas lecciones aprendidas contribuyan a la implementación efectiva de m-health y otros productos tecnológicos, así como a su sostenibilidad.

Financiación: Programa de Acceso a Medicamentos de Sanofi (www.sanofi.com), Subvención N° 201875, por los NIH de EE.UU., Premio U19AI129910, y por el Fondo de Regalías para el Departamento de Risaralda, proyecto BPIN2021000100291

Palabras clave: adaptación cultural, contexto rural, mHealth

Estrategia comunitaria y salud móvil para el monitoreo de pacientes con Leishmaniasis Cutánea en zonas rurales de Colombia

Alexandra Cossio^{1,2}, Neal Alexander^{1,2}, Alejandra María del Castillo¹, María del Mar Castro^{1,2}, Patricia Yaneth Castaño-Grajales¹, Yeison Hawer Gutiérrez-Poloche¹, Leonardo Vargas-Bernal², Andrés Navarro², Nancy Gore Saravia^{1,2}

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

² Universidad ICESI, Cali, Colombia

*Presentador: acossio@cideim.org.co

La Leishmaniasis Cutánea sigue siendo un problema de salud mundial. El seguimiento de los

pacientes es limitado debido al prologado proceso de curación, en el cual, el resultado inicial y final del tratamiento se determinan respectivamente, 90 y 180 días después de iniciar el tratamiento. Adicionalmente, el 85% de los pacientes en Colombia viven en zonas rurales dificultando más el seguimiento. Evaluamos una estrategia comunitaria utilizando salud móvil (mHealth) para monitorear la adherencia al tratamiento antileishmanial, las reacciones adversas a los medicamentos y la respuesta terapéutica en comparación con la atención estándar, en dos comunidades rurales de Colombia. Adicionalmente se evaluó la efectividad de los tratamientos recibidos. Se incluyeron 57 en la intervención mHealth y 48 en el grupo de atención estándar. La intervención aumentó significativamente la proporción de pacientes con seguimiento de los resultados terapéuticos 90 y 180 días después de iniciar el tratamiento del 4,2% (atención estándar) al 82,5% (intervención) $p < 0,001$. La proporción de pacientes que tenían registros de adherencia al tratamiento, reacciones adversas a los medicamentos y respuesta terapéutica también aumentó significativamente ($p < 0,001$). Según el tratamiento, 88.2% ($n=15$) de los pacientes con antimonio de meglumine intramuscular y 67.9% ($n=19$) con pentamidina curaron. La estrategia comunitaria utilizando mHealth facilitó el acceso a la atención médica para Leishmaniasis cutánea en áreas rurales y el conocimiento de la efectividad del tratamiento.

Financiación: Programa Acceso a Medicinas de Sanofi, Grant No. 201875

Palabras clave: Aplicaciones móviles, Investigación basada en la Comunidad, Leishmaniasis Cutánea, mHealth.

Diarios electrónicos vs. diarios en papel: ventajas y desventajas de cada método en estudios clínicos

Shirley Bustamante-Fernández

Grupo de Investigación Clínica PECET (GIC PECET), Sede de Investigación Universitaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

*Presentador: shirley.bustamante@udea.edu.co

El objetivo de esta ponencia es explorar y comparar las herramientas de diarios electrónicos y diarios en papel en el contexto de la investigación clínica, evaluando su impacto en la recolección de datos, la participación de los pacientes y la eficiencia en el análisis de resultados. En estudios clínicos, el diario es una herramienta utilizada por los participantes para registrar información relevante sobre su salud, comportamiento o síntomas durante el curso del estudio. La participación activa y el compromiso son esenciales para el éxito de cualquier estudio clínico. Los diarios electrónicos pueden favorecer la participación y el cumplimiento, especialmente entre las generaciones tecnológicamente alfabetizadas. Sin embargo, algunos participantes pueden encontrar barreras tecnológicas con los diarios electrónicos, prefiriendo la simplicidad de los diarios en papel. Evaluar estas preferencias es esencial para maximizar la participación y minimizar la tasa de abandono. Estudios sobre leishmaniasis y vacunas implementados por el Grupo de Investigación Clínica del PECET proporcionan datos que permiten la comparación entre ambos tipos de diarios. Las variables de análisis incluyen el cumplimiento en el diligenciamiento, la facilidad de uso, la satisfacción del participante y la tasa de retención. El análisis preliminar se realiza mediante un seguimiento continuo de los participantes y un análisis de subgrupos para explorar la percepción

de eficacia basada en factores como la pérdida de datos o la adherencia en el uso de la herramienta. Es importante evaluar si los diarios electrónicos ofrecen mayor precisión, cumplimiento y satisfacción comparado con los diarios en papel, además de identificar cualquier barrera o desafío específico asociado con cada tipo de diario. En conclusión, tanto los diarios electrónicos como los diarios en papel tienen ventajas y desafíos en el contexto de la investigación clínica. La elección del método más adecuado depende de varios factores, incluyendo la población de estudio, la infraestructura tecnológica disponible y los objetivos específicos de la investigación. Una evaluación equilibrada puede guiar la selección de un método que ofrezca mayor eficiencia y precisión en la recolección de datos, mejorando al mismo tiempo la experiencia del participante.

Palabras clave: investigación clínica, participante, población de estudio

Simposio 9

Alternativas terapéuticas y preventivas en desarrollo para leishmaniasis o enfermedad de Chagas

Moderador

Sara M. Robledo, Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales -PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Organizador

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



Actividades antioxidante, antiinflamatoria y anti-*Trypanosoma cruzi* de los bioproductos de semillas de *Euterpe oleracea* Mart (Acai) *in vitro*

Henrique Previtalli-Silva^{1,2,*}, Daiana de Jesus Hardoim¹, Raphael de Lucena Banaggia¹, Carla Junqueira Moragas-Tellis³, Maria do Socorro dos Santos Chagas³, Maria Dutra Behrens³, Thiago de Souza Dias-Silva⁴, Flávia de Oliveira Cardoso^{1,¥}, Kátia da Silva Calabrese^{1,¥}

¹Laboratorio de Protozoología, Instituto Oswaldo Cruz, FIOCRUZ, Rio de Janeiro-Brasil

²Programa de Posgrado en Medicina Tropical, Instituto Oswaldo Cruz, FIOCRUZ, Rio de Janeiro- 5Brasil

³Laboratorio de Salud Pública en Productos Naturales, Instituto de Tecnología en Farmacia, Fiocruz, Rio de Janeiro-Brasil

⁴Laboratorio de Química Médica, Universidad Federal Rural de Río de Janeiro, Rio de Janeiro-Brasil

[¥]Ambos autores contribuyeron por igual a este trabajo.

*Presentador: henriqueprevitalli89@gmail.com

La enfermedad de Chagas es una infección causada por el protozoo *T. cruzi*. La cardiomiopatía es la manifestación más frecuente, siendo la respuesta inflamatoria un factor esencial para su desarrollo. La principal terapia disponible es el benznidazol, pero tiene una eficacia limitada y ninguna acción antiinflamatoria. Así, son de gran relevancia las nuevas estrategias terapéuticas que tengan como objetivo reducir el tiempo de tratamiento, o que puedan asociarse a la terapia actual y actuar para combatir la inflamación. En este sentido, el uso de productos naturales ha contribuido al descubrimiento y desarrollo de nuevos fármacos. *E. oleracea* Mart. es una palmera tropical cuyo fruto se conoce popularmente como acai. Se ha informado que el tratamiento con la fracción de acetato de etilo de las semillas de acai disminuye la producción de citoquinas proinflamatorias, lo que demuestra su potencial antiinflamatorio. Con base en esto, el presente trabajo tiene como objetivo investigar las actividades antioxidante, antiinflamatoria y anti-*Trypanosoma cruzi* cepa Y del extracto hidroalcohólico y las fracciones de acetato de etilo, hexano, diclorometano y acuosas de semillas de açai *in vitro*. La constitución química de los extractos/fracciones muestra un predominio de flavonoides, como catequinas, procianidinas, entre otros, identificados por LC-MS/MS. A través de los métodos FRAP, DPPH y ABTS, se observó una gran actividad antioxidante, con énfasis en la fracción acetato de etilo. La medición de citoquinas proinflamatorias (IFN- γ , IL-6 e IL-12) por ELISA y la cuantificación de nitritos por el método de Griess en sobrenadantes de macrófagos peritoneales (Swiss Webster - CEUA N^o: L-004/2022) estimulados por LPS y tratados con el extracto/fracciones también mostró una mayor actividad antiinflamatoria de esta fracción. De igual forma, esta fracción fue la de menor CI₅₀, sobre epimastigotes, tripomastigotes de cultivos celulares y tripomastigotes sanguíneos, con CI₅₀ de $199,4 \pm 1,43$, $33,06 \pm 1,10$ y $115,12 \pm 1,09$ $\mu\text{g}/\text{mL}-1$, respectivamente. Ninguna muestra mostró citotoxicidad para macrófagos peritoneales (CI₅₀ >500 $\mu\text{g}/\text{mL}-1$). Nuestros resultados proporcionan indicaciones capaces de apoyar futuras investigaciones que busquen utilizar compuestos presentes en semillas de *E. oleracea*, especialmente en la fracción de acetato de etilo, en posibles tratamientos de diversas patologías, así como en la enfermedad de Chagas.

Financiación: FAPERJ, proyecto E-26/210.408/2024, Capes, CNPq, IOC.

Palabras clave: *Trypanosoma cruzi*, antiinflamatorio, antioxidante, açai, *Euterpe oleracea*

Eficacia y seguridad de Neoleish®, la vacuna de tercera generación autorizada en Europa frente a la leishmaniosis canina

Pedro José Alcolea, Ana Alonso, Vicente Larraga

Laboratorio de Vacunas y Parasitología Molecular, Grupo de Estructura y Función del Citoesqueleto, Farmacología y Vacunas

Departamento de Biología Estructural y Química

Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CIB-CSIC), Madrid, España

*Presentador: pjalcolea@cib.csic.es

Leishmania infantum es el agente etiológico de la leishmaniasis visceral zoonótica (ZVL), un problema de salud pública que se distribuye fundamentalmente en la Cuenca Mediterránea y en Brasil y cuyo reservorio principal es el perro. La leishmaniosis canina se caracteriza por la concurrencia simultánea y en combinación variable de signos clínicos cutáneos y viscerales. A pesar de los métodos de control disponibles, la prevalencia continúa siendo muy elevada en las zonas endémicas. Neoleish® es la tercera vacuna de ADN autorizada en el mundo (EMEA/V/C/005538) y la primera frente a parásitos. Consiste en el gen codificante del antígeno LACK clonado en el plásmido pPAL, que no contiene replicón eucariota ni resistencia a antibióticos, y se administra por la vía intranasal con un nebulizador. Los cuatro estudios de seguridad en fase preclínica mostraron la ausencia de alteraciones fisiológicas, hematológicas y bioquímicas. Los estudios controlados de eficacia revelaron un 92% menos de carga parasitaria con respecto al control 300 días después de la infección experimental con 108 promastigotes metacíclicos por la vía intravenosa. El 60% de los perros vacunados fueron asintomáticos a lo largo del experimento. Los ensayos de transformación linfoblástica en PBMC y el análisis mediante ELISA de citoquinas secretadas (IFN- γ e IL-10) mostró la activación de una respuesta Th1 específica. Posteriormente, se realizó un ensayo clínico de campo doble ciego aleatorizado en el que se expusieron a la infección natural 361 perros (181 en el grupo vacunado y 180 en el placebo) de 14 razas diferentes, PCR- y ELISA-negativos. Se confirmó la completa seguridad de la vacuna y se concluyó lo siguiente respecto de su eficacia: i) el riesgo de presentar parásitos detectables en sangre es 3,5 veces menor en un perro vacunado y, en caso de que se detecte, se espera una parasitemia 30 veces menor; ii) el riesgo de infección activa se reduce a la mitad en perros vacunados y, en caso de presentarla, se espera una carga parasitaria en médula ósea 3,4 veces menor; y iii) en caso de infección activa, el riesgo de desarrollar enfermedad clínica es 3 veces menor en perros vacunados. Se está realizando un estudio en Fase IV y estamos evaluando el posible uso de Neoleish® con fines terapéuticos y frente a la leishmaniasis visceral humana.

Financiación: Ministerio de Ciencia e Innovación (IPT-2011-1019-900000 y RTC-2014-1767-1). Contrato de licencia de patente (EP3297666; US11,179,462B2; WO2016188973A1) a CZ Veterinaria S.A. (Grupo Zendal).

Palabras clave: *Leishmania infantum*, leishmaniosis canina, Neoleish®, respuesta Th1, vacunas de ADN

El aceite de Neem: una alternativa de curación para las úlceras de pacientes infectados con *Leishmania mexicana*

Isabel Cristina Cañeda-Guzmán, Norma Salaiza-Suazo, Javier Juárez-Gabriel, Irene Medina-Salazar, Jessica Rubio-de la Rosa, Ingeborg Becker.

Laboratorio de Inmunoparasitología, Unidad de Medicina Experimental “Dr. Ruy Pérez Tamayo”, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México. Cd. de México

*Presentador: nkris12@gmail.com

El acceso al medicamento para los pacientes con leishmaniasis cutánea es complicado y en muchos casos se utiliza la medicina tradicional. En México, no se tiene registro del uso de estas plantas en el uso tradicional. *Azadirachta indica* (árbol de Neem) es una de las plantas con efectos antivirales, antifúngicos, antibacterial y antiparasitarios. La actividad antileishmanicida se ha observado a nivel experimental pero también se ha registrado en pacientes infectados con *Leishmania donovani*. En este trabajo se registran dos casos de leishmaniasis cutánea infectados por *Leishmania mexicana*. Los cuales se llevó a cabo el seguimiento y solo se utilizó aceite de Neem durante 3 meses por carencia del medicamento después de la pandemia. Las lesiones de estos pacientes fueron en nariz y pabellón auricular. Ambos pacientes curaron totalmente hasta el momento. Se concluye que el aceite de Neem puede ser una alternativa para la curación de las lesiones causadas por *Leishmania mexicana*, así como para las picaduras de mosquitos.

Financiación: CONAHCYT Fronteras 6682, PAPIIT IG2000924, PAPIIT IG201221.

Palabras clave: úlceras, *Azadirachta indica*, anti-leishmanicida, México

Estudio clínico para evaluar seguridad y respuesta terapéutica del tratamiento tópico tintura de *Árnica* para leishmaniasis cutánea no complicada, Colombia

Any Carolina Garcés-Mejía¹, Susana Ríos-Echavarría¹, Esteban de Jesús Soto-Ramírez¹, Juliana Quintero-Pulgarín¹, Liliana López-Carvajal², Iván Vélez², Thomas Schmidt³, Sara Robledo²

¹Grupo de Investigación Clínica PECET (GIC PECET), Sede de Investigación Universitaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

²Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales -PECET, Facultad de Medicina Universidad de Antioquia, Colombia.

³Institute of Pharmaceutical Biology and Phytochemistry (IPBP), University of Münster, Germany

*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 actualidad, los investigadores siguiendo las recomendaciones de la Organización Mundial de la Salud, han concentrado sus esfuerzos en buscar otras opciones terapéuticas locales y con mejores perfiles de seguridad para el manejo de la LC no complicada. *Arnica montana* L. es una planta medicinal de la familia Asteraceae reconocida por la producción de una gran cantidad

de metabolitos secundarios (lactonas sesquiterpénicas, flavonoides y ácidos fenólicos) e indicada por su actividad anti-inflamatoria, cicatrizante, anti-equimótica, analgésica, anti-microbiana o insecticida, entre otras. Su tintura es un extracto alcohólico preparado a partir de sus flores; al igual que la planta, su uso es legalmente autorizada en países de comunidad europea e incluida en vademécum de plantas medicinales en Colombia. Previas evaluaciones *in vitro* y en modelo animal demostraron capacidad anti-parasitaria, actividad terapéutica y seguridad, el PECET y su Grupo de Investigación Clínica se encuentra evaluando la seguridad y la respuesta terapéutica de la tintura de *Árnica* en individuos con LC no complicada (ensayo clínico aleatorizado fase Ib-II). En una muestra de 16 participantes se evalúan 2 esquemas de tratamiento (tres aplicaciones diarias durante 30 o 45 días) con evaluaciones al inicio, mitad y final del tratamiento y en los días 45, 90 y 180 postratamiento (PT). A la fecha, en el 86% (n=06) de los participantes se ha determinado curación clínica al finalizar seguimiento (180 días PT). Eritema, ardor, dolor, edema y prurito en el sitio de aplicación son los eventos adversos más frecuentes, todos con severidad leve; (estudio en progreso).

Financiación: Natvantage Foundation, Zurich, Suiza y Corporacion de Innovacion CIDEPRO, Medellín, Colombia

Palabras clave: Leishmaniasis cutánea, tratamiento tópico, *Arnica montana*

Observatorio Chagas: instrumento de consulta pública, comunicación y defensa

Diogo Galvao¹, Javier Sancho², Mauricio Javier Vera-Soto³

¹Iniciativa Medicamentos para Enfermedades Desatendidas, Rio de Janeiro-Brasil

²Coalición Global de Chagas, Barcelona-España

³Ministerio de Salud y Protección Social, Colombia

*Presentador: dgalvao@dndi.org

Las estimaciones oficiales que tenemos actualmente sobre la enfermedad de Chagas fueron publicadas por la Organización Mundial de la Salud/Organización Panamericana de la Salud en 2010, y prácticamente se han convertido en un mensaje que repetimos una y otra vez: 6-7 millones de personas en todo el mundo afectadas por la enfermedad de Chagas; sólo el 10% de las personas que viven con Chagas saben que tienen la enfermedad; con alrededor de 30 mil nuevos casos y 10 mil muertes en América Latina cada año. Para orientar mejor nuestros esfuerzos para alcanzar las metas definidas por la Hoja de Ruta sobre Enfermedades Tropicales Desatendidas para el período 2021-2030, existe una necesidad urgente de mejorar la vigilancia para Chagas, generar datos y ponerlos a disposición. Esta barrera sólo se superará mediante la colaboración entre diferentes actores, incluyendo investigadores y sociedad civil. El Observatorio nace del esfuerzo de 7 países y socios, y tiene como objetivo aumentar la visibilidad de la situación de Chagas en el mundo, así como hacer que la información existente sea accesible para todas las partes interesadas. Es también un instrumento de consulta pública, comunicación y defensa, en que se pretende responder a las antiguas preguntas pendientes planteadas por la sociedad civil: ¿Dónde y cómo estamos?, ¿cuántos somos? y ¿qué estamos haciendo? Busca estimular diálogos e involucrar a diferentes actores en la construcción de políticas para combatir la enfermedad.

Además de datos cuantitativos como el número de personas tamizadas, diagnosticadas y tratadas (por rango de edad, sexo y si están embarazadas), la iniciativa incluye información cualitativa sobre la disponibilidad y registro de medicamentos, el uso de pruebas diagnósticas rápidas, entre otros. Información muy útil para tener una fotografía del avance de los países en materia de acceso a la salud de las personas afectadas. Se estima que en 2024, la OMS/OPS actualizará las estimaciones sobre datos epidemiológicos de la enfermedad de Chagas. Iniciativas como el Observatorio de Chagas son importantes para generar discusión y ofrecer una plataforma de fácil consulta, en un esfuerzo para romper el silencio que existe sobre esta enfermedad.

Financiación: DNDi-Takeda.

Palabras clave: advocacy, enfermedad de Chagas, incidencia, vigilancia epidemiológica

Simposio 10

Panorama de la enfermedad de Chagas en el ejército colombiano

Moderador

Camilo Andrés Correa, Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales del Ejército (GINETEJ), Dirección de Sanidad Ejército, Colombia

Organizador

Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales del Ejército (GINETEJ), Dirección de Sanidad Ejército, Colombia



Situación epidemiológica de la enfermedad de Chagas en Personal Militar Activo del Ejército Nacional, 2012 – 2024

Elizabeth Katherine Marquez-Alfonso

Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales del Ejército (GINETEJ), Dirección de Sanidad Ejército, Bogotá, Colombia

*Presentador: elizabeth.marquez@buzonejercito.mil.co

Las Enfermedades transmitidas por Vectores, son una condición clínica de frecuente presentación en el personal militar activo, ya que Colombia al ser un país con clima selvático-tropical se considera endémico para estas enfermedades por la presencia de insectos vectores y los altos índices de infestación generados por los mismos; además es importante considerar que las áreas de trabajo del personal militar comprometido en operaciones, principalmente son los bosques y selvas, lugares en los cuales la presencia de estos vectores es alta; en su orden de mayor afectación se encuentran: la leishmaniasis, el dengue, la malaria, el Chagas, la leptospirosis y el accidente ofídico. La enfermedad de Chagas se transmite principalmente por vectores de la subfamilia Triatominae que se encuentran infectados por el parásito *Trypanosoma cruzi*, cuando se registra la picadura en la persona y esta se rasca permite el ingreso de las heces del insecto infectado e ingresan a torrente sanguíneo. Existen otras vías de transmisión en las que podemos encontrar transfusión de sangre, trasplante de órganos, de manera vertical de la madre al hijo y en el consumo de alimentos contaminados sea por el vector o por secreciones de algunos reservorios animales. En el periodo comprendido entre los años de 2012 a 2024 se han registrado 58 casos en personal militar activo, el grupo poblacional que más aportó casos son los Soldados Profesionales con el 55,2%, seguido del personal de Suboficiales con el 25,9%, en tercer lugar, el grupo de Soldados en calidad de servicio militar obligatorio con el 12,1% y por último el personal de Oficiales con el 6,9%. La edad promedio de Diagnóstico fue de 34 años, pero podemos encontrar diversos extremos de edad desde los 18 años con los Soldados que prestan su servicio militar obligatorio quienes cursan con cuadros de Chagas agudo y en el otro extremo personal en quinta, sexta y octava década de vida quienes presentan un cuadro de Chagas crónico, correspondiente al 12,1% de los afectados estadística similar a la epidemiología mundial en la cual la enfermedad puede evolucionar libre de síntomas y signos clínicos durante toda la vida hasta en un 70% de los casos.

Palabras clave: Chagas, Chagas agudo, Chagas crónico, personal militar activo, *Trypanosoma cruzi*, Triatominae

Presentación de Caso Clínico: Cardiopatía Chagásica Aguda, presentación de caso y revisión de la literatura

Oscar Eduardo Sosa-Mendoza^{1,2,3}

¹Dirección de Sanidad Ejército Nacional, Bogotá, Colombia

²Servicio de Cardiología Hospital Militar Central,

³Universidad Militar Nueva Granada, Bogotá, Colombia

*Presentador: oscaresm.mi@gmail.com

Presentamos un caso clínico sobre el abordaje del paciente con fiebre en el Servicio de Cardiología de un Hospital de cuarto nivel de complejidad. Se trata de un paciente adulto joven, masculino de 26 años, quien llega remitido por cursar con un cuadro aprox de 26 días de picos febriles, de predominio nocturno, inicialmente atendido en centros de primer y segundo nivel de complejidad, y a pesar de recibir esquemas antimicrobianos persiste con fiebre. En su evolución presenta cambios electrocardiográficos, ecocardiográficos, y evoluciona a un cuadro compatible con insuficiencia cardíaca aguda y posteriormente evoluciona al choque cardiogénico. El caso se centra en el abordaje clínico del caso, los diagnósticos diferenciales y finalmente, la identificación de agente etiológico causante de la sintomatología del paciente y una revisión de la literatura sobre casos similares reportados en la literatura.

Palabras clave: Chagas agudo, choque cardiogénico, fiebre origen desconocido

Simposio 11

Fortalecimiento de los programas de vigilancia

Moderador

Laura Posada, Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales -PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Colombia

Organizador

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



Dinámica de transmisión de malaria en diferentes umbrales de fragmentación del paisaje

Gabriel Zorello Laporta¹, Thais Costa dos Santos², Roberto Cardoso Ilacqua¹, Marcia Aparecida Sperança²

¹Departamento de Posgrado, Innovación e Investigación, Centro Universitario de la Escuela de Medicina FMABC, Santo André, SP, Brasil

²Centro de Ciencias Naturales y Humanas, Universidad Federal de ABC, São Bernardo do Campo, SP, Brasil

*Presentador: gabriel.laporta@fmabc.br

La relación entre la deforestación y la malaria es un proceso espaciotemporal de variación en la incidencia de *Plasmodium* en entornos rurales amazónicos dominados por humanos. El presente estudio tuvo como objetivo evaluar los mecanismos subyacentes del riesgo de exposición a la malaria a escala detallada en sitios de 5 km² en toda la Amazonía brasileña, utilizando datos recolectados en campo con un enfoque estructurado espacial y temporalmente longitudinal. Se muestrearon mosquitos anofelinos en 80 sitios para investigar la tasa de infección por *Plasmodium* en las comunidades de mosquitos y estimar el riesgo de exposición a la malaria en paisajes rurales. La cantidad restante de cobertura forestal (deforestación acumulada) y la línea de tiempo de la deforestación se estimaron en cada sitio para representar los principales parámetros tanto de la hipótesis de malaria de frontera como de un escenario alternativo, la hipótesis de deforestación-malaria, propuesta aquí. La frecuencia máxima de sitios patogénicos ocurrió en el nivel intermedio de cobertura forestal (50% de deforestación acumulada) en dos picos temporales de deforestación, por ejemplo, 10 y 35 años después del inicio de la organización de un asentamiento. La densidad de incidencia de anofelinos infectados en sitios donde la cobertura forestal original disminuyó en más del 50% en los primeros 25 años de desarrollo del asentamiento fue al menos el doble de la densidad de incidencia calculada para los otros sitios estudiados (razón de densidad de incidencia ajustada = 2.25; IC 95%, 1.38-3.68; $p = 0.001$). Los resultados de este estudio respaldan la malaria de frontera como una hipótesis unificadora para explicar la emergencia de la malaria y para diseñar intervenciones de control específicas en la Amazonía brasileña.

Financiación: GZL cuenta con el apoyo del subsidio número 21/06669-6 de la Fundación de Amparo a la Investigación del Estado de Sao Paulo (FAPESP).

Palabras clave: Brasil, Bosques, conservación de los recursos naturales, Culicidae, ecosistema, Malaria, *Plasmodium*, vectores

Vigilancia y control de garrapatas en Estados Unidos

Lídia Gual Gonzalez

Department of Epidemiology and Biostatistics, University of South Carolina, USA

*Presentador: lidiag@email.sc.edu

Debido al cambio climático y a otros factores medioambientales causados por los efectos antropogénicos, se ha visto un incremento general en los últimos años de los casos de

enfermedades transmitidas por garrapatas. En Estados Unidos, alrededor de 400,000 casos anuales están asociados a picaduras de garrapatas, requiriendo una rápida atención a nivel de salud pública, tanto de prevención y vigilancia como de mecanismos de control. La variabilidad de la vigilancia de garrapatas se puede observar a través de las diferencias de implementación entre los diferentes estados: Carolina del Sur no mantenía un sistema de vigilancia hasta que en 2020 implementamos un mecanismo de vigilancia colaborativo entre la Universidad de Carolina del Sur, y el Departamento de Salud del estado. Esta vigilancia nos ha permitido identificar la distribución de las diferentes especies de garrapatas, así como detectar los patógenos asociados. Los métodos de vigilancia entomológica fueron realizados mediante vigilancia activa, recolectando garrapatas del medioambiente, y vigilancia pasiva, recibiendo garrapatas por parte de las protectoras de animales y de la población. Uno de los resultados más importantes de esta vigilancia fue la detección de una especie invasora que amenaza los sistemas agrícolas del país, debido a su rápida reproducción sin requerir de individuos macho. Actualmente los mecanismos de control son escasos, y requieren esfuerzos múltiples por parte de ganaderos y otro personal en contacto con animales. Esta presentación, se centrará en mostrar ejemplos de métodos de vigilancia efectivos realizados en Estados Unidos, principalmente el ejemplo de Carolina del Sur, y se acompañará con ejemplos de métodos de control que se están realizando actualmente en diferentes estados.

Palabras clave: Cambio climático, garrapatas, vigilancia, enfermedades infecciosas, control

Avances y resultados en la interrupción de la transmisión vectorial domiciliada de *T. cruzi* por *Rhodnius prolixus* en Boyacá

Manuel Medina-Camargo¹, Mabel Medina², Holman Fajardo², Silvia Valdivieso², María Blanco¹, Clara Bernal³, Gina Sierra³, Lorena Caro¹

¹Grupo de control de enfermedades Transmitidas por vectores, Secretaria de Salud de Boyacá, Tunja, Colombia

²Laboratorio Departamental de Salud Pública, Secretaria de Salud de Boyacá, Tunja, Colombia

³Grupo de Vigilancia en salud Pública, Secretaria de Salud de Boyacá, Tunja, Colombia

*Presentador: manuel.medina@boyaca.gov.co

En el año 2008 Colombia asumió ante la Organización Panamericana de la Salud el compromiso para fortalecer las acciones en el proceso que conduce a la interrupción de la transmisión vectorial domiciliaria de *Trypanosoma cruzi* por *Rhodnius prolixus*. Lo anterior se desarrolla con el liderazgo del Ministerio de salud y Protección social en departamentos con antecedentes de presencia del vector y también de incidencia de casos de Chagas. Los departamentos priorizados correspondieron Arauca, Boyacá, Casanare, Cundinamarca, Norte de Santander, Santander, Vichada y Meta. Actualmente Colombia a obtenido la certificación internacional de interrupción de la transmisión vectorial de *T. cruzi* intradomiciliaria por *R. prolixus* para 66 municipios de una meta establecida en el actual plan de desarrollo de 130 municipios para el año 2031. Boyacá logra sustentar los indicadores necesarios para obtener la certificación de 24 municipios siendo el departamento de Colombia con más municipios certificados. El resultado se basa en la ejecución de actividades de vigilancia entomológica activa y pasiva en 275 veredas con la instalación de 657 puestos de recolección de triatominos. El índice de dispersión para *R. prolixus* que fue establecido como línea base correspondió a 29.81% y el índice de dispersión para la especie luego de la intervención fue del 1.09%. Se realizaron 15.720 encuestas de factores de riesgo en viviendas urbanas y rurales y con control químico residual fueron intervenidas 14.370 viviendas. En cuanto a la vigilancia serológica

se tamizaron un total de 24465 niños, de los cuales 5260 corresponden a población de 0 a 5 años, con representatividad del 54% y seroprevalencia del 0,030%. Para población entre 6 a 15 años se tamizaron 19385 niños con una representatividad del 63,6% y seroprevalencia para *T. cruzi* del 0,062%. En gestantes se logra obtener tamizaje de 1197 mujeres, con seroprevalencia del 0,08%. Para Chagas agudo los municipios certificados presentan 0 (cero) casos. Es importante destacar la presencia de especies de triatomíneos secundarios evidenciando un impacto significativo en disminución de índices de infestación y dispersión producto de las actividades de control realizadas.

Financiación: Ministerio de Salud y Protección Social, Secretaria de Salud de Boyacá

Palabras clave: *T. cruzi*, Chagas, *Rhodnius*, vectorial

Garrapatas (Ixodida: Ixodidae) de importancia médica en áreas rurales de Colombia, ¿conocemos los riesgos de infestación e infección?

Juan Carlos Quintero-Vélez^{1,2,3}

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

²Grupo de Investigación Ciencias Veterinarias “Centauro”, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia

³Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales -PECET, Facultad de Medicina Universidad de Antioquia, Colombia

*Presentador: juan.quintero@udea.edu.co

Las garrapatas son ectoparásitos no permanentes que presentan distribución mundial. Se han reconocido alrededor 950 especies que están incluidas en tres familias; Argasidae, Nuttalliellidae y Ixodidae. Los reportes en Colombia de infestación por garrapatas en personas enriquecen el conocimiento acerca de las especies con potencial importancia médica, sobre todo en áreas rurales, olvidadas, muchas veces marginadas y desatendidas. Existen diferentes condiciones que favorecen la infestación por garrapatas en personas, entre las que se destacan, la presencia de animales domésticos, sinantrópicos, silvestres y condiciones asociadas a las viviendas sobre todo las ubicadas zonas rurales. Adicionalmente, las garrapatas son potenciales vectores de infecciones bacterianas, parasitarias y virales. En este sentido, las rickettsias son bacterias que presentan alta relevancia en Salud Pública en Colombia por su carácter de desatención en las áreas donde se han reportado diferentes brotes de rickettsiosis. Alrededor de 11 especies de la familia Ixodidae se han reportado parasitando personas en diferentes regiones de Colombia: *Amblyomma dissimile*, *Amblyomma mixtum*, *Amblyomma oblongoguttatum*, *Amblyomma ovale*, *Amblyomma patinoi*, *Amblyomma sabanerae*, *Dermacentor imitans*, *Dermacentor nitens*, *Rhipicephalus microplus*, *Rhipicephalus sanguineus* sensu lato e *Ixodes tropicalis*. Es importante reconocer las áreas y las ocupaciones a riesgo de infestación por garrapatas, como elemento crucial para tener en cuenta en los programas dirigidos a controlar, prevenir o promocionar los problemas generados por estos incidentes, incluyendo, como causa principal las enfermedades rickettsiales que podrían ser de baja frecuencia de presentación pero son eventos altamente letales y olvidados. Esta presentación pretende ofrecer un panorama acerca de las garrapatas de importancia médica, las condiciones que favorecen su presencia y las infecciones que potencialmente transmiten a las personas o animales.

Palabras clave: *Amblyomma*, *Rickettsia*, salud pública, vector, zoonosis



RESÚMENES TRABAJOS LIBRES

IX Reunión Colombiana
LEISHMANIASIS
y enfermedad de **CHAGAS**

XIX SIMPOSIO
PECET Avances en la
investigación de
enfermedades
tropicales

Unidos contra las enfermedades olvidadas



Centro de Investigaciones en
Microbiología y Parasitología
Tropical
CIMPAT
Universidad de los Andes



PECET
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales



**UNIVERSIDAD
DE ANTIOQUIA**

Facultad de Medicina



APROPIACIÓN SOCIAL DEL CONOCIMIENTO

IX Reunión Colombiana
LEISHMANIASIS
y enfermedad de **CHAGAS**

**XIX SIMPOSIO
PECET**
Asociación en la
investigación de
enfermedades
tropicales





Encuentro de saberes: actualización de conocimientos para la atención básica sanitaria a agentes de salud del departamento del Amazonas, 2022 - 2023

Shirley Bustamante-Fernández¹, Lina Marcela Salazar¹, Esteban Soto¹, Juliana Quintero¹, Susana Ríos¹, Liliana López-Carvajal¹, Angela Sofia Rincón², David Novoa²

¹Grupo de Investigación Clínica PECET (GIC PECET), Sede de Investigación Universitaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

²Amazon Conservation Team -ACT, Bogotá, Colombia

*Presentador: shirley.bustamante@udea.edu.co

Amazon Conservation Team (ACT) es una organización sin ánimo de lucro cuya misión es proteger los bosques tropicales y fortalecer las comunidades locales. Dentro de su línea estratégica de Gobernanza, ACT adelanta un proceso de fortalecimiento de la salud intercultural de los pueblos indígenas en los departamentos de Amazonas y Putumayo. Para fortalecer los conocimientos de los agentes de salud de las asociaciones zonales indígenas AZICATCH, SINTAR, PANI y AIZA, se llevaron a cabo talleres de actualización en conocimientos básicos de salud. La estrategia se centró en acompañar a las comunidades en la planeación y gestión de talleres que, mediante charlas magistrales y ejercicios prácticos, permitieron la transmisión de herramientas metodológicas enfocadas en salud. Esta perspectiva holística permitió que los participantes adquirieran habilidades prácticas y conocimientos teóricos, facilitando un aprendizaje integral y contextualizado, así como la producción de conocimiento para la generación e implementación de acciones de salud intercultural. En total, se realizaron cuatro encuentros en los que se proporcionaron conocimientos clínicos y microbiológicos sobre temáticas específicas de interés para los agentes de salud indígenas, quienes actúan como puente entre la medicina tradicional y occidental. Tres de estos encuentros se dirigieron a 16 agentes indígenas de salud priorizados del departamento de Amazonas, en el municipio de Leticia. Un encuentro adicional se realizó en el municipio de Tarapacá con 24 agentes menos experimentados. Este proceso concluyó satisfactoriamente, permitiendo explorar la salud como un fenómeno que trasciende lo individual y se entrelaza con aspectos socioculturales. Entender esta dimensión intercultural nos permitirá desarrollar estrategias de comunicación más efectivas y empáticas entre profesionales de la salud y comunidades rurales. Financiación: Amazon Conservation Team (ACT)

Palabras clave: comunidad, intercultural, sociocultural, territorio

Conocimientos, actitudes y prácticas sobre leishmaniasis visceral en tres comunas de la ciudad de Neiva

Paola Aránzazu Garzón-Polanía, María Camila Charry-Camacho, Ángel David Salas-Medina, María Eugenia Hernández-Valenzuela, Juan Carlos Zambrano-Arteaga

¹Médicos Fundación Universitaria Navarra-Uninavarra, Neiva, Colombia

²Grupo Navarra Medicina, Fundación Universitaria Navarra-Uninavarra, Neiva, Colombia

³BIOGEN, Grupo de Investigación en Genética y Estudios Genéticos, Universidad de Nariño, Pasto, Nariño

*Presentador: me.hernandez@uninavarra.edu.co

La leishmaniasis visceral es una enfermedad zoonótica, transmitida por vectores del género *Lutzomyia*, de distribución en 98 países, incluyendo Colombia y que puede ocasionar un cuadro clínico grave, que en ausencia de tratamiento puede ser fatal. El objetivo del proyecto fue determinar los conocimientos, actitudes y prácticas adquiridas sobre vectores, reservorios y características de la Leishmaniasis visceral en las comunas 8, 9 y 10 de la ciudad de Neiva en el año 2019. Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal en el que se aplicaron 385 encuestas tipo CAP, con un margen de error del 5% y una confiabilidad del 95%, en tres comunas de la ciudad de Neiva. Se incluyeron personas mayores de 18 años que voluntariamente desearon participar, con previo consentimiento informado. Los resultados determinaron que la mayoría de la población encuestada no conoce la leishmaniasis visceral (77%), no la identifican como una enfermedad zoonótica (52%), ni conocen quién es el agente causal (82%), además, no tienen claridad sobre los síntomas que se presentan en humanos, ni el tratamiento empleado para su manejo. Aunque se han realizado campañas preventivas en las comunas afectadas, el nivel de conocimiento sobre la enfermedad, el vector, el reservorio y las prácticas preventivas específicas para contrarrestar la leishmaniasis visceral, son poco conocidos en la población de estudio, a pesar de que las prácticas y actitudes identificadas son positivas.

Financiación: CIINA-Uninavarra Convocatoria 01-2018

Palabras clave: Enfermedades endémicas, Leishmaniasis, Prevención & control, Salud Pública, Zoonosis

Parásitos a la escuela: proyecto educativo para la prevención de enfermedades parasitarias en la región de Urabá

Ana María López, Andrés Felipe Vélez, Paola González, Sara María Robledo

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

*Presentador: pagonzalezme@gmail.com

Las enfermedades parasitarias tropicales representan un problema de salud pública que afecta principalmente comunidades en condiciones de vulnerabilidad y con un limitado acceso al sistema de salud. A pesar de que estas enfermedades presentan ciclos estables en regiones endémicas, muchas de estas pueden prevenirse a través de intervenciones educativas con las comunidades para reducir el desconocimiento respecto a los patógenos presentes, sus riesgos de transmisión y las estrategias de prevención contextualizadas al territorio. Parásitos a la escuela fue un proyecto educativo cuyo objetivo consistió en promover la prevención de enfermedades parasitarias a través de la educación experiencial, el arte y el desarrollo del pensamiento científico en estudiantes de primaria de escuelas rurales del municipio de Necoclí, Antioquia. Este proyecto fue realizado durante los meses de febrero, marzo y abril del 2024, en las sedes Yoki Nueva Luz, Mi Patria y Algodón Bajo de la Institución Educativa Rural Mulaticos Piedrecitas. Este proyecto fue desarrollado mediante tres módulos de aprendizaje, en los cuales los niños y niñas aprendieron acerca de las enfermedades parasitarias, los impactos del cambio climático sobre su transmisión y diferentes estrategias de prevención. Cada uno de los módulos fue implementado mediante 3 sesiones presenciales en jornada completa con cada una de las sedes, para un total de 27 sesiones

en territorio. Durante estas sesiones los niños y niñas realizaron actividades didácticas guiadas en el aula por gestores educativos (equipo de Ecoepidemiología del PECET), en las cuales a través del arte, la experiencia y el juego, aprendieron acerca de la prevención de enfermedades y fortalecieron habilidades transversales. Abordar la prevención de enfermedades a través de procesos educativos con estudiantes de primaria permite que los niños y niñas crezcan con una cultura del cuidado, la cual pueden compartir con sus familias para fomentar la salud y el bienestar de la comunidad.

Financiación: Banco Universitario de Programas y Proyectos de Extensión - BUPPE - de la Universidad de Antioquia.

Palabras clave: enfermedades parasitarias, educación experiencial, escuelas rurales, comunidades

Un acercamiento a la Enfermedad de Chagas desde la antropología y la comunicación. Dos estudios de caso; “ETVs en el Vichada”, y ¿De qué hablamos cuando hablamos de Chagas? Asociación Civil Hablemos de Chagas

Genny Lilibeth Rengifo-Carvajal¹, Omar Cantillo-Barraza²

¹Departamento de Antropología, Facultad de Ciencias Sociales y Humanas, Universidad de Antioquia, Grupo de investigación MASO. Colombia

²Grupo de Biología y Control de Enfermedades Infecciosas - BCEI, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Antioquia., Medellín, Colombia

*Presentador genny.rengifo@udea.edu.co

La enfermedad de Chagas debe ser considerado como un problema triangular y transversal, que posee condicionantes biológicos, sociales, culturales, políticos y ambientales y que por lo tanto requiere, de aproximaciones integrales (científicas, conocimientos tradicionales) en la búsqueda de respuestas y soluciones. Sin embargo, el abordaje tradicional el cual responde a los sistemas de salud actuales de Latinoamérica se limita generalmente a contemplar a lo biomédico, dejando de lado a un sin número de actores. (Sanmartino, Ale - Arte, Ciencia y Chagas – 2011). Frente a la compleja realidad de la problemática del Chagas, nos congrega la búsqueda de alternativas y respuestas que vayan más allá del horizonte de “lo científico-medico” para sumar nuevos actores y escenarios, rescatando la voz de estos que conviven con la problemática, desde las herramientas sociales, como la cartografía, etnografía, grupos focales, y luego valerse de las herramientas comunicativas, para dar ese paso a la gestión del conocimiento. Por tal razón a través del acercamiento a estas dos experiencias “ETVs en el Vichada-Colombia”, y ¿De qué hablamos cuando hablamos de Chagas? La Plata-Argentina, se genera un análisis crítico de estos dos aportes desde la Antropología y la comunicación social audiovisual. A través de la metodología de estudio de caso, estos pueden ser abordados como parte integral de un enfoque, por ejemplo, los estudios fenomenológicos o etnográficos requieren estudiar a profundidad lo que sucede en un caso o en varios casos, analizando cada caso en particular. En las últimas décadas se han presentado estudios frente a la enfermedad lo cual involucra a la comunidad, donde la prioridad de los investigadores es entender el conocimiento, las aptitudes y las prácticas de la misma y unir esfuerzos para generar nuevas estrategias de prevención, enfocándose en la comunicación. En el Vichada se indagan los conocimientos aptitudes y prácticas en cinco comunidades indígenas, y en Argentina se impacta

desde cuatro enfoques por medio de diferentes estrategias visuales comunicativas. Este análisis concluye la necesidad de fortalecer los estudios con enfoque participativo, que refleje la complejidad de la EC con énfasis en los aspectos comunitarios de las estrategias con una mirada integral y comprender a la salud como una construcción social y comunitaria.

Financiación: Universidad de Antioquia, Secretaria de Salud de la Gobernación del Vichada.

Palabras clave: Antropología, barreras estructurales, contexto cultural, construcción social, comunitaria, estrategias comunicativas

Formación de Gestores comunitarios en Tuberculosis: La academia a la escuela, Estrategia de apropiación social de conocimiento

Tarín Alexandra Lucero-Garzón^{1,2}, Dayana Michell Caucil-Gómez², Dayanna Liseth Gutiérrez-Puentes²

¹Grupo de extensión y Proyección social GEBIODERED, Universidad de la Amazonia

²Semillero de Investigación en Bioanálisis SINBIO, Centro de Investigación de la Biodiversidad Andino Amazónica INBIANAM, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad de la Amazonia, Colombia

*Presentador: t.lucero@udla.edu.co

La Estrategia “La Academia a la escuela”, hace parte del Plan de apropiación social del Conocimiento (ASC): APROPIASALUD, desarrollado por expertos y estudiantes de la Universidad de la Amazonia en concordancia con la política pública de ASC del Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación (MINCIENCIAS); esta pretende democratizar el conocimiento científico en diferentes comunidades, fomentando la educación, sensibilización y participación de los individuos en intervención, desde la epidemiología regional. Está dirigida a estudiantes de secundaria en instituciones educativas, el abordaje integral de la tuberculosis incluye el marco normativo y jurisprudencial incluyendo la Resolución No. 227 de 2020, las generalidades, el diagnóstico bacteriológico y molecular, el fenómeno de farmacoresistencia y el contexto epidemiológico regional, así como la socialización de estrategias exitosas contra la TB; se utiliza la metodología de Aprendizaje basado en juegos (ABJ), en cada jornada se invitan voluntarios para ser formados como gestores comunitarios con enfoque Engage TB, bajo modelo mixto de presencialidad e intermediación virtual con intensidad de 40 horas y son certificados. En el primer semestre del 2024, en las jornadas de capacitación se ha logrado la participación activa de 191 estudiantes de grados decimo y undécimo de las Instituciones educativas Juan Bautista La Salle y Sagrados Corazones de Florencia, Caquetá, y formación y certificación de 15 gestores comunitarios en TB; quienes asistieron a las jornadas educativas, realizaron talleres en plataforma digital y en las sesiones presenciales trabajaron propuestas bajo metodología de idea de cambio. El presente trabajo representa la línea base de formación de gestores en Salud en ambientes escolares de Caquetá, los cuales serán agentes de cambio en la prevención, control y eliminación de la Tuberculosis; la sostenibilidad de la estrategia “La academia a la escuela”, se garantiza con el acompañamiento a los gestores escolares, formando a sus pares en las instituciones, con acompañamiento de los profesionales expertos y la vinculación de estudiantes de pregrado de Programas de Ciencias Biológicas y de la salud a trabajo de enfoque comunitario.

Palabras clave: apropiación social del conocimiento, Engage-TB, gestores comunitarios, tuberculosis

APROPIASALUD-2024, Plan de fortalecimiento de capacidades y erradicación de violencia institucional en Salud, Caquetá, Colombia

Tarín Alexandra Lucero-Garzón¹, John Freddy Perdomo-Ardila²

¹Grupo de extensión y Proyección social GEBIODERED, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad de la Amazonia


²Grupo de extensión y Proyección social GEBIODERED, Facultad de Derecho y Ciencias Políticas, Universidad de la Amazonia

*Presentador: John.perdomo@udla.edu.co

El Plan de apropiación social del Conocimiento (ASC): APROPIASALUD, acorde a política pública de ASC del Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación (MINCIENCIAS-2021) y Plan Nacional de desarrollo Colombia Potencia Mundial de la Vida 2022-2026; propone desarrollar competencias y habilidades en salud en Gestores comunitarios y eliminar la ocurrencia de conductas violentas en las instituciones relacionadas a la atención integral. En Colombia entre 2010-2019, 17% de mortalidad se considera evitable atribuible al sistema de salud (INS-2020); por tanto, es necesario fortalecer las estrategias de intervención integral priorizando las enfermedades de relevancia epidemiológica del territorio y las poblaciones vulnerables o de especial protección. Este modelo participación-acción está enfocado en divulgación del conocimiento sobre las enfermedades, sensibilización, intervención en búsqueda activa de pacientes y abogacía; se incluyeron Tuberculosis, COVID-19, Malaria, Leishmaniasis y parasitismo intestinal; en comunidades indígenas, adultos mayores, población privada de la libertad, niños de 0 a 15 años y profesionales en salud. Se abordó marco normativo y jurisprudencial en Derechos Humanos con énfasis en Salud, la conexidad con la vida y específico, así como las herramientas legales para su protección, las generalidades, prevención, diagnóstico, tratamiento y epidemiología regional; se implementó la metodología de Aprendizaje basado en juegos (ABJ) y se generó el material educacional. Se formaron 19 gestores comunitarios en salud, con cobertura de uno por municipio y 4 para Florencia; trabajaron propuestas bajo metodología de idea de y generaron su propia red comunitaria. El presente trabajo representa la línea base de formación de gestores en Salud con enfoque comunitario en Caquetá, los cuales serán agentes de cambio en la prevención, control y abordaje integral de las enfermedades con énfasis en la gestión y abogacía, garantizando el acceso a los servicios de salud; APROPIASALUD es un plan sostenible de ASC mediante alianza entre la academia y las entidades territoriales, con acompañamiento de los profesionales expertos y la vinculación de estudiantes de Programas de Derecho y Ciencias Políticas, Ciencias Biológicas y de la salud a trabajo de enfoque legal comunitario.

Financiación: Convenio interadministrativo, Gobernación del Caquetá No.20230000041

Palabras clave: apropiación social del conocimiento, educación en salud, derecho en salud, gestores comunitarios



BIOLOGÍA CELULAR, MOLECULAR Y COMPUTACIONAL

IX Reunión Colombiana
LEISHMANIASIS
y enfermedad de **CHAGAS**

XIX SIMPOSIO
PECET Asociación en la
Investigación de
enfermedades
tropicales



Reposicionamiento de fármacos FDA como inhibidores de la β -anhidrasa carbónica de *Leishmania mexicana* (β -ACLM)

Anyela Milena Velasco-Estévez¹, Eyra Liliana Ortiz-Pérez², Gildardo Rivera-Sánchez²

¹Universidad Francisco de Paula Santander, Av Gran Colombia No. 12E-96 Barrio Colsag, Cúcuta, Norte de Santander, Colombia

²Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional, Blvd del Maestro SN, Narciso Mendoza, Reynosa, Tams., México

*Presentador: anyelamilenavees@ufps.edu.co

La leishmaniasis cutánea (LC) es una enfermedad causada por *Leishmania mexicana*, transmitida por la picadura de *Lutzomyia*. La OMS estima 1.000.000 de casos anuales, con el 95% en América del Sur, la Cuenca del Mediterráneo, el Medio Oriente y Asia Central. Los síntomas incluyen lesiones en forma de pápulas que evolucionan a nódulos o placas ulceradas, que pueden volverse crónicas o diseminadas. El tratamiento sistémico para LC incluye miltefosina, pentamidina y anfotericina B liposomal, aunque estos tratamientos pueden causar nefrotoxicidad y resistencia del parásito. Dado que no existen vacunas para LC, la búsqueda de nuevas dianas y alternativas farmacológicas es de carácter urgente. En este sentido, el reposicionamiento de fármacos ha surgido como una alternativa viable e innovadora, redireccionando el uso de medicamentos ya existentes, por lo que en este trabajo, se propuso la búsqueda de potenciales inhibidores de la enzima β -ACLM, considerada como una diana con potencial terapéutico debido a su alta actividad catalítica para generar HCO₃⁻/CO₂, crucial en los procesos vitales del parásito. Para esto, se propuso una evaluación *in silico* que consistió en un cribado virtual de fármacos FDA (DrugBank) derivados de sulfonamidas, el acoplamiento computacional en la β -ACLM y el análisis de interacciones sobre el sitio activo. Del análisis se obtuvieron 556 fármacos que pasaron el punto de corte marcado por inhibidores conocidos (Acetazolamida y Topiramato), de los cuales se propusieron: Par, Ven, Ten, Cic, Sim, Tip, Tri, Gle, Gli y Paz, por su perfil de interacciones (Asp112 y Arg114) sobre el sitio activo y afinidad en un rango de -8.00 a -6.59 kcal/mol, debido a lo cual, se proponen como potenciales inhibidores de esta enzima. Estos fármacos actualmente se utilizan como antiviricos, hipoglucemiantes, diuréticos, anticancerígenos, entre otros.

Financiación: Instituto Politécnico Nacional.

Palabras clave: anhidrasa carbónica, leishmaniasis, reposicionamiento, sulfonamidas

Exploración *in silico* de potenciales compuestos tripanocidas obtenidos de plantas endémicas de Colombia

Mauricio Ochoa-Capera¹, Daniel Pardo-Rodríguez², Julio C. Carranza¹, Gustavo A. Vallejo¹, Daniel A. Urrea-Montes¹

¹Laboratorio de investigaciones en parasitología tropical - LIPT, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

²Metabolomics Core Facility - MetCore, Vice-Presidency for Research, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia

*Presentador: jmochoac@ut.edu.co

Los productos naturales son compuestos biosintéticos encontrados en diversos organismos, los cuales desempeñan funciones metabólicas cruciales o proporcionan mecanismos de defensa y adaptación. Debido a la diversidad de suelos, gradientes altitudinales, sustratos y un clima relativamente estable, Colombia presenta un notable potencial bioeconómico para la explotación de estos compuestos. En el último siglo, se ha investigado la capacidad de estos compuestos para inhibir patógenos como *Trypanosoma cruzi*, el agente etiológico de la enfermedad de Chagas, que afecta tejidos cardíacos y digestivos. Una metodología emergente en este ámbito es la exploración *in silico*, que emplea herramientas computacionales avanzadas para evaluar la capacidad de un compuesto de interactuar con una enzima específica. Por lo tanto, esta investigación evaluó la capacidad de interacción *in silico* de compuestos naturales presentes en Colombia frente a la enzima Cisteína Sintasa, clave en la viabilidad durante el desarrollo de *T. cruzi*. Para ello, se identificaron especies vegetales distribuidas en Colombia y se seleccionaron aquellas con productos naturales documentados en bases de datos como PubChem o NPASS, obteniendo un total de 5906 ligandos. Estos ligandos fueron sometidos a acoplamiento molecular utilizando Autodock-vina para evaluar su potencial inhibitorio. Se escogieron los ligandos con la mejor energía de interacción para cada especie vegetal, así mismo se seleccionaron las 10 especies con compuestos de energías más bajas entre estas. Se encontraron 208 especies con distribución en Colombia pertenecientes a 70 familias taxonómicas. Entre los compuestos con energías favorables de interacción se encuentran los compuestos NPC120503, NPC192147 y NPC23643 (-13.5 kcal/mol) pertenecientes a las especies *Aristolochia elegans*, *Strychnos amazónica* y *Trianthema portulacastrum*, respectivamente. Los análisis de ADMET (Absorption-Distribution-Metabolism-Excretion-Toxicity) sugieren parámetros de drogabilidad variable entre los distintos compuestos de productos naturales. Las energías de interacción observadas anteriormente mencionados podrían postular a estas especies como promisorias para evaluar sus potenciales tripanocidas a través de estudios de dinámica molecular y bioensayos *in vitro*. Este estudio enfatiza en la investigación de compuestos tripanocidas extraídos de productos naturales, específicamente orientados al tratamiento de la enfermedad de Chagas. Además, destaca el potencial económico, biológico y científico, derivado del aprovechamiento de especies promisorias con distribución en Colombia.

Palabras clave: Cisteína sintasa, *in silico*, plantas, productos naturales, *Trypanosoma cruzi*

Efecto de los factores solubles de los componentes celulares humanos en el crecimiento y supervivencia de *Leishmania (V.) panamensis*

Arianna Diaz^{1,2}, Laura Rodriguez¹, Olga Lucia Fernandez¹, María Adelaida Gómez¹

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

²Facultad de Ingeniería Diseño y Ciencias, Universidad Icesi, Cali, Colombia

*Presentador: ariannadiazduranramos@gmail.com

La resistencia a la infección por *Leishmania* depende del componente genético y la respuesta inmune del hospedero, sin embargo, se conoce poco sobre cómo las moléculas solubles en los tejidos del hospedero afectan directamente el crecimiento del parásito. En este estudio evaluaremos el efecto de factores solubles del hospedero sobre el crecimiento y supervivencia de promastigotes y amastigotes de *Leishmania*, y qué biomoléculas afectan el crecimiento del mismo *in vitro*. Con el fin de abordar este propósito, se expondrá un cultivo del parásito al sobrenadante de células mononucleares de

sangre periférica (PBMCs) de donantes sanos infectadas *ex vivo* con *Leishmania*, en comparación con sobrenadante de PBMCs no infectados. Identificaremos las características moleculares de los factores solubles del hospedero que afectan directamente el crecimiento y supervivencia de *Leishmania in vitro*. Esto se fundamenta en observaciones preliminares de nuestro grupo, donde se observó que la exposición de cultivos de promastigotes al sobrenadante de PBMCs indujo el crecimiento y la supervivencia del parásito. Estos resultados sugieren que ciertos compuestos o moléculas presentes en el sobrenadante de PBMCs podrían promover la supervivencia de *Leishmania*. Nuestros hallazgos preliminares también han mostrado que la exposición del cultivo del parásito al sobrenadante de PBMCs (n=3) resulta en un mayor crecimiento y supervivencia del parásito en comparación con el control (medio completo). El entendimiento de los mecanismos subyacentes a estas observaciones contribuye a la comprensión de la interacción parásito-hospedero y su relevancia para la patogenicidad y la persistencia del parásito en el hospedero.

Financiación: Fogarty International Center of the National Institutes of Health (NIH), under award D43 TW006589

Palabras clave: biomoléculas, interacción *Leishmania*-hospedero, Leishmaniasis, PBMCs, plasma, supervivencia

Detección molecular de *Leishmania infantum* y *Leishmania braziliensis* en caninos de áreas rurales de transmisión de leishmaniasis en la Región Caribe colombiana

Daniela Martínez-Berrio, Suljei Cochero-Bustamante, Luis Paternina-Tuirán, Eduar Bejarano

Grupo de Investigaciones Biomédicas, Facultad de Educación y Ciencias, Universidad de Sucre, Sincelejo, Sucre

*Presentador: biol.danielamartinez@gmail.com

La Leishmaniasis es una enfermedad causada por la infección de parásitos flagelados del género *Leishmania*. Los perros son el principal reservorio doméstico del parásito, siendo la leishmaniasis canina una enfermedad grave de tipo sistémico que puede ocasionar diferentes manifestaciones clínicas, como son la Leishmaniasis visceral canina (LVC) y la Leishmaniasis cutánea canina (LCC). En este trabajo, se realizó la detección y tipificación de especies del género *Leishmania* en caninos procedentes de áreas de transmisión activa de leishmaniasis cutánea y visceral en nueve localidades de los departamentos de Sucre, Bolívar, Córdoba y Cesar. Se realizó la extracción de ADN a 319 muestras de sangre periférica de caninos, se amplificó el ADN de *Leishmania* mediante una PCR anidada utilizando la secuencia parcial del gen ITS1. Fueron secuenciados veinte (20) productos de PCR con el fin de identificar las especies de *Leishmania* presentes, las secuencias obtenidas se compararon con bases de datos del GenBank. Se encontró ADN de *Leishmania* en el 41% de las muestras analizadas por PCR (131/319), de las secuencias obtenidas dos muestras corresponden a *Leishmania braziliensis* (98% de identidad) y el resto a *Leishmania infantum* (99-100% de identidad). Se confirma la circulación de *Leishmania infantum* y *Leishmania braziliensis* en caninos en áreas de transmisión activa de leishmaniasis en la Región Caribe colombiana, esta información es fundamental para entender los ciclos epidemiológicos y contribuir al diseño de estrategias de control en esta región del país.

Financiación: Proyecto BPIN 2020000100024, Fondo de Ciencia, Tecnología e Innovación (FCTel) del SGR.

Palabras clave: caninos, detección, *Leishmania*, PCR anidada

Caracterización de propiedades biofísicas y morfométricas de *L. amazonensis*, *L. guyanensis* y *L. panamensis* con potencial diagnóstico diferencial

Diana Carolina Ochoa-Cabezas^{1,2}, Abelino Vargas-Jiménez^{1,3}, Yenny Yolanda Lozano-Jiménez¹

¹Escuela de Ciencias Básicas y Aplicadas, Universidad de la Salle, Bogotá-Colombia

²Maestría en Microbiología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá-Colombia

³Laboratorio de Biofísica, Centro Internacional de Física, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá-Colombia

*Presentador: diochoa@unisalle.edu.co

La leishmaniasis es una enfermedad causada por parásitos del género *Leishmania*, que afecta principalmente zonas tropicales y subtropicales del planeta. Esta afección se presenta frecuentemente en poblaciones vulnerables, siendo catalogada como una enfermedad emergente en el territorio colombiano. El diagnóstico especie-específico es a menudo complicado, y la existencia de tratamientos incompletos o con dosis subletales potencia la generación de parásitos quimio-resistentes. A pesar de la gran cantidad de estudios disponibles, no se han reportado caracterizaciones biofísicas que puedan contribuir al desarrollo de técnicas de diagnóstico diferencial entre especies y que evidencien, además, cambios en las propiedades físicas de los parásitos asociados a la quimio-resistencia; que al mismo tiempo mantengan la resolución de los métodos moleculares. Por ende, en este trabajo se caracterizaron algunas propiedades biomecánicas de *L. panamensis*, *L. guyanensis* y *L. amazonensis* mediante técnicas como la determinación de la densidad por establecimiento del punto isopícnico, en condiciones fisiológicas normales y bajo exposición a dosis subletales de Anfotericina B (AnfB). Adicionalmente, se evaluaron los tamaños de las tres especies mediante el uso de microscopía con el programa ImageJ. Como resultados del estudio se encontró que la especie *L. amazonensis* presenta una morfometría diferente, puesto que su flagelo y cuerpo son más largos que las otras dos especies estudiadas; no obstante, el ancho parece tener poca variación entre especies. La densidad como propiedad biofísica es una medida muy sensible ya que encontramos que para las especies evaluadas es diferente y cambia dependiendo del estadio del ciclo de vida, por lo que puede ser una medición que ayude a determinar etapas de la metaciclologénesis de forma específica, además presenta variaciones ante la exposición a AnfB. Estos resultados demuestran que propiedades biofísicas, como la densidad y el tamaño, pueden utilizarse para la identificación de especies. Esto contribuiría a un uso selectivo de fármacos a nivel terapéutico, dependiendo de la especie relacionada con la manifestación clínica del paciente.

Financiación: VRIT Universidad de la Salle, proyecto No. DCBS212-196.

Palabras clave: identificación especie-específica, Leishmaniasis, propiedades biofísicas, quimio-resistencia

Evaluación de la prueba Lamp para el diagnóstico de leishmaniasis tegumentaria americana

Aide Sandoval-Juarez, Diana Meza-Mori, Josseling Ruiz-Palomino, Olga Torres-Gonzales, Nyshon Rojas-Palomino

Instituto Nacional de Salud, Lima, Perú

*Presentador: asandoval@ins.gob.pe

En el mundo, la Leishmaniasis representa un serio problema de salud pública; el diagnóstico se realiza mediante métodos parasitológicos, inmunológicos y moleculares, en este último, la PCR en tiempo real es una herramienta que, dependiendo del marcador empleado puede alcanzar valores elevados de sensibilidad y especificidad, sin embargo su desarrollo requiere de equipamiento e infraestructura de mediana complejidad lo que dificulta su implementación especialmente en áreas endémicas de la región. El objetivo del presente estudio fue evaluar la prueba LAMP para el diagnóstico de Leishmaniasis Tegumentaria Americana. Se evaluaron 100 muestras de tejido obtenidos mediante lancetas, 100 muestras de los extendidos de tejido en láminas y 60 muestras negativas a leishmaniasis, así como 11 muestras de ADN de otras patologías. Se evidenció que la prueba LAMP presenta una especificidad diagnóstica del 100% y una sensibilidad del 97%, así mismo, de manera independiente las muestras de lancetas presentaron una especificidad diagnóstica del 100% (IC: 99,2 - 100,0%) y una sensibilidad del 97% (IC: 93,2 - 100,0%); en tanto con muestras extraídas de láminas se obtuvo una especificidad diagnóstica del 100% (IC: 99,2 - 100,0%) y una sensibilidad del 36% (IC: 26,6 - 45,4%). La repetibilidad y reproducibilidad de método presentó un índice kappa de 1.0, correspondiente a un grado de acuerdo casi perfecto; así mismo el análisis bajo la curva ROC tanto para las muestras de lancetas como de los extendidos en láminas se obtuvo un valor de 0,98 (0,95-1,0) y 0.73 (0,67- 0,82) respectivamente, el cual no mostró una diferencia significativa para el ensayo LAMP, lo que evidencia que el método LAMP es una prueba de diagnóstico alternativa especialmente en áreas donde no es posible la implementación de la PCR en tiempo real. Finalmente, nuestros resultados permiten concluir que, la prueba de LAMP es una alternativa simple y eficiente en el diagnóstico molecular de la leishmaniasis tegumentaria americana.

Financiación: Instituto Nacional de Salud, Lima, Perú

Palabras clave: Leishmaniasis, Reacción en cadena en Tiempo Real de la Polimerasa, Amplificación isotérmica mediada por bucle LAMP

Expresión y localización del transportador de glucosa TcHT1 en los estadios del insecto de *Trypanosoma cruzi*

Ana María Escarraga-Valderrama, Daniel Antonio Bocanegra-Ochoa, Natalia Ibagón-Rivera, Juan Felipe Osorio-Méndez, Diana Carolina Henao-Arias

Corporación Universitaria Empresarial Alexander Von Humboldt, Armenia-Colombia

*Presentador: aescarraga285@cue.edu.co

Trypanosoma cruzi es un parásito obligado que debe adaptarse a diferentes ambientes con variada disponibilidad de nutrientes, incluyendo la glucosa. Esta molécula requiere atravesar las membranas celular y glucosomal para su aprovechamiento por el parásito. Se piensa que esta función es realizada principalmente por el transportador TcHT1, miembro de la superfamilia de facilitadores principales (MFS). Se ha demostrado la expresión de transportador en el epimastigote y el tripomastigote sanguíneo, encontrándose únicamente en el glucosoma, sin embargo, la expresión de este transportador es reducida en los amastigotes. No se ha estudiado detalladamente la expresión de TcHT1 en los estadios del insecto, ni sus mecanismos de regulación. En este trabajo se analizó la expresión de TcHT1 por RT-qPCR en epimastigotes en fases de crecimiento exponencial y estacionaria, y en tripomastigotes metacíclicos. Se amplificaron transcritos maduros del gen en todas las formas del parásito analizadas, con un incremento en la expresión en los epimastigotes en fase estacionaria (fold change= $1,63 \pm 0,1$) y en los tripomastigotes metacíclicos (fold change= $3,2 \pm 1,03$) en comparación con la fase exponencial. La localización de TcHT1 en estos estadios se analizó expresándola como una proteína de fusión con la proteína verde fluorescente (EGFP). Análisis por microscopía de fluorescencia de los parásitos recombinantes muestran una localización consiste con la membrana celular del parásito. Se están realizando ensayos para determinar si los epimastigotes de *T. cruzi* modulan la expresión de TcHT1 según la disponibilidad de glucosa, como se ha reportado en otros organismos. Por lo tanto, nosotros planteamos evaluar la localización y expresión del transportador TcHT1 en epimastigotes y tripomastigotes metacíclicos de *T. cruzi* X1081 cultivados en altas y bajas concentraciones de glucosa. Los resultados obtenidos sugieren que a medida que la glucosa en el medio de cultivo se agota, la expresión de los transportadores como TcHT1 aumenta, sin embargo, aún está pendiente realizar experimentos de expresión génica en diferentes concentraciones de glucosa.

Financiación: Corporación Universitaria Empresarial Alexander von Humboldt, Programa de Medicina, Semillero de parasitología, Armenia, Quindío.

Palabras clave: Glucosa, TcHT1, transportador de glucosa, *Trypanosoma cruzi*

Diversidad genómica y variación genética de *Leishmania panamensis* dentro de su área de endemismo

Alejandro Llanes¹, Génesis Cruz², Michelle Morán¹, Carlos Vega², Vanessa J. Pineda³, Margarita Ríos³, Homero Penagos⁴, José A. Suárez³, Azael Saldaña³, Ricardo Leonart¹, Carlos M. Restrepo¹

¹Centro de Biología Celular y Molecular de Enfermedades, Instituto de Investigaciones Científicas y Servicios de Alta Tecnología (INDICASAT AIP), Panamá, Panamá, Panamá

²Escuela de Biología, Facultad de Ciencias Naturales, Exactas y Tecnología, Universidad de Panamá, Panamá, Panamá, Panamá

³Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud (ICGES), Panamá, Panamá, Panamá.

⁴Hospital Regional Dr. Rafael Hernández, Caja de Seguro Social, David, Chiriquí, Panamá

*Presentador: allanes@indicasat.org.pa

Las especies del subgénero *Leishmania* (*Viannia*) son importantes agentes causales de leishmaniasis cutánea y mucocutánea en Latinoamérica. A pesar de ser la especie de *Leishmania* más común que circula en Colombia y Panamá, relativamente pocos trabajos han estudiado aislados clínicos de *Leishmania panamensis* utilizando técnicas de secuenciación de genomas completos. El bajo

número de secuencias disponibles ha limitado las investigaciones orientadas a entender la estructura poblacional de este parásito. En este trabajo, utilizamos secuencias de genomas completos de cepas circulantes de *L. panamensis* aisladas de pacientes provenientes de Colombia y Panamá, con vistas a caracterizar la diversidad genética y estructura poblacional de este parásito en su área de endemismo. Se utilizó la plataforma Illumina para secuenciar los genomas de 22 aislados de *L. panamensis* colectados en distintas provincias de Panamá. Se incorporaron, además, 19 aislados de origen colombiano, previamente secuenciados usando una estrategia similar. Las secuencias de ambos grupos de aislados se alinearon al genoma de referencia de *L. panamensis* y estos alineamientos se utilizaron para la identificación de variantes genéticas. Dichas variantes se usaron para inferir las relaciones filogeográficas entre los aislados y caracterizar la estructura poblacional del parásito. Nuestros resultados sugieren la presencia de tres grupos geográficamente correlacionados (designados como Lpan1, Lpan2 y Lpan3) en cepas circulantes de *L. panamensis*. Los resultados sugieren, además, la existencia de grupos filogeográficos adicionales en regiones situadas fuera del área muestreada. Los análisis de genética poblacional respaldan la existencia de un modo de reproducción mixto en *L. panamensis*, con una frecuencia variable de eventos de recombinación genética, los cuales parecen ocurrir principalmente dentro de subpoblaciones de cepas estrechamente relacionadas. De hecho, algunos aislados parecen tener un carácter híbrido con trasfondo genético que apunta a más de uno de los grupos filogeográficos antes mencionados. El ejemplo más representativo es el de un aislado colectado en la provincia fronteriza de Darién en Panamá, el cual comparte información genética de los grupos Lpan1 y Lpan2. Estos resultados sientan las bases para investigaciones posteriores sobre aspectos ecoepidemiológicos de *L. panamensis* y otras especies del subgénero *L.* (*Viannia*).

Palabras clave: diversidad genética, estructura poblacional, leishmaniasis, *Leishmania panamensis*

Análisis estructural de la quinasa Akt de *Trypanosoma cruzi* para el diseño de inhibidores específicos con actividad tripanocida

Lesly Johanna Ortiz-Joya¹, Karina Stadler², Amit Singh Sahrawat², Christoph Buhllheller², Sergio Andrés Pulido-Muñoz¹, Marcel Marín-Villa¹, Klaus Zangger², Nina Kerstin Gubensäk²

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

²Instituto de química y biología molecular, University of Graz, Graz, Austria

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

La quinasa Akt ha sido estudiada como diana terapéutica en números investigaciones en oncología dado que su activación favorece la progresión tumoral y la resistencia a fármacos. De igual forma, investigaciones recientes han explorado su potencial como diana farmacológica para el tratamiento de la diabetes, Parkinson, enfermedades cardiovasculares, el síndrome metabólico y la esquistosomiasis. En línea con el creciente interés en la Akt, el estudio molecular y celular de esta enzima en *Leishmania* spp y *Trypanosoma* spp apoyan la hipótesis que inhibidores de la Akt de *T. cruzi* (TcAkt) representan una alternativa para el tratamiento de la enfermedad de Chagas. En este trabajo como estrategia para el desarrollo de compuestos con actividad tripanocida, generamos información estructural detallada de la TcAkt acoplando técnicas de Resonancia Magnética Nuclear (RMN), acoplamiento molecular y Dinámica Molecular (DM), resaltando regiones esenciales para

su actividad enzimática, con claras diferencias estructurales con el ortólogo humano HsAkt-1, resaltando posibles regiones para la inhibición de la quinasa TcAkt. Construimos un modelo estructural de la TcAkt con el servidor AlphaFold y los resultados estructurales de su dominio de homología a Pleckstrin (PH) que previamente elucidamos por RMN (PDB ID: 8OZZ). Confirmamos la interacción del dominio PH con fosfatidilinositoles (PIP) empleando el método de mapeo de desplazamiento químico, a través de espectros 1H-15N HSQC de la proteína con el grupo soluble Ins(1,3,4,5)P4 del ligando PI(3,4,5)P3. De igual forma, seguimos el comportamiento de unión con diferentes PIP, con simulaciones de DM utilizando los ligandos Ins(1,3,4,5)P4, Ins(1,3,4)P3, Ins(1,3,5)P3 e Ins(1,4,5)P3 y analizamos sus preferencias de unión calculando el área de superficie accesible al disolvente y el área de superficie no disponible de cada uno de los ligandos cuando se unen al dominio. Finalmente, proponemos un modelo de activación de la quinasa TcAkt a través de la interrupción inducida de la interfaz interdominio (entre el dominio PH y el dominio quinasa) por interacción con los PIP presentes en la membrana. Estos resultados muestran la viabilidad de la quinasa Akt de *T. cruzi* como diana farmacológica, constituyendo la base para el diseño racional de inhibidores basado en estructura para tratamientos de la enfermedad de Chagas.

Financiación: MinCiencias-Colombia (Código del proyecto:111577757016).

Palabras clave: AKT, biología estructural, Chagas, dominio pleckstrin RMN, inhibidores

Coinfección por *Leishmania* spp. y *Trypanosoma cruzi* en perros (*Canis familiaris*) de dos municipios del Caribe colombiano

Samuel Hernández-Vera, Wilmer Mejía-Chima, Matilde Rivero-Rodríguez, Suljey Cochero-Bustamante, Eduar Bejarano-Martinez

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

*Presentador: samuelhernandezvera08@gmail.com

En Colombia, la leishmaniasis y la enfermedad de Chagas son enfermedades endémicas, que se transmiten principalmente por vectores y representan graves problemas de salud Pública. Los agentes etiológicos y los vectores de ambas enfermedades no son los mismos, pero si pueden llegar a compartir ambientes, reservorios y presentar reacción cruzada cuando se aplican pruebas serológicas. El perro doméstico (*Canis familiaris*) ha sido incriminado como el principal reservorio para *Le. infantum*, debido a su estrecha relación con el hombre, altos niveles de infección, entre otros. Además, *C. familiaris* también se puede infectar con *T. cruzi*. Por esta razón, en este trabajo se busca evaluar la frecuencia de coinfección con parásitos de género *Leishmania* y *T. cruzi* en perros de áreas rurales del municipio de Valledupar y de área rural y urbana del municipio de Ovejas. Para lo cual, se tomaron un total de 237 muestras sanguíneas, 79 provenientes del área rural del municipio de Valledupar (veredas Murillo y Los Laureles), 50 muestras del área rural del municipio de Ovejas (vereda flor del monte) y 107 del área urbana de este mismo municipio. Las muestras sanguíneas recolectadas fueron dispuestas en dos alícuotas, la primera para obtener suero sanguíneo y aplicar una prueba rápida y la segunda para las pruebas moleculares. La extracción de ADN se realizó mediante el método de altas concentraciones de sales acoplado a cloroformo alcohol isoamílico (24:1). Una vez obtenido el ADN, se evaluó su viabilidad mediante la amplificación de un fragmento de 623 pb del gen Cyt-B de mamífero. Seguidamente, se realizó una



PCR anidada utilizando los cebadores LITSR y L5.8S para primera ronda y SAC y VAN2 para segunda ronda, con lo que se buscó amplificar un fragmento de la región ITS-1 de *Leishmania*. Por otro lado, para la detección de *T. cruzi*, se buscó amplificar una una región conservada del minicírculo del kinetoplasto. Los productos de PCR fueron visualizados en gel de agarosa 1,5 % en transiluminador. De los 237 perros estudiados, se obtuvo trece (13) positivo por prueba rápida, sesenta y tres (63) positivos por PCR para *Leishmania* spp., 20 positivos para *T. cruzi* y se encontraron 10 caninos infectados con ambos parásitos. Teniendo en cuenta estos resultados, se demuestra la coinfección de los caninos con estos parásitos tripanosomatídeos en zona rural del municipio de Valledupar y en zona rural y urbana del municipio de Ovejas.

Financiación: Proyecto Código BPIN 2020000100024

Palabras clave: *C. familiaris*, coinfección, rural, urbana

Cultivo in vitro de amastigotes de *Leishmania braziliensis* en células DH82

Olga Torres-Gonzales, Claudia Ximena Delgado-Sandoval, Aide Sandoval-Juarez, Nyshon Rojas-Palomino

Instituto Nacional de Salud, Lima, Perú

*Presentador: otorresg@ins.gob.pe

La leishmaniasis, enfermedad prevalente en Perú, afecta principalmente a la población residente de los valles interandinos de la costa, sierra y selva. El desarrollo de estudios relacionados a la identificación de tratamientos alternativos, identificación de genes de interés para la supervivencia del patógeno, de pronóstico de la enfermedad, así como la comprensión de su patogénesis, requiere del desarrollo de la investigación en estadios promastigote y principalmente amastigote de *Leishmania* por ser la forma presente en el hospedero. Nuestro objetivo fue obtener *in vitro* amastigotes de *Leishmania braziliensis* utilizando la línea celular DH82 que corresponde a histiocitos de perro. Se cultivó promastigotes de *L. braziliensis* en medio bifásico de agar sangre y medio líquido Drosophila Schneider's suplementado con suero fetal bovino al 20% y antibióticos. Luego, se infectó la línea celular DH82 en la proporción de 10 parásitos: 1 célula, en un frasco de cultivo celular de 75 cm² a una confluencia celular del 90%, se llevó a incubación a 37°C y 5% de CO₂ durante 72 horas, con monitoreo diarios en microscopio invertido y mediante muestras coloreadas con Giemsa en microscopio de campo claro, al término del cual se logró obtener formas amastigotes *in vitro* en una concentración de 6x10⁵ parásitos por mililitro. Con la finalidad de evidenciar la viabilidad de las formas amastigotes obtenidas *in vitro*, fueron inoculados los parásitos en medio Drosophila Schenider's suplementado con SFB al 20% y antibióticos e incubados a 26°C, con monitoreos microscópico diarios, se observó la conversión a formas promastigotes al 3 día post inoculación. Este procedimiento representa una herramienta alternativa para la obtención el estadio amastigote para futuros estudios relacionados a la identificación de biomarcadores asociados a la expresión de genes de interés de pronóstico de la enfermedad, que contribuyan a la comprensión de la biología del parásito y el desarrollo de posibles estrategias terapéuticas.

Palabras clave: amastigotes, células DH82, Leishmaniasis, *L. braziliensis*, promastigotes

Determinación molecular de la presencia de *Trypanosoma cruzi*, bacterias endosimbiontes y fuente de alimentación sanguínea en *Rhodnius colombiensis* silvestres procedentes de Coyaima- Tolima

Angie Natalia Varon-Saavedra¹, Gustavo Adolfo Vallejo², Rafael José Vivero¹, Gloria Ester Cadavid¹, Claudia Ximena Moreno-Herrera¹

¹Grupo de investigación en Microbiodiversidad y Bioprospección MICROBIOP, Departamento de Biociencias, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Medellín, Colombia

²Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical. Departamento de Biología. Facultad de Ciencias, Universidad del Tolima, Ibagué, Tolima

*Presentador: anvarons@unal.edu.co

La enfermedad de Chagas, causada por el parásito *Trypanosoma cruzi*, es de gran relevancia en la salud pública en América Latina, ya que es considerada como una enfermedad desatendida con diversas formas de transmisión a los seres humanos siendo la transmisión vectorial de importancia en temas de salud ambiental y humana. En Tolima, vectores secundarios como *Rhodnius colombiensis* han ganado gran importancia epidemiológica debido a la domiciliación de estadios adultos y a la alta prevalencia del parásito, aumentando el riesgo de transmisión en áreas donde se han controlado otros vectores como *R. prolixus*. En el intestino, las bacterias juegan un rol importante en la homeostasis, el metabolismo y fisiología, motivo por el cual generar información sobre la interacción microbio-*Trypanosoma* es importante. Entre ellos, bacterias endosimbiontes son de gran interés por su uso potencial en el control biológico de enfermedades transmitidas por vectores. Entender las interacciones entre las bacterias, el parásito y la influencia de la fuente de alimento pueden ser crucial para la comprensión de los aspectos ecoepidemiológicos de vectores. En este estudio, se realizó un análisis molecular del tracto intestinal de *R. colombiensis* silvestres del municipio de Coyaima-Tolima con el objetivo de identificar la presencia de *T. cruzi*, endosimbiontes bacterianos y las fuentes de alimentación sanguínea del insecto. Se evaluaron un conjunto de cebadores específicos para *T. cruzi*, endosimbiontes como *Wolbachia*, *Arsenophonus*, *Microsporidia* y *Cardinium* y para ingesta sanguínea con el gen RNA ribosomal 12S y Citocromo b del DNA intestinal de triatomíneos de estadios ninfales y adultos. Se detectaron muestras positivas para *T. cruzi* en el 95%, *Cardinium* en el 33% y *Arsenophonus* en el 4.4%, mientras, *Microsporidia* y *Wolbachia* no se detectaron en las muestras de *R. colombiensis*. Las muestras evaluadas de ingesta sanguínea se identificaron como provenientes de *Didelphis marsupialis* (zarigüeyas), que actualmente se consideran uno de los reservorios silvestres de la infección más importantes. Este estudio ofrece información valiosa sobre los endosimbiontes en *R. colombiensis*, esencial para futuras investigaciones y estrategias de control biológico. Además, proporciona un estado de las interacciones entre bacterias, parásitos y fuentes de ingesta en *R. colombiensis*, para comprender mejor el ciclo eco epidemiológico local en Coyaima-Tolima.

Palabras clave: insecto vector, Chagas, *Arsenophonus*, *Wolbachia*, zarigüeyas

Distribución de genotipos de *Trypanosoma cruzi* en una zona endémica de Chagas en Honduras: Resultados preliminares

Joel García^{1,2}, Elisa Alcántara-Henríquez^{1,2}, Marcio Godoy^{1,3}, María Mercedes Rueda¹, Wilfredo Sosa-Ochoa²

¹Departamento de Parasitología, Escuela de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Tegucigalpa 11101, Honduras

²Instituto de Investigaciones en Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Tegucigalpa 11101, Honduras

³Escuela de Microbiología, Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Tegucigalpa 11101, Honduras

*Presentador: joel.garcia@unah.edu.hn

Trypanosoma cruzi se divide en seis unidades discretas de tipificación (Discret Typing Units, DTU): TcI, TcII, TcIII, TcIV, TcV, TcVI y Tc Bat, recientemente descrito. Las DTUs presentan diferencias importantes, entre ellas el ciclo de transmisión y circulan entre pacientes, reservorios y vectores. En Honduras, hay un solo reporte donde se describió la presencia de genotipos diferentes a TcI (non-TcI) en muestras de madres gestantes y se espera que estos genotipos pueden también estar presentes en *Triatoma dimidiata*, principal vector de *T. cruzi* en Honduras. La relevancia de esta investigación se centra en adquirir información sobre la distribución de DTUs que circulan en el vector *T. dimidiata*. Actualmente, no se conoce cuales DTUs circulan en *T. dimidiata* de Honduras. Con este fin, se llevó a cabo un estudio descriptivo, seleccionando áreas urbanas, periurbanas y rurales de algunas zonas mediante el análisis de boletines epidemiológicos de la Secretaría de Salud de Honduras. Se colectaron triatominos mediante búsqueda activa y pasiva (insectos llevados al centro de salud). A las chinches colectadas se les realizó extracción de ADN para análisis moleculares dirigidos a detectar infección por *T. cruzi* y luego proceder con la caracterización de las DTUs. Se procesaron mediante PCR para detectar *T. cruzi* un total de 31 chinches, de estas, 13 (42%) resultaron positivas para *T. cruzi*. Las chinches positivas luego fueron analizadas mediante un algoritmo de genes basado en PCR, caracterizándose los genotipos de 5 individuos. Los genotipos caracterizados fueron: TcIII y TcIV. Como conclusiones preliminares del presente estudio podemos mencionar: se caracterizan por primera vez los genotipos de *T. cruzi* presentes en *T. dimidiata*, colectadas en Honduras. Los resultados de este estudio llenan un vacío con relación a los genotipos de *T. cruzi* que pueden estar circulando en *T. dimidiata*, contribuyendo a la comprensión de la distribución geográfica y diversidad genética de *T. cruzi* en el vector mencionado.

Financiación: Instituto de Investigaciones en Microbiología (IIM), Facultad de Ciencias, UNAH. Proyecto: Distribución de genotipos de *Trypanosoma cruzi* de zonas endémicas a la enfermedad de Chagas en Honduras.

Palabras clave: Chagas, DTUs, PCR, *Triatoma dimidiata*

Diversidad genética y genómica comparativa de aislados clínicos de *Leishmania (Viannia)*

Laura Natalia Gonzalez-Garcia¹, María Paula Rodriguez¹, Marcela Parra-Muñoz², Ana Clavijo², Laura Levy¹, Clemencia Ovalle-Bracho³, Claudia Colorado³, Carolina Camargo³, Eyson Quiceno⁴, Maria Juliana Moncada⁴, Carlos Muskus⁴, Daniel Alfonso Urrea⁵, Felipe Baez-Aguirre⁶, Silvia Restrepo^{1,6}, María Clara Echeverry², Jorge Duitama¹

¹Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia

²Universidad Nacional de Colombia – Sede Bogotá, Bogotá, Colombia

³Hospital Universitario Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta E.S.E., Bogotá, Colombia

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

⁵Universidad del Tolima. Ibagué, Colombia

⁶Boyce Thompson Institute, Ithaca, NY, USA

*Presentador: ln.gonzalez138@uniandes.edu.co

La leishmaniasis es una antropozoonosis producto de la infección por protozoarios del género *Leishmania* transmitidos por la picadura de flebotomos del género *Lutzomyia*. Estos parásitos presentan un complejo ciclo de vida y cuando infectan a los humanos producen un amplio espectro de características clínicas y epidemiológicas asociadas posiblemente con su propia diversidad genética y a la del hospedero. El conocimiento de la diversidad genética del parásito es un paso inicial para comprender de mejor manera su interacción con el hospedero vertebrado y su dinámica de transmisión. Por tanto, este estudio analiza la información genómica de 205 aislados de *Leishmania (Viannia)*, incluyendo 66 aislados clínicos colombianos sin datos genómicos previos. La diversidad genómica observada entre los lugares de muestreo confirma la separación de los dos grandes grupos de especies *L. (V.) braziliensis/peruviana* de *L. (V.) panamensis/guyanensis*, y sugiere una rápida adaptación del parásito frente a diferentes condiciones ambientales. Adicionalmente, el estudio aborda la secuenciación y ensamblaje del genoma a nivel cromosómico de 10 aislados colombianos que representan las especies y sus poblaciones. Estos aislados mostraron una alta conservación entre los genomas de las especies incluidas al evaluar el contenido génico y sintenia. Sin embargo, el análisis pangénomico mostró una variación en el número de copias para diferentes familias de genes entre las especies. Con la reconstrucción del pangénoma, se evidenció un mayor número de copias de genes de la familia de las amastinas y mayor diversidad que los reportes basados en el análisis de datos de lectura cortas. Este trabajo proporciona recursos genómicos para continuar explorando la diversidad de *Leishmania* en Colombia e identificar marcadores poblacionales que permitan ampliar el conocimiento en la biología del parásito, sus dinámicas de transmisión, evolución de mecanismos de virulencia, y propagación de los mecanismos de resistencia.

Financiación: Minciencias [Patrimonio autónomo del Fondo Nacional de Financiamiento para la ciencia, la tecnología y la innovación Francisco José de Caldas. Contract 80740-441-2020].

Palabras clave: genoma, *Leishmania*, nanopore, pangénoma

Optimización de un protocolo de secuenciación metagenómica para la detección de virus ARN causantes de enfermedad febril aguda

Daniel Bernardo Ramirez-Osorio¹, Carlos Muskus², José Aldemar Usme-Ciro¹

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

²Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales -PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

*Presentador: daniel.ramirezo@udea.edu.co

Las zoonosis son el origen de algunas infecciones virales al favorecer los saltos entre especies. De la diversidad viral, los virus ARN representan la mayor proporción de patógenos humanos, además de ser agentes con potencial emergente; un ejemplo son los virus ARN transmitidos por mosquitos, un grupo de interés en los países tropicales por su alta incidencia epidémica que causan una sintomatología común: la enfermedad febril aguda (EFA). Un cuadro clínico inespecífico que no permite vincular la enfermedad a una etiología particular necesita pruebas confirmatorias para el agente en cuestión especialmente en zonas de co-circulación viral. La secuenciación de próxima generación permite la identificación de agentes virales infecciosos. Además, el enriquecimiento a través de aproximaciones dirigidas a patógenos específicos ha demostrado un aumento significativo en la sensibilidad y cobertura de la información específica, lo que supone una utilidad potencial en la vigilancia genómica de alta resolución. En 2023, los casos de dengue alcanzaron un máximo histórico con alrededor de 5 millones de infecciones en el mundo; así mismo, el riesgo de reemergencia viral por efectos del cambio climático es común entre arbovirus, como el virus de la encefalitis equina venezolana (VEEV). Por tales razones, nuestro objetivo es optimizar un protocolo experimental y computacional para la identificación metagenómica de arbovirus, tomando como modelo los virus DENV y VEEV, empleando secuenciación por nanoporos. Usando una base de datos generada para virus ARN causantes de EFA, se diseñaron cebadores a través del *pipeline* MSSPE, para ser utilizados en el enriquecimiento durante la síntesis del ADNc, en paralelo a un enfoque no sesgado de amplificación de transcriptoma, para su posterior secuenciación. Las bibliotecas se secuenciarán en el sistema MinION Mk1c de *Oxford Nanopore Technologies*, seguido del análisis bioinformático para la asignación taxonómica de lecturas virales. La herramienta de enriquecimiento MSSPE permitió obtener un amplio set de oligonucleótidos que cubren la variabilidad genética de *Orthoflavivirus denguei*, *Chikungunya virus*, *Orthoflavivirus zikaense*, *Madariaga virus*, *Mayaro virus*, *Orthoflavivirus flavi*, VEEV, *Western equine encephalitis virus* y *Orthobunyavirus oropoucheense*. La implementación de nuevas estrategias de secuenciación fortalece la vigilancia de arbovirus de interés en salud pública en regiones tropicales.

Financiación: D43 Fogarty Training Program “Colombia-U.S. Fogarty training program on the impact of emerging zoonotic and vector-borne diseases in acute undifferentiated febrile illnesses” 5D43TW010331.

Palabras Clave: enfermedad febril aguda (EFA), metagenómica, secuenciación de próxima generación, virus

Estudio Latino Americano: búsqueda de *Leishmania*, *Trypanosoma cruzi* y la microbiota en vectores y reservorios de enfermedades tropicales

Edith A. Fernández-Figueroa¹, Pilar Salas-Rodríguez¹, Luis Rojas-Pineda¹, Deborah V. Espinosa-Martínez^{2,3}, Nalleli Loria-Cervera⁴, Erika Sosa-Viviano⁴, Karina López-Ávila⁴, Nohemi Cigarroa-Toledo⁵, Karla Y. Acosta-Viana⁵, José Israel Chan Pérez⁵, Carlos M. Baak-Baak⁶, Magdalena Ramírez-Martínez⁷, Carlos Mata-Somarribas⁸, Andrea Chaves⁹, Marcia Dalastra-Laurenti¹⁰, Vânia L. Ribeiro da Matta¹⁰, Jorge J. Rodríguez-Rojas¹¹, César A. Ríos-Muñoz¹²

¹Núcleo B de Innovación en Medicina de Precisión, Instituto Nacional de Medicina Genómica, México.

²Universidad Nacional Autónoma de México, México City, México

³Laboratorio de Arqueozoología, Subdirección de Laboratorios y Apoyo Académico, Instituto Nacional de Antropología e Historia, México City, México

⁴Laboratorio de Inmunología, Universidad Autónoma de Yucatán, Yucatán, México

⁵Laboratorio de Biología Celular, Universidad Autónoma de Yucatán, Yucatán, México

⁶Laboratorio de Arbovirología, Universidad Autónoma de Yucatán, México

⁷Centro Universitario de la Costa Sur, Universidad de Guadalajara, Guadalajara, México

⁸Escuela de Biología, Universidad de Costa Rica, San José, Costa Rica

⁹Centro Nacional de Referencia de Parasitología, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud, San José, Costa Rica

¹⁰Laboratório de Patologia de Molestias Infecciosas, Universidade de São Paulo, Brasil

¹¹Universidad Autónoma de Nuevo León, México

¹²Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, México

*Presentador: efernandez@inmegen.gob.mx

En América Latina existen áreas endémicas de leishmaniasis, enfermedad de Chagas y arbovirosis consideradas enfermedades desatendidas y que afectan a millones de personas en condiciones de pobreza y en los últimos años también consideradas enfermedades de viajeros. Utilizando diversos biomarcadores para tamizaje de patógenos por biología molecular y NGS como *Leishmania*, *Trypanosoma cruzi*, virus dengue y microbiota, hemos cuestionado la interacción del vector, el huésped y el microorganismo de cada enfermedad. Con este objetivo, se conformó, en 2021, un grupo multicéntrico y multidisciplinario para estudiar la triada epidemiológica de cada enfermedad que incluye estados del Norte, Centro-Oeste y Sureste de México, Honduras, Costa Rica y Brasil. Logramos obtener la secuencia completa del maxicirculo de 10 genes de *Leishmania*, 3 de ellos (12S, 9S and ND7) logran separar filogenéticamente *Leishmania infantum* de Brasil vs Honduras que por RFLP se identifican como la misma especie pero generan formas clínicas diferentes. El establecimiento del ciclo de transmisión de *Leishmania* que determina la aparición de la enfermedad en los pacientes depende de la abundancia relativa de vectores y especies reservorios, demostramos que *Lutzomyia longipalpis*, *Lu. cruciata* y *Psatromyia cratifer* fueron las especies más abundantes capturadas en el sureste de México y la infección se detectó en el 48,3% de los vectores. Logramos tamizar e identificar *Trypanosoma cruzi* y determinar las DTUs circulantes en triatominos de 4 estados de México donde no se han estudiado ampliamente. Estos estudios en México tienen como objetivo comprender las bases moleculares de la infección y la enfermedad de *Leishmania* y *Trypanosoma cruzi*. Además, logramos identificar estos mismos microorganismos en DNA de sangre periférica de primates en cutiverio y de vida libre de 4 especies diferentes en Costa Rica, siendo este un primer estudio en este país. Finalmente, estamos estudiando la diversidad de bacterias en los intestinos de vectores de *Leishmania*, *Trypanosoma cruzi* y arbovirus en el sureste de México, para determinar que otros patógenos pueden estar siendo transmitidos por

estos vectores. Este esfuerzo multicéntrico representa un avance sustancial para cada país y los investigadores involucrados.

Financiación: Presupuesto Semilla anual del INMEGEN-EAFF (2023 & 2024); Proyectos CONAHCyT: CF-2023-I-678 and CF-2019/6682 (EAFF).

Palabras clave: *Leishmania*, *Trypanosoma cruzi*, microbiota; PCR, tamizaje

Evaluación de Exovesículas (EVs) y Biomarcadores Procoagulantes Sugieren Condiciones Pre-Trombóticas en la Cardiomiopatía Chagásica Crónica en Colombia

Jeiczon Jaimes-Dueñez¹, Luis Eduardo-Echeverría², Karen Álvarez³, Lyda Z.-Rojas⁴, Sergio Alejandro Gómez-Ochoa², Laura Daniela-Muñoz², María Cantillo-Reines², Marisol Tique-Oviedo¹, Diana Isabel Cáceres-Rivera⁵, Yurany Eresbey-Granada⁶, Omar Triana-Chávez⁶

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

²Grupo de Investigación en Ciencias Cardiovasculares de la Fundación Cardiovascular de Colombia - Fundación Cardiovascular de Colombia (FCV), Floridablanca, Colombia

³Grupo de Inmunología Celular e Inmunogenética (GICIG), Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia (UDEA), Medellín, Colombia

⁴Grupo de Investigación y Desarrollo de Conocimiento en Enfermería (GIDCEN), Fundación Cardiovascular de Colombia (FCV), Floridablanca, Colombia

⁵Grupo de Investigación para el Fortalecimiento de la Salud y el Bienestar GIFOSABI, Facultad de Enfermería, Universidad Cooperativa de Colombia (UCC), Bucaramanga, Colombia

⁶Grupo de Biología y Control de Enfermedades Infecciosas -BCEI, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Antioquia., Medellín, Colombia

*Presentador: jeiczon.jaimes@campusucc.edu.co

La cardiomiopatía de Chagas (CCC) está asociada con trastornos de coagulación que con frecuencia culminan en eventos trombóticos, los cuales contribuyen a un incremento significativo en las tasas de mortalidad a causa de esta condición clínica. Considerando el efecto demostrado que tienen las vesículas extracelulares (EVs) en la regulación de procesos inflamatorios, coagulación y angiogénesis, el presente estudio tiene como objetivo caracterizar los diferentes tipos de EVs y su relación con los trastornos de coagulación en pacientes con CCC. Se evaluaron un total de 78 pacientes, con un 46.1% (36/78) representando el grupo CCC, un 8.9% (7/78) con cardiomiopatía no relacionada con la enfermedad de Chagas (grupo CM), y un 44.8% (35/78) comprendiendo individuos clínicamente sanos (grupo de control). La concentración de EVs en plasma (EVs/mL) para cada individuo se evaluó utilizando citometría de flujo, junto con la proporción de EVs que expresan PSGL-1 (EVs PSGL-1+), Factor Tisular (EVs TF+) y CD41a (EVs CD41a+). Se midió la capacidad de los EVs para inducir la agregación plaquetaria utilizando espectrofotometría. También evaluamos otros biomarcadores protrombóticos, incluyendo el recuento plaquetario, el tiempo de tromboplastina parcial activada (TTPA), el tiempo de protrombina (TP) y los niveles de dímero D. Los resultados revelaron niveles elevados de dímero D en el grupo CCC, acompañados de una disminución en el recuento de EVs por mL de plasma y un aumento significativo en la proporción de EVs PSGL-1+ ($P < 0.05$) en comparación con el grupo de control. Otros parámetros no mostraron diferencias significativas entre los grupos. Los niveles elevados de EVs PSGL-1+ en

el grupo con CCC pueden atribuirse a procesos inflamatorios miocárdicos, que, al interactuar con la p-selectina derivada de plaquetas, podrían promover la formación de trombos, como lo indican los niveles aumentados de dímero D en este grupo.

Palabras clave: Cardiomiopatía de Chagas, Exovesículas, CD41a, PSGL-1, Factor Tisular, dímero D, Eventos Trombóticos

Evaluación del rendimiento analítico de la PCR 12S-9S para el diagnóstico de la leishmaniasis y tipificación de especies

Yasaldis Arias¹, Marcela Parra-Muñoz¹, Andrés Gonzalez²

¹Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca

²Hospital Universitario Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta. Bogotá-Colombia

*Presentador: yariasp.ass.bl@gmail.com

La identificación precisa de especies de *Leishmania* en el diagnóstico de la enfermedad tiene implicaciones clínicas positivas en el tratamiento. La OMS recomienda la identificación de especies junto con un diagnóstico confirmado en pacientes con leishmaniasis para facilitar la planificación del tratamiento, evaluar el pronóstico y recopilar información epidemiológica. La amplificación del gen *miniexon* permite la identificación de las especies *L. (L.) amazonensis*, *L. (L.) mexicana* y *L. (L.) chagasi*. Sin embargo, no discrimina entre las especies del subgénero *Viannia*, por lo cual se deben realizar cortes con enzimas de restricción y usar otros marcadores moleculares para la identificación de especies pertenecientes a este subgénero. El ITS entre las subunidades ribosomales 12S-9S del maxicirculo del kDNA parece ser una alternativa para la tipificación de especies del subgénero *Viannia*, debido a que en ensayos bioinformáticos se logra observar una banda de tamaño diferente entre las especies *L. (V.) braziliensis*, *L. (V.) panamensis* y *L. (V.) guyanensis*. Sin embargo, el rendimiento analítico de la amplificación por PCR con este marcador molecular no se ha evaluado, debido a que su uso para la tipificación de especies de *Leishmania* no se ha reportado en la literatura. Dos analistas independientes determinaron el límite de detección y la repetibilidad del ensayo (sensibilidad analítica). Asimismo, se evaluó la concordancia en la tipificación de especies entre el algoritmo Gold Standard *miniexon-hsp70*, con este marcador molecular. El límite de detección de la técnica fue de 0,001 ng/μl de DNA y el acuerdo de concordancia Kappa en el ensayo de repetibilidad fue 1. El acuerdo de concordancia Kappa para la tipificación de especies fue de 0.250, DE 0.059, IC 95% 0.096 – 0.404, lo que refiere un acuerdo bajo. Los resultados obtenidos permiten un adecuado diagnóstico de la leishmaniasis y una probable posibilidad para mejorar la identificación de especies.

Palabras clave: diagnóstico clínico, leishmaniasis, maxicirculos de ADN cinetoplasto, reacción en cadena de la polimerasa, tipificación molecular

La enfermedad de Chagas en Venezuela: del Genotipo a la Clínica

Hernán José Carrasco¹, Anaibeth Nessi², Marlenes Rodríguez¹

¹Sección de Epidemiología Molecular, Instituto de Medicina Tropical, Facultad de Medicina, Universidad Central de Venezuela

²Escuela de Bioanálisis, Facultad de Medicina, Universidad Central de Venezuela

*Presentador: hjcarrasco@yahoo.com

El *Trypanosoma cruzi*, parásito hemoflajelado causante de la enfermedad de Chagas, tiene un ciclo de vida que se lleva a cabo en los mamíferos y en los insectos triatomíneos transmisores de la infección. Su distribución va desde el sur de los Estados Unidos hasta el norte de Argentina y Chile. Según el consenso de Brasil del año 2009, *T. cruzi* se clasifica en seis Unidades Discretas de Tipificación, (DTUs) o genotipos, denominadas TcI, TcII, TcIII, TcIV, TcV y TcVI, incluyendo actualmente TcBat. Existe diferencia en cuanto a la distribución geográfica de los genotipos. Las manifestaciones clínicas de esta enfermedad se asocian al genotipo infectante. TcI está asociado a cardiomiopatía desde el sur de USA al norte de Argentina, TcII a cardiomiopatía y megasíndromes en el Cono Sur; TcIV al Norte de América del Sur, infección humana con clínica aparente de menor severidad, TcV y TcVI en Argentina, Bolivia, Chile y Brasil con cardiomiopatía y megasíndromes y por último TcIII, el cual tiene clínica desconocida debido a que su detección en humanos no está bien dilucidada y solamente se reporta su presencia en el ciclo de vida silvestre. En Venezuela el genotipo TcI es el de mayor distribución y predomina en la mayoría de las infecciones humanas encontrándose una mayor severidad de las condiciones clínicas de los pacientes infectados. El genotipo TcIV también está presente en infecciones humanas pero en menor proporción, siendo la condición clínica de estos pacientes menos severa en comparación con el TcI. En cuanto al genotipo TcIII, solo ha sido hallado en el ciclo de vida silvestre. En Venezuela, la enfermedad de Chagas es un problema de salud pública, predominando en áreas geográficas de pie de monte y viviendas con paredes de bahareque y techo de palma, facilitando la infestación por *Rhodnius prolixus*, el principal vector de la enfermedad, seguido de *Triatoma maculata*, de distribución peridoméstica y, finalmente, *Panstrongylus geniculatus*, considerado un vector selvático, pero sin embargo se ha encontrado ampliamente distribuido y adaptado al hábitat urbano de la región capital de Venezuela, lo cual se ha manifestado con los brotes orales ocurridos en esta zona del país.

Financiación: FONACIT-MPPCT, Proyecto 2024.

Palabras clave: enfermedad de Chagas, genotipos, *Trypanosoma cruzi*, Venezuela

Reactivación de la Enfermedad de Chagas en pacientes postrasplante. Lineamientos Nacionales para su seguimiento

Maryi Lorena Segura-Alba¹, María Angelica Salinas N.², Yudy Alejandra Patiño A.², Yazmin Rocío Arias M.², Liliana Jazmín Cortés Cortes¹, Angela Patricia Guerra Vega. Yanira Andrea Romero Barbosa¹, Martha Stella Ayala Sotelo¹

¹Instituto Nacional de Salud, Subdirección Laboratorio Nacional de Referencia-Grupo de Parasitología

²Instituto Nacional de Salud, Subdirección Red Nacional de Trasplantes y Bancos de Sangre- Grupo Red Nacional de Donación y Trasplante de Órganos y Tejidos

*Presentador: msegura@ins.gov.co

La Enfermedad de Chagas (ECh) producida por el parásito *Trypanosoma cruzi* es endémica en 21 países de América Latina, afecta cerca de 6 a 8 millones de personas. En Colombia, de acuerdo con la información del programa nacional de prevención y control de la ECh, se estima que la población expuesta asciende a 12.288.270 de personas. En la fase crónica; afecta en su mayoría a personas entre los 20 a 50 años; entre el 20 a 30% de las personas con infección por *T. cruzi* sufren afectaciones predominantemente cardíacas, insuficiencia cardíaca grave; algunas complicaciones constituyen una indicación para trasplante de corazón. Se ha demostrado que el uso del tratamiento inmunosupresor en el post trasplante favorece la reactivación de la ECh, la cual puede llegar a confundirse con un rechazo del injerto y agudizar su manifestación; en pacientes con reactivación se presentan manifestaciones que afectan al órgano trasplantado. La reactivación post trasplante es causa de mortalidad por rechazo agudo en el 10% de los casos, puede ocurrir desde el momento del trasplante, sin manifestaciones clínicas durante el primer mes y con signos y síntomas de reactivación en promedio a los 60 días post trasplante, el pronóstico dependerá de la oportunidad en el diagnóstico y tratamiento. En países como Brasil, Estados Unidos y España han establecido protocolos para identificar la reactivación de la enfermedad post trasplante, para identificación del parásito, detección y tratamiento de la reactivación de la ECh de manera oportuna, lo que favorece la sobrevida del receptor y del injerto. Las tasas de infección por transmisión donante-receptor pueden llegar a ser del 75% (trasplante cardíaco), 29% (trasplante hepático) y hasta 18,7% (trasplante renal). El INS ha conocido seis casos positivos por reactivación de Enfermedad de Chagas (ECh) en un paciente con trasplante cardíaco, con una mortalidad notificados a los sistemas de vigilancia, por lo tanto, se establece el lineamiento para el seguimiento de pacientes con trasplante de corazón y antecedentes de Enfermedad de Chagas (ECh), con el fin de detectar oportunamente la reactivación de la enfermedad, instaurar tratamiento oportuno y disminuir e impactar la morbilidad y mortalidad asociada a ésta.

Palabras clave: Enfermedad de Chagas, reactivación, trasplante de órganos

Estandarización de una PCR en tiempo real para la detección de *Ralstonia solanacearum* filotipo IIB/4 a partir de muestras de suelo rizosférico

Maria Juliana Moncada-Díaz¹, Daniel Osorio-Giraldo^{1,2}, Maria Alejandra Villamizar-Monsalve¹, Diego Alexander Guerra-Arias¹, Harold Alexander Vargas-Hoyos^{1,2}, Luz Edith Argel-Roldan², Carlos Enrique Muskus-López¹, Juan Esteban Perez-Jaramillo¹, Stiven Saldarriaga Buriticá¹

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

²Centro de Investigaciones del Banano (Cenibanano) Carepa, Colombia

*Presentador: stiven.saldarriaga@udea.edu.co

Se sabe que la bacteria fitopatógena *Ralstonia solanacearum* (*R. solanacearum*) causa la enfermedad del Moko, uno de los problemas fitosanitarios más limitantes en los cultivos de banano y plátano, provocando importantes impactos económicos y largos tiempos de cuarentena en las unidades agrícolas productivas. El desarrollo de un método de diagnóstico específico y sensible para este patógeno en suelo y tejidos vegetales, resultan una prioridad para evitar sus efectos negativos en las áreas plantadas con musáceas. En este trabajo se propone una metodología basada en PCR

en tiempo real para la detección de la bacteria a partir de muestras de rizosfera. Los cebadores se diseñaron basándose en el gen que codifica la endoglucanasa (*egl*) de *R. solanacearum* filotipo IIB/4 y las condiciones óptimas de qPCR se estandarizaron utilizando SYBR Green para la amplificación de un fragmento de 108 pb. Se seleccionó un método altamente sensible, amplificando hasta $9,6 \times 10^{-6}$ ng/ μ L de ADN obtenido de células de cultivo bacteriano. Posteriormente, se confirmó la alta sensibilidad experimental analizando muestras de suelo con ADN inoculado con concentraciones conocidas y ADN total de muestras de suelo sin *R. solanacearum*. Todas las muestras de ADN del suelo sin bacterias no mostraron amplificación, mientras que todas las muestras del suelo de la rizosfera infectadas con *R. solanacearum* fueron positivas. La especificidad se determinó utilizando ADN de los patógenos vegetales *Xanthomonas* sp. y *Pectobacterium* sp. donde no se observó reacción de amplificación positiva. Este método de detección y cuantificación de *R. solanacearum* aplicado a muestras de suelo, previo al establecimiento de cultivos de banano y plátano, puede implementarse como medida preventiva contra la enfermedad de Moko, lo que resulta en efectos beneficiosos sobre la salud y la productividad de las plantas.

Financiación: Minciencias - SGR, Proyecto: 581-2019.

Palabras clave: enfermedad del Moko, fitopatógenos, *Ralstonia solanacearum*, qPCR, suelo rizosférico

El núcleo genómico de cepas de *Ralstonia solanacearum* y su relación con la patogénesis en plantas

Stiven Saldarriaga-Buriticá^{1*}, Juan Esteban Perez-Jaramillo¹, Cristian David Grisales-Vargas¹

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

*Presentador: stiven.saldarriaga@udea.edu.co

La bacteria *R. solanacearum* comprende un complejo de especies con amplia gama de cepas que varían en sus orígenes geográficos, rangos de hospedadores y determinantes de patogenicidad. Actualmente, es considerada como uno de los fitopatógenos más devastadores en la producción agrícola a nivel mundial. Durante la interacción *Ralstonia solanacearum*-hospedero vegetal, se ha demostrado que varios rasgos genéticos y fenotípicos contribuyen a la patogenicidad y virulencia de las cepas de la bacteria. Mediante el uso de datos transcriptómicos de diferentes cepas obtenidos durante el proceso de infección de sus hospedadores vegetales, se identificaron funciones de un núcleo común de genes diferencialmente expresados entre las cepas de *R. solanacearum* UW163, IBSBF1503 y UY031. A través del uso de herramientas bioinformáticas que permiten predecir el potencial codificante y sus posibles funciones, se analizaron los genes pertenecientes al núcleo común identificado en el proceso de patogénesis, y se encontraron diferencialmente expresadas funciones relacionadas con procesos de transporte y metabolismo de azúcares, detoxificación de compuestos celulares nocivos como algunos compuestos nítricos, entre otros. Se proponen las probables funciones de dicho núcleo entre las cepas de *R. solanacearum* analizadas en el contexto de un posible mecanismo común de infección que pueda ser empleado para futuros estudios de control biológico de este patógeno.

Palabras clave: bioinformática, patogénesis, interacción, RNA-seq dual, núcleo genómico

Presencia del virus RNA de *Leishmania* 1 (*LRV1*) en una cepa de laboratorio de la especie *Leishmania mexicana*

Erika Muñoz¹, Andrea Rivera², Gulnara Borja³, Patricio Rojas-Silva^{1,2}

¹Instituto de Microbiología y Programa de Maestría en Microbiología, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales COCIBA, Universidad San Francisco de Quito, Quito-Ecuador

²Carrera de Ingeniería en Biotecnología, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales COCIBA, Universidad San Francisco de Quito USFQ, Quito-Ecuador

³Colegio de Ciencias de la Salud, Universidad San Francisco de Quito USFQ, Quito-Ecuador

*Presentador: projas1@usfq.edu.ec

La leishmaniasis tegumentaria americana está presente en varias regiones tropicales y subtropicales del Ecuador con una incidencia aproximada de 27.9-36.1/100 mil habitantes. Ocho especies han sido identificadas, siendo *Leishmania. braziliensis* y *L. guyanensis* las más comunes. Se ha reportado la infección viral en especies del subgénero *L. Viannia* y *L. Leishmania* por virus denominados virus RNA de *Leishmania* (*LRVs*) y diversos estudios han identificado que la presencia de *LRVs* puede evocar una respuesta hiperinflamatoria y/o falla en el tratamiento farmacológico en los pacientes con leishmaniasis tegumentaria. En el Ecuador no existen reportes de especies de *Leishmania* infectados con *LRVs* ni la distribución espacial. Para este fin, se ha planteado un estudio que busca identificar las especies de *Leishmania* y la presencia de *LRVs* en muestras de pacientes ecuatorianos afectados con leishmaniasis tegumentaria provenientes de diferentes zonas endémicas del país. Previo al inicio del estudio, se estandarizó el protocolo de trabajo con 7 cepas de la colección del Instituto de Microbiología: 2 *L. (L.) mexicana*, 3 *L. (V.) braziliensis*, 1 *L. (V.) guyanensis* y 1 *L. (S.) tarentolae*. Cada especie fue confirmada mediante secuenciación con ONT del gen Cyt b. Las secuencias parciales del gen de la proteína de la cápside y del gen de la RNA polimerasa dependiente de RNA (RdRp) se amplificaron y secuenciaron mediante ONT, comparándolas luego con las secuencias depositadas en GenBank. La amplificación y secuenciación del gen Cyt b confirmó las especies estudiadas y 4 cepas, 1 *L. (L.) mexicana*, 2 *L. (V.) braziliensis* y 1 *L. (V.) guyanensis*, resultaron positivas para *LRV1*, mientras que ninguna fue positiva para *LRV2*. Los análisis BLAST y filogenético confirmaron que los virus correspondían a *LRV1*, y tres de ellos al subtipo *LRV1-4*. Así, se confirmó que la cepa *L. (L.) mexicana* fue positiva para *LRV1*. La presencia de *LRV* en las especies del subgénero *L. Viannia* era esperado. Sin embargo, no existen reportes previos de la presencia de *LRVs* en especies americanas del subgénero *L. Leishmania* como sí se ha reportado para las especies del Viejo Mundo *L. major*, *L. aethiopica* y *L. tropica*.

Financiación: Collaboration Grant 2023 del Decanato de Investigación USFQ.

Palabras clave: leishmaniasis tegumentaria americana, *Leishmania mexicana*, *Leishmania RNA virus-1*, Oxford Nanopore Technology, Totiviridae

Región codificante de los maxicírculos del kDNA sugieren la presencia de haplogrupos en aislados colombianos de *Trypanosoma cruzi*

Germán Andrés Duarte Olaya¹, Aura Maria Rodriguez Guzman¹, Brayhan Dario Suarez¹, Omar Cantillo Barraza², Paola Andrea Ortiz¹, Julio César Carranza Martínez¹, Gustavo Adolfo Vallejo¹, Jorge Duitama³, Daniel Alfonso Urrea Montes¹

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

²Grupo de Biología y Control de Enfermedades Infecciosas -BCEI, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Antioquia., Medellín, Colombia

³TICSw: Tecnologías de Información y Construcción de Software, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia

*Presentador: gafeliped@ut.edu.co

La enfermedad de Chagas es una enfermedad zoonótica causada por los protozoos intracelulares de la especie *Trypanosoma cruzi*. El cual dentro de la misma especie ha sido clasificado en 7 unidades de tipificación discretas (TcI-TcVI y TcBat) siendo TcI la DTU predominante 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 *T. cruzi* circulante en Colombia es limitada. El presente trabajo tuvo como objetivo evaluar la presencia de posibles clusterizaciones entre los aislados colombianos *T. cruzi* mediante análisis de variabilidad genómica y redes haplotípicas a partir del maxicírculo del kDNA. Se secuenciaron 60 aislados colombianos pertenecientes a los departamentos de Tolima, Arauca, Casanare, Magdalena, Caquetá, Amazonas, Antioquia y Boyacá por tecnología Illumina HiSeq (150 pb paired-end reads. 350 pb insert). La calidad de las lecturas fue evaluada mediante el software FastQC, bases con valores Phred inferiores a 30 fueron filtradas. Para el análisis genómico, se empleó la región codificante completa del maxicírculo perteneciente al genoma colombiano de *T. cruzi* cepa Dm25 (ASM3648588v1), 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 POPArt, lo que permitió visualizar el comportamiento de estos haplogrupos intraespecie. Los 60 aislados secuenciados mostraron variabilidad del 9,41% (1464 posiciones), las cuales permitieron definir 12 haplotipos de los cuales el 29,5% corresponde a aislados individuales. La genealogía de haplotipos produjo un total de 2 haplogrupos (H1 - H2), de los cuales H1 representa el 63,9 % del total de aislados pertenecientes a diferentes regiones geográficas y diferentes hospederos y vectores. Por su parte, H2 está conformado por 4 aislados de *T. cruzi* procedentes de *Rhodnius pallescens* colectados en el departamento de Antioquia. La baja divergencia genética encontrada en los haplotipos de TcI concuerda con estudios previos basados en el análisis de regiones mitocondriales de TcI en otras regiones.

Palabras clave: Colombia, Genómica, haplogrupos, maxicírculo, *Trypanosoma cruzi*

Triatominos y flebótomos: Bioinformática como una de las herramientas para su estudio

Gloria I. Giraldo-Calderón

Eck Institute for Global Health, University of Notre Dame, Indiana, USA

*Presentador: gloriaisabelgiraldo@gmail.com

Con conocimientos básicos en bioquímica, genética y/o biología molecular, tienes todo lo necesario para adquirir competencias fundamentales en bioinformática básica y realizar estudios con datos ómicos. Demostraré cómo buscar datos, como genomas y transcriptomas, en bases de datos públicas y utilizarlos para nuevas investigaciones. Solo necesitarás citar a los autores que realizaron la secuenciación inicial al plantear y responder nuevas preguntas e hipótesis de investigación, ajustándote al diseño experimental de las muestras colectadas. Como ejemplos tendremos a *Rhodnius prolixus* y *Lutzomyia longipalpis*, para quienes hemos llevado a cabo la secuenciación, ensamblaje e identificación de genes en el genoma (ADN). ¿Por qué es esto relevante? Analizar el genoma de estos triatominos y flebótomos proporciona información valiosa sobre su biología, ecología, competencia vectorial y evolución; aspectos cruciales para un control eficaz de estos vectores. Además del genoma, se han secuenciado diversos transcriptomas, que reflejan la expresión génica (ARN mensajero) en condiciones naturales o experimentales en el “momento” del muestreo. ¿Qué estudios se pueden realizar a partir de un genoma? Estudios cuantitativos de calidad, edición de modelos génicos (e.g., predicción en el número y extensión de los exones en un gen) y la identificación de genes de interés, como los relacionados con la hematofagia, detoxificación e inmunidad. ¿Y a partir de un transcriptoma? Estudios de expresión diferencial para comparar qué genes están sobre expresados y en qué magnitud, considerando variables como la interacción parásito-vector, ingesta de sangre versus glucosa y el desarrollo de antenas en diferentes estadios. Para estos análisis, existen numerosos recursos y herramientas bioinformáticas de libre acceso con interfaz gráfica en línea, como vectorbase.org, usegalaxy.org y metazoa.ensembl.org (tinyurl.com/mrx754ze), lo cual facilita concentrarse en la interpretación biológicamente de los resultados obtenidos, mucho más que en los métodos. Se recomienda leer las ediciones especiales de enero y julio de la revista *Nucleic Acids Research* (academic.oup.com/nar), que presenta numerosos recursos bioinformáticos (oxfordjournals.org/nar/database/c/). Esta charla, por tanto, ofrece una oportunidad para compartir las bases necesarias para el análisis de datos ómicos y su aplicación en investigaciones biológicas y médicas.

Palabras clave: bases de datos, datos ómicos, flebótomos, herramientas bioinformáticas, triatominos

Caracterización de la Calcineurina en diferentes formas de *Leishmania amazonensis*

Deborah Brandt-Almeida, Ismael Pretto Sauter, Thalita C. S. Ferreira, Patrício Reyes Orrego, Osayanne Fernandes, Mauro Cortez

Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade de São Paulo, Brasil

*Presentador: mcortez@usp.br

La leishmaniasis es una enfermedad tropical desatendida, causada por el parásito protozoo *Leishmania*, que se transmite por insectos flebotomos durante la ingestión de sangre. Estos parásitos infectan diferentes células inmunes fagocitarias mediante dos principales formas infectivas, las llamadas promastigotes metacíclicos (liberados durante la ingesta de sangre) o amastigotes (principal forma que se mantiene durante la infección de los mamíferos), las cuales presentan importantes diferencias relacionadas con la morfología, mecanismos moleculares y proteínas funcionales específicas, relacionadas con el ciclo biológico de *Leishmania*. La calcineurina (CaN) es una fosfatasa dependiente de Ca^{2+} , implicada en diferentes procesos celulares relacionados con la termo-tolerancia y la adaptación al estrés oxidativo. En este estudio, examinamos las dos formas infectivas (promastigotes y amastigotes) de la especie *Leishmania amazonensis*, analizando CaN en función de su actividad, expresión y localización de esta importante enzima parasitaria. Los promastigotes (fase estacionaria que contiene formas metacíclicas) y los amastigotes se trataron con inhibidores específicos de CaN (ciclosporina A, FK506) y la viabilidad del parásito se midió mediante un ensayo de MTT. Para analizar la expresión de CaN, la cantidad total de extracto proteico de las diferentes formas del parásito se analizó mediante técnica de *Western blot*, utilizando anticuerpos específicos contra CaN. Para la localización intracelular, realizamos dos técnicas: Fraccionamiento celular del parásito y posterior *Western blot* (fracciones de citoplasma, membrana plasmática, nuclear y citoesqueleto) y microscopía de inmunofluorescencia (incluida la microscopía confocal) para visualizar la ubicación intracelular de CaN. El promastigote y el amastigote de *L. amazonensis* presentan diferente susceptibilidad a los inhibidores de CaN. Cuando ambas formas se tratan con 80 μ M de FK506, más del 90% de ambas formas infecciosas son viables. Sin embargo, los promastigotes son más susceptibles a la CsA, lo que disminuye la viabilidad del parásito al 60 % (40 μ M) y al 35 % con 80 μ M, en comparación con los amastigotes que son más resistentes, con casi el 80 % todavía viable con 80 μ M de tratamiento. Más importante aún, CaN se expresa diferencialmente en ambas formas, presentando diferencias en su localización dependiendo de la forma infectiva, lo que sugiere una funcionalidad distinta según las diferentes necesidades de las diferentes formas en relación a esta importante enzima durante el ciclo biológico de *Leishmania*.

Caracterización y evaluación mediante análisis *In silico* de dos péptidos sintéticos contra proteínas de *Leishmania mexicana*

Jairo Mercado- Camargo¹, Leonor Cervantes-Ceballos¹, Harold Gómez-Estrada¹, Carmen Diaz¹, Fredy Sánchez-Hoyos^{1,2}, Marcelo Kogan², Eyleen Araya-Fuentes²

¹Grupo de Investigación en Química Orgánica Medicinal. Facultad de Ciencias Farmacéuticas, Universidad de Cartagena, Campus de Zaragocilla, 130001, Cartagena-Colombia

²Facultad de Química Farmacéutica, Universidad de Chile, Chile

*Presentador: jmercadoc@unicartagena.edu.co

Los péptidos antimicrobianos (AMP's) son pequeños péptidos que constan de 5 a 100 residuos de aminoácidos con diversos pesos moleculares, que han demostrado ser candidatos alternativos en la industria farmacéutica debido a su versatilidad y potencial, ya que durante mucho tiempo han presentado actividad antileishmanial, antifúngicos, anticancerígenas entre otras, contra varias especies de *Leishmania*. El presente trabajo tiene como propósito evaluar mediante análisis *in silico* la posible actividad antileishmanial de los dos péptidos frente a un conjunto de 8 blancos

moleculares claves perteneciente parásito del género *L. mexicana*. Los péptidos se sintetizaron basado en la metodología Fmoc/tBu y caracterizado mediante HPLC-ESI-QTOF y espectroscopía UV/Vis. Para el análisis in silico, las secuencias peptídicas seleccionados se descargaron de la base de datos ParaPep (<https://webs.iitd.edu.in/raghava/parapep>). La estructura de lo péptidos temporina 1sa y Syn-safencina 82 a través del servidor I-TASSER fueron modelada sus estructuras 3D. Todas las estructuras 3D de las proteínas diana de *L. mexicana* tales como leishmanolisina (PDB:1LML), piruvato quinasa (PDB: 1PKL), gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa (PDB: 1A7K), triosa fosfato isomerasa (PDB: 1AMK), aldolasa (PDB: 1EPX), fosfoglucosa isomerasa (PDB: 1Q50), arginasa (PDB: 4ITY) y cisteína peptidasas A (PDB: 2C34) se descargaron del Protein Data Bank RCSB (PDB). El docking molecular se realizó con cada proteína y los péptidos usando el servidor web HawkDock. Los péptidos sintetizados temporina 1sa (13 aminoácidos de longitud) y Syn-safencina 82 (25 aminoácidos de longitud) presentaron un ion molecular de 1380.8187 y 3041.8773 respectivamente. En el docking molecular los mejores scores lo presentaron los complejos entre 1LML-Peptido 1Sa -2696,68 kcal/mol y el complejo 1Q50-peptido Syn82 -3540,13 kcal/mol, respectivamente. La dinámica molecular ambos complejos durante el tiempo de simulación de 100 ns buena estabilidad, con RMSD promedio de 0.175 ± 0.015 nm para el complejo 1LML-Peptido 1Sa y de 0.448 ± 0.088 nm.

Palabras clave: *Leishmania mexicana*, Docking Molecular, Dinamica Molecular temporina 1sa y Syn-safencina 82

Detección de *Leishmania* en sangre de pacientes con leishmaniasis tegumentaria y su asociación con la evolución de la enfermedad

Milagros Mayta¹, José Luis Sierra², María Cruz-Saldarriaga³, Fátima Concha-Velazco⁴, Julieta Tupayachi-Muñiz⁵, Percy Huaihua⁶, Sueline Luis⁶, Jorge Arévalo^{6,7}, María Antonieta Quispe-Ricalde^{1,2}

¹Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco, Cusco, Perú

²Laboratorio de Genética y Biotecnología Microbiana, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco, Cusco, Perú

³IMTAvH-UPCH, Lima, Perú

⁴Departamento de Medicina Humana, Facultad de Medicina Humana, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco

⁵Hospital Adolfo Guevara Velasco ESSALUD, Cusco, Perú

⁶Laboratorio de Pathoantígenos, Laboratorios de Investigación y Desarrollo, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú

⁷Departamento de Bioquímica, Facultad de Ciencias y Filosofía, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú

*Presentador: antonieta.quispe@unsaac.edu.pe, 201984@unsaac.edu.pe

La leishmaniasis son un espectro de enfermedades causadas por el protozoo parásito *Leishmania*. La forma clínica más común es la leishmaniasis cutánea (LC). En Perú coexisten hasta 5 especies diferentes de *Leishmania*, de las cuales *L. (V.) braziliensis* es la forma parasitaria que produce las lesiones más severas, porque es capaz de realizar metástasis, posterior o no a la manifestación cutánea, por lo que el diagnóstico prematuro de dicha metástasis aún sigue siendo un problema no resuelto. El objetivo del estudio, fue observar la correlación que existe entre la detección de *Leishmania* en muestras de sangre de los pacientes, con las diferentes etapas de evolución

de la enfermedad, tanto en la leishmaniasis cutánea como en la leishmaniasis mucocutánea. Características sociodemográficas de los pacientes fueron obtenidas a través de una entrevista con el paciente. Se trabajó con pacientes que tuvieran lesiones de diferentes tiempos de evolución. Aquellos pacientes con lesiones activas, se les tomó una muestra de tejido de la herida para realizar su diagnóstico por biología molecular, este fue a través de la amplificación de un fragmento del ADN de kinetoplasto, este mismo sistema se utilizó para amplificar las muestras de ADN que provenían de sangre periférica. Para la extracción de ADN de tejido de la herida se utilizó el kit para tejidos (Roche), y para la extracción de sangre (200ul) se utilizó el kit Gene Elute (Sigma), en ambos casos se siguió las indicaciones del fabricante. La amplificación por PCR utilizó los cebadores dirigidos al ADN de kinetoplasto y que produce un fragmento de 75pb. La visualización de los resultados fue en geles de agarosa con syber-safe como agente intercalante. Las muestras fueron digitalizadas y medidas las bandas de amplificación. El tiempo de evolución de las lesiones o de las molestias en las mucosas nasal y oral fue desde 2 semanas hasta 37 años. Treinta y dos de 56 pacientes presentaron resultados similares tanto en la PCR del tejido de la herida como con la PCR a partir de sangre periférica. Los otros 24 pacientes cuyos resultados fueron diferentes, fueron indistintos para la presencia de la amplificación del kDNA como de su resultado negativo. La presencia del ADN del parásito en muestras de sangre no sigue un patrón en cuanto a tiempo o evolución de la enfermedad, por lo que se discute la correlación en grupos pequeños e interpretar de mejor manera los resultados obtenidos.

Financiación: Proyecto “LFA con péptidos y fragmentos antigénicos de proteínas conservadas para el diagnóstico de leishmaniasis tegumentaria en Cusco, Perú”, Contrato N° PE501083417-2023-PROCIENCIA.

Palabras clave: Leishmaniasis tegumentaria, sangre, kPCR



ENTOMOLOGÍA

IX Reunión Colombiana
LEISHMANIASIS
y enfermedad de **CHAGAS**

XIX SIMPOSIO
PECET Asociación de la
investigación de
entomología
tropical



Microbiota, *Pseudomonas* y endosimbiontes asociados con *Lutzomyia longipalpis* infectada con *Leishmania infantum* y *Leishmania braziliensis*

Rafael José Vivero^{1,2}, Daniela Duque Granda¹, Gloria Cadavid-Restrepo¹, Gregory D. Hurst³, Laura C Posada², Victoria Ospina², Sara María Robledo², Daniel Felipe Largo¹, Howard Junca⁴, Claudia Ximena Moreno-Herrera¹

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

²Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales -PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³Institute of Infection, Veterinary and Ecological Sciences, University of Liverpool, Liverpool, United Kingdom

⁴RG Microbial Ecology: Metabolism, Genomics & Evolution, Div. Ecogenomics & Holobionts, Microbiomas Foundation, LT11A, Chía, Postal Code 250008 Colombia

*Presentador: rjviverog@unal.edu.co

Diversos datos sugieren que el microbioma del intestino medio de los flebotómíneos es un factor crítico para el crecimiento y la diferenciación de *Leishmania* a su estado infectivo antes de la transmisión de la enfermedad. Este estudio tuvo como objetivo definir la estructura y diversidad de la microbiota intestinal de *Lutzomyia longipalpis* en relación a la infección por *Leishmania infantum* y *Leishmania braziliensis* en condiciones de laboratorio. El muestreo entomológico se realizó en 2021, en la localidad de Callejón, en el municipio de Ricaurte, Colombia. Para esto, las hembras fueron capturadas utilizando un aspirador bucal en sitios de descanso y trampa Shannon. Para evaluar el efecto de la microbiota intestinal de *Lu. longipalpis* en su susceptibilidad a la infección con *Leishmania* se consideraron varios grupos: hembras alimentadas con sangre y expuestas a *L. Infantum*, hembras alimentadas con sangre y expuestas a *L. Braziliensis*, hembras alimentadas con sangre (control) y un grupo de hembras infectadas naturalmente con *L. infantum*. La infección por *Leishmania* se diagnosticó mediante la visualización de parásitos en el tracto digestivo (6-7 días post-infección) y PCR (marcador KDN3). Se obtuvo ADN de varios grupos de intestinos de *Lu. longipalpis* y se prepararon bibliotecas de amplicones de PCR de la región V4 del ADNr 16S a partir del ADN total. Los productos de PCR se sometieron a secuenciación Illumina MiSeq de 250 pb de extremos emparejados. La taxonomía y las métricas de diversidad se estimaron utilizando el paquete de software phyloseq y Microbiome Analyst. El perfil metabólico de ortología KEGG se clasificó en los tres niveles respectivos de clasificación utilizando R. En las hembras alimentadas con sangre y el grupo expuesto a *L. infantum*, pero 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 intestino de hembras infectadas naturalmente con la misma especie de parásito (35%). Los ASV 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%) y en menor proporción de Enterobacteriaceae con respecto a los intestinos con *L. infantum*. Las hembras infectadas naturalmente con *L. infantum* mostraron la mayor diversidad de ASV. Además, se detectaron, con baja abundancia, algunos endosimbiontes como *Rickettsia* (hembras negativas para *L. infantum*), *Cardinium* (hembras infectadas naturalmente) y *Spiroplasma* (hembras alimentadas con sangre) en el ADN del intestino de hembras de *Lu. longipalpis*. Se encontraron características funcionales de ortología KEGG de nivel 2 y 3 significativamente diferentes ($p < 0.05$) entre muestras infectadas con *L. infantum* y *L.*

braziliensis. Finalmente, se necesitan estudios de coinfección *in vivo* para comprender mejor las interacciones entre *Leishmania*, el microbiota y el flebótomo.

Palabras Clave: Flebotomíneos, *Lutzomyia longipalpis*, *Leishmania*, microbiota, diversidad

Preferencia de humedad y temperatura en dos especies de flebotomíneos del neotrópico

Daniela Duque Granda¹, Rafael Vivero Gomez^{1,2}, Jonathan A. Rader³, Adam Stuckert⁴, Gloria Cadavid Restrepo¹, Claudia X. Moreno Herrera¹ y Daniel R. Matute³

¹Grupo de Microdiversidad y bioprospección, Facultad de Ciencias, Departamento de Biociencias, Laboratorio de Procesos Moleculares, Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín, Medellín, Colombia

²Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales -PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³Biology Department, University of North Carolina, Chapel Hill, USA

⁴Department of Biology and Biochemistry, University of Houston, Houston, TX, USA

*Presentador: daduquegr@unal.edu.co

Los artrópodos son vectores de una multitud de organismos que causan enfermedades en los humanos, y sus rangos geográficos están cambiando rápidamente en respuesta a las condiciones climáticas cambiantes. Esto, a su vez, está alterando el panorama del riesgo de enfermedades para las poblaciones humanas que entran en nuevo contacto con los vectores y las enfermedades que estos portan. Los flebotomíneos de los géneros *Lutzomyia* y *Pintomyia* son vectores de agentes causantes de enfermedades graves como *Leishmania* (el agente etiológico de la leishmaniasis) y pueden estar expandiendo su rango ante el cambio climático. Comprender las condiciones climáticas que las especies vectoras toleran fisiológicamente y prefieren a nivel de comportamiento es crucial para predecir la dirección y magnitud de su rango de expansión y los impactos resultantes en la salud humana. La temperatura y la humedad son factores clave que determinan la extensión geográfica de muchos artrópodos, incluidos los insectos vectores. Por lo anterior, se caracterizó el hábitat de dos especies de flebótomos, *Lutzomyia longipalpis* y *Pintomyia evansi*. Además, se estudió dos factores conductuales de aptitud térmica: la preferencia térmica y de humedad en las dos especies junto con un aspecto clave de la tolerancia fisiológica: la resistencia a la desecación. Se encontró que *Lu. longipalpis* se encuentra en condiciones de menor temperatura y sequedad que *Pi. evansi*. Los resultados también muestran diferencias interespecíficas significativas en ambos rasgos conductuales, con *Pi. evansi* prefiriendo condiciones más cálidas y húmedas que *Lu. longipalpis*. Finalmente, se encontró que *Lu. longipalpis* mostró una mayor tolerancia a la baja humedad extrema, y esto es especialmente pronunciado en los machos de la especie. En conjunto, los resultados sugieren que las condiciones de temperatura y humedad son aspectos clave del nicho climático de los flebótomos *Lutzomyia* y *Pintomyia* y resaltan el valor de los estudios integrativos de tolerancia y preferencia climática en la biología de vectores.

Palabras clave: cambio climático, desecación, Flebotomíneos, *Leishmania*, leishmaniasis, *Lutzomyia*, *Pintomyia*, preferencia de humedad, preferencia de temperatura, Psychodidae

Detección de *Leishmania* sp. e identificación de fuentes de ingesta sanguínea en flebotomíneos de la región Amazónica Colombiana

Katerine Caviedes-Triana¹, Rafael José Vivero-Gomez^{1,2}, Daniela Duque-Granda¹, Claudia Ximena Moreno-Herrera¹, Gloria Cadavid-Restrepo¹

¹Grupo de investigación en microbiodiversidad y bioprospección MICROBIOP, Escuela de Biociencias, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Colombia.

²Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales -PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

*Ponente: kcaviedes@unal.edu.co

La biodiversidad característica de la región Amazónica proporciona un ecosistema ideal para el establecimiento y proliferación de insectos como los flebotomíneos vectores de Leishmaniasis. Estas zoonosis afectaron entre 2007 y 2022 a 36.779 personas en esta región, donde Amazonas y Caquetá aportaron más del 50% de los casos. En la Amazonia colombiana circula más del 30% de la fauna de flebotomíneos registrados en el país, encontrándose vectores de *Leishmania panamensis*, *Leishmania amazonensis* y *Leishmania braziliensis*. Aunque en algunos vectores se han registrado rastros sanguíneos de vertebrados, como criterio asociado a la identificación de potenciales reservorios, existe un vacío de información para esta región. El objetivo de esta investigación fue identificar la presencia de *Leishmania* sp., con el marcador molecular HSP-70N, además las fuentes de ingesta sanguínea, empleando los marcadores CytB y ADNr 12S, en flebotomíneos de Amazonas y Caquetá. Se analizaron 168 insectos agrupados en 10 géneros y 26 especies, de los cuales 61 individuos corresponden a hembras alimentadas previamente identificadas por taxonomía integrativa. Las muestras fueron sometidas a extracción, amplificación y secuenciación de ADN para establecer si estaban infectados con *Leishmania* spp. e identificar sus ingestas sanguíneas. Las secuencias editadas se alinearon en BLAST y el análisis filogenético se realizó en MEGA.11. La tasa de infección fue del 17%, los géneros con mayor positividad fueron *Nyssomyia* (39.2%) y *Trichophoromyia* (14.3%), mientras que a nivel de especie fue *Nyssomyia fraiahi* (25%). De las especies positivas para el parásito *Psychodopygus chagasi* y *Trichophoromyia auraensis* tienen relevancia epidemiológica por ser vectores comprobados. En cuanto a la detección de fuentes de ingesta sanguínea, 46 secuencias se asociaron a *Homo sapiens* y *Sus scrofa* principalmente, con similitud superior a 99.72%. Otras fuentes detectadas fueron *Dasyprocta leporina* y *Bos taurus*, mientras que en *Evandromyia walkeri* y *Trichophoromyia auraensis* se detectaron hasta dos fuentes de ingesta. Este es el primer acercamiento al estudio de la interacción insecto, fuente de alimentación y presencia de *Leishmania* en la región amazónica donde se detectó el ADN de vertebrados en especies con alto valor epidemiológico y donde además la presencia de *Leishmania* podría representar un riesgo de transmisión.

Financiación: Proyecto HERMES 57545 y Beca de MinCiencias SGR Convocatoria 15 del plan bienal del FCTeI 2021-2022

Palabras clave: flebotomíneos, ingesta sanguínea, *Leishmania*, región amazónica

Identificación de especies de flebotómíneos vectores en regiones endémicas de leishmaniasis en Honduras

Adalid Palma¹, Víctor Zorrilla², Liz Espada¹, Adelman Cortes³, Betzaida Duarte⁴, Oscar García⁵, Ryan Larson⁶, Gissella Vásquez²

¹Vysnova Partners, LLC., Alexandria, VA 22314, USA

²Department of Entomology, U.S. Naval Medical Research Unit SOUTH (NAMRU SOUTH), Bellavista 07006, Peru

³Unidad de Entomología, Región Sanitaria de Comayagua, Secretaría de Salud de Honduras, Comayagua, Comayagua 12101, Honduras

⁴Unidad de Entomología, Región Sanitaria de Cortés, Secretaría de Salud de Honduras, San Pedro Sula, Cortés 21101, Honduras

⁵Área de Riesgos Sanitarios, Región Sanitaria de La Paz, Secretaría de Salud de Honduras, La Paz, La Paz 15101, Honduras

⁶Navy and Marine Corps Force Health Protection Command, Portsmouth, VA 23704, USA

*Presentador: adalid.palma@culmen.com

La leishmaniasis presenta cuatro formas clínicas en Honduras, la leishmaniasis cutánea ulcerada y mucocutánea en la región norte y la leishmaniasis cutánea no ulcerada y visceral en la región sur. La información sobre vectores de leishmaniasis en regiones endémicas es limitada. El objetivo del estudio fue caracterizar a las especies de flebotómíneos en regiones endémicas de leishmaniasis en Honduras y determinar la infección con *Leishmania* spp. Los flebotómíneos fueron colectados entre 2018-2024 en los departamentos (municipios) de Comayagua (8), La Paz (8), Cortés (4), Francisco Morazán (1), Yoro (1), Colón (1), Olancho (1), Choluteca (1) y Lempira (1), utilizando trampas de luz CDC. La identificación taxonómica fue realizada siguiendo claves de Young & Duncan y Galati. Las hembras fueron clarificadas químicamente utilizando un protocolo modificado para análisis PCR del kinetoplasto de *Leishmania* spp. (kDNA). El ADN de los flebotómíneos fue confirmado mediante PCR del gen ribosomal 12S. Se calculó el índice de diversidad de Shannon-Wiener (H) y el índice estandarizado de abundancia de especies "SISA" para medir biodiversidad. Se identificaron 1,702 flebotómíneos (44% hembras) correspondientes a 8 géneros y 18 especies. La mayor densidad expresada en flebotómíneos/trampa/noche se registró en Francisco Morazán (4.4) y la menor en Olancho (0.2). Cortés (15 especies, H=1.87), Comayagua (11 especies, H=1.25) y La Paz (11 especies, H=1.54) registraron la mayor diversidad de especies. Los flebotómíneos vectores predominantes en los 9 departamentos (26 municipios) fueron *Lutzomyia longipalpis* (49.3%, SISA=0.62), *Pintomyia evansi* (21.2%, SISA=0.41) y *Psychodopygus panamensis* (5.3%, SISA= 0.17). Se analizaron 129 pools de 249 hembras (11 especies, 25% alimentadas) de 4 departamentos para detección de *Leishmania* spp. por PCR kDNA, todas las muestras fueron negativas. Este es el primer reporte de los vectores *Lu. longipalpis*, *Pi. evansi* y *Ps. panamensis* en 6 departamentos (16 municipios) de Honduras. Otros potenciales vectores como *Lu. cruciata*, *Lu. gomezi*, *Micropygomyia trinidadensis* y *Psathyromyia shannoni* fueron registrados por primera vez en 7 departamentos (13 municipios). Este es el primer registro de *Trichopygomyia triramula* en Honduras y el primer estudio que caracteriza la diversidad y distribución de especies de flebotómíneos en diferentes regiones endémicas de leishmaniasis en el país.

Financiación: Armed Forces Health Surveillance Division - Global Emerging Infection Surveillance Branch (AFHSD – GEIS) ProMIS ID P0106_18_N6_05, P0143_19_N6_04, P0144_20_N6_04, P0081_21_N6, P0136_22_N6, P0130_23_N6.

Palabras clave: distribución, leishmaniasis, Phlebotominae

PCR convencional revela ausencia de *Wolbachia* en triatominos vectores de la Enfermedad de Chagas en Colombia

Andrea Palma, María Cristina Carrasquilla, Felipe Guhl

Centro de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Tropical -CIMPAT, Universidad de los Andes, Bogotá-Colombia

*Presentador: a.palmae@uniandes.edu.co

Wolbachia es un endosimbionte intracelular que se ha utilizado exitosamente como control biológico en *Aedes aegypti*, vector del virus del dengue. En este trabajo se buscó determinar la presencia de *Wolbachia* en la especie *Rhodnius prolixus* proveniente de campo e insectario (n=110), y las especies *R. pictipes*, *R. pallescens*, *R. robustus*, *R. colombiensis*, *Triatoma infestans*, *T. maculata*, *T. dimidiata* y *Panstrongylus geniculatus* provenientes de insectario (n=117). Esto con el fin de explorar la posibilidad de dicha bacteria como control biológico de los triatominos en un futuro. A cada individuo se le realizaron tres PCRs convencionales, una primera PCR para evaluar la integridad del ADN con *primers* para la región 16S rRNA del triatolino, y otras dos PCRs para los genes conservados *wsp* y *ftsZ* de *Wolbachia*. Adicionalmente, a los individuos de campo se les hizo la disección de la ampolla rectal para detectar *Trypanosoma cruzi*. Los resultados de ambas pruebas demostraron que el 100% de los individuos utilizados en este estudio no presentaron *Wolbachia*. Además, no se encontró una relación entre la presencia del parásito *T. cruzi* y la bacteria. Los estudios realizados en el país hasta la fecha son escasos, pero la ausencia de *Wolbachia* concuerda con reportes previos. Por otro lado, en países adyacentes a Colombia, como Panamá y Brasil, se ha reportado que especies como *R. pallescens* tienen una alta prevalencia de *Wolbachia*. Es también pertinente mencionar que en Panamá se demostró que, según la región, la presencia del endosimbionte en la misma especie puede variar. Los resultados y la comparación con literatura previa sugieren que la presencia del endosimbionte no es común en Colombia y esto puede deberse a variaciones producto de la distribución geográfica de los vectores. Por último, se requieren más estudios para comprender los factores que establecen la presencia de *Wolbachia* en las poblaciones de triatominos.

Palabras clave: PCR, triatominos, *Wolbachia*

Caracterización de flebotomos en la Reserva Ecológica Mache-Chindul del Chocó ecuatoriano

Evanna Jaramillo¹, Luis Carrasco², Karla Zambrano², Cynthia Parales², Luis Zambrano², Jairo Cabo², Jordan Karubian^{2,3}, Renato León⁴, Patricio Rojas-Silva⁴

¹Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales COCIBA, Universidad San Francisco de Quito, Ecuador

²Fundación para la Conservación de los Andes Tropicales FCAT, Ecuador

³School of Science and Engineering, Tulane University, USA

⁴Instituto de Microbiología, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales COCIBA, Universidad San Francisco de Quito, Ecuador

*Presentador: projas1@usfq.edu.ec

El Chocó ecuatoriano se extiende entre la parte baja de los Andes y la costa noroccidentales del Ecuador. La Reserva Ecológica Mache-Chindul es parte del Chocó en la provincia de Esmeraldas y la Fundación para la Conservación de los Andes Tropicales (FCAT <https://fcatecuador.org/> N 0°23'33.312", W 79°32'40.532") se ubica dentro de la reserva. La leishmaniasis cutánea y mucocutánea están presentes en varias zonas del Chocó ecuatoriano y las especies de flebotomos *Lutzomyia trapidoi*, *Lu. gomezi* y *Lu. hartmani* han sido reportadas. Un estudio previo en Valle Hermoso, provincia de Santo Domingo de los Tsáchilas, un área cercana a FCAT, encontraron varias especies de flebotomos en zonas periurbanas, siendo *Lu. trapidoi* la especie más abundante. En este trabajo, proponemos evaluar la distribución ecológica de los flebotomos en la zona de influencia de FCAT, determinar la preferencia alimentaria e infección con *Leishmania* spp. mediante PCR de hembras alimentadas, a lo largo de un gradiente de degradación: bosque primario (BP), secundario (BS) y áreas periurbanas (PU), durante 1 año con colectas mensuales, empezando en marzo 2024. Los resultados preliminares de los 3 primeros meses revelan una clara diferencia en la abundancia y composición de flebotomos entre los diferentes sitios con 687 especímenes en total, 398 hembras y 23 alimentadas, que han sido almacenadas en DNA/RNA Shield (Zymo Research) para preservar el material genético y poder analizarlo más adelante. Los sitios de BP tuvieron la mayor abundancia con 559 especímenes, y *Lu. reburra* fue la más abundante. En el BS se colectaron 129 especímenes, siendo *Lu. hartmanni* la especie predominante. En los sitios PU se colectaron 4 especímenes, 2 pertenecientes a *Lu. gomezi* y 2 por determinar. Con estos datos preliminares de recolección e identificación, suponemos que las abundancias varían fuertemente entre los sitios y que la distribución de las especies predominantes difiere entre ellos. Con las hembras alimentadas vamos a extraer el DNA para determinar la posible fuente alimentaria mediante PCR del gen citocromo B, tanto para aves como mamíferos, identificar la infección por *Leishmania* spp. y determinar la especie, tanto por PCR como secuenciación de nueva generación usando la plataforma de Oxford-Nanopore Technologies (ONT).

Financiación: Grant COCIBA-USFQ, Grant Maestría en Ecología Tropical y Conservación USFQ, Apoyo de FCAT.

Palabras clave: Chocó ecuatoriano, Esmeraldas, flebotomos, leishmaniasis cutánea, *Lutzomyia*

Ciclo de vida de *Rhodnius prolixus* (Stål, 1859) con alimentación artificial

Mabel Natalia Vargas-Pineda, Ruth Castillo, Juliana Cuadros, Susanne Carolina Ardila

Instituto Nacional de Salud, grupo de entomología LNR, Bogotá-Colombia

*Presentador: mvargasp@ins.gov.co

Rhodnius prolixus (Hemiptera: Reduviidae) es el principal vector domiciliado de la enfermedad de Chagas en Colombia debido a su alta capacidad vectorial, distribución geográfica y adaptación a hábitats humanos. Esta especie es considerada como modelo biológico para diferentes estudios morfológicos, fisiológicos y comportamentales. Sin embargo, una limitante en su mantenimiento en condiciones de colonia reside en la alimentación sanguínea. El objetivo de este estudio es describir el ciclo biológico de una colonia de *R. prolixus* alimentada artificialmente con sangre de ganso (*Anser anser domesticus*). Los triatominos adultos fueron donados por el Centro de

Investigaciones en Enfermedades Tropicales (CINTROP) al Grupo de Entomología LNR-INS, y mantenidos en condiciones estables de temperatura ($25 \pm 2^\circ\text{C}$), humedad relativa 70-80% y fotoperiodo 12:12. Establecida la F1, se separaron tres grupos de 60 huevos para el registro de tiempo medio de desarrollo, porcentaje de mortalidad y variables morfológicas (longitud y peso) pre y post ingesta de sangre (IS). Los individuos se alimentaron con sangre de ganso suministrada por la Hacienda Galindo y Serpentario del INS empleando un alimentador artificial, consistente en un vial de vidrio con una membrana (tripa de cerdo) a temperatura constante de 37°C . La eclosión de las N I ocurrió después de 9 días y presentaron una longitud de $3,22 \pm 2,46$ mm con un peso pre-IS de $0,00034 \pm 4,76$ gramos y post-IS de $0,0041 \pm 0,0066$ gramos. El paso de N I a N II ocurrió en 13,66 días. Las N II registraron una longitud promedio de $4,78 \pm 0,49$ mm, un peso pre-IS de $0,0020 \pm 0$. Estos resultados preliminares muestran que el uso de sangre de ganso constituye una opción viable para el mantenimiento de colonias de triatomíneos, constituyéndose en una técnica replicable frente a los métodos tradicionales.

Palabras clave: comportamiento alimentario, Enfermedad de Chagas, ganso, insectos vectores, Reduviidae

Especies del género *Lutzomyia* asociadas a ecosistemas de manglar en el Golfo de Morrosquillo, Sucre, Colombia

Carlos Sermeño-Correa, Oscar Pérez-Vargas, Suljey Cochero, Pedro Blanco, Eduar Bejarano

Grupo Investigaciones Biomédicas, Facultad de Educación y Ciencias, Universidad de Sucre, Colombia

*Presentador: carlos.sermeno@unisucree.edu.co

Algunas especies de *Lutzomyia* son los principales vectores de parásitos del género *Leishmania* en América, además participan en la transmisión de otros tripanosomátidos, bacterias y virus. En este trabajo se exploró la diversidad de especies de *Lutzomyia* en zonas de manglar del Golfo de Morrosquillo en el departamento de Sucre y se determinó la infección con tripanosomátidos. Se realizaron capturas de flebotomíneos utilizando trampas de luz tipo CDC, las cuales fueron instaladas desde las 18:00 hasta las 6:00 horas durante tres días consecutivos en zonas de manglar del Sector de la Boca de Guacamaya en Santiago de Tolú y Ciénaga de la Caimanera en Coveñas, durante diciembre de 2022 a abril de 2024. Los individuos capturados fueron llevados al Laboratorio Investigaciones Biomédicas, donde la cabeza y los tres últimos segmentos abdominales fueron separados y aclarados en lactofenol para visualizar los caracteres morfológicos de interés taxonómico. La identificación taxonómica se realizó utilizando la clave y descripciones propuestas por Young y Duncan (1994). El tórax y los segmentos abdominales restantes fueron sometidos a extracción de ADN con el método de altas concentraciones de sales Cloroformo:Isoamil-Alcohol. Para la detección de ADN se amplificó el gen SSU rRNA de la familia trypanosomatidae mediante PCR anidada. Se capturaron 7 individuos, pertenecientes a las especies *Lu. cayennensis* (3 hembras, 1 macho), *Lu. evansi* (2 hembras) y *Lu. migonei* (1 hembra). Las especies se capturaron solo en el municipio de Santiago de Tolú, en los meses de junio de 2023 y abril de 2024. No se detectó ADN de tripanosomátidos en los insectos. Se resalta el hallazgo de *Lu. evansi*, principal vector de *L. infantum* agente causal de leishmaniasis visceral en la región Caribe colombiana. Los datos obtenidos permiten ampliar la distribución de estos insectos a zonas de manglar en el departamento de Sucre y sirven como base para seguir explorando sobre su ecología, dinámica

espacio temporal, así como la dinámica de transmisión de enfermedades que pueden cumplir los insectos en estos ecosistemas.

Palabras clave: enfermedades transmitidas por vectores, entomología médica, salud pública, tripanosomátidos

Perfil expresión de genes asociados a la ruta de biosíntesis del colesterol en macrófagos infectados con *Leishmania (V.) braziliensis*

Marian Gallego¹, Marcela Parra-Muñoz¹, Andrés Gonzalez²

¹Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá, Colombia

²Hospital Universitario Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta, Bogotá, Colombia

*Presentador:marianisabelgallego@gmail.com

La leishmaniasis ha sido un importante problema de salud pública en diversas regiones tropicales y subtropicales en el mundo. Esta enfermedad continúa siendo objeto de investigación intensiva para comprender su patogénesis y encontrar nuevas estrategias terapéuticas por ser una de las enfermedades zoonóticas con un complejo ciclo de transmisión donde se involucra gran diversidad de reservorios y vectores, manifestándose en una variedad de formas clínicas que van desde lesiones cutáneas localizadas hasta formas sistémicas potencialmente mortales. En este trabajo, se estudió el modelo de infección macrófago- parásito que es punto clave en las investigaciones realizadas, puesto que, los macrófagos como células fagocíticas del sistema inmunitario, son blanco preferencial de las especies de *Leishmania* que albergan y actúan como hospedadores para la replicación y supervivencia del parásito. Estudios han demostrado que dicha interacción del parásito en la célula infectada altera la ruta de biosíntesis del colesterol en el macrófago. Se ha evidenciado en la literatura científica que existe un incremento de la expresión de genes asociados a la ruta de biosíntesis del colesterol para lograr una captación de colesterol en tiempos tempranos de la infección lo que conlleva al incremento en la producción de colesterol y el desarrollo de un mayor número de balsas lipídicas que el parásito usa para favorecer su propia replicación y supervivencia en tiempos tempranos de la infección. En este contexto, el objetivo principal de esta investigación fue analizar el perfil de expresión de genes asociados a la ruta de biosíntesis del colesterol en macrófagos infectados y no infectados con *Leishmania (V.)* mediante qPCR, con el fin de comprender cómo la interacción del parásito afecta la regulación de genes clave en la síntesis de colesterol en los macrófagos infectados, y cómo esto influyó en la respuesta inmunológica y el destino de la infección. Para el desarrollo de este proyecto se llevó a cabo la identificación de genes diferencialmente expresados en macrófagos infectados en comparación macrófagos no infectados, que podrían estar siendo sobre expresados en la manipulación metabólica por *Leishmania (V.) braziliensis* con el propósito de la sobreproducción de balsas lipídicas en tiempos tempranos de la infección.

Palabras clave: expresión génica, infección, Leishmaniasis, macrófagos, reacción en cadena de la polimerasa

Triatominos de Bolivia, con particular énfasis en los vectores secundarios y potenciales vectores de *Trypanosoma cruzi*

Pamela Durán, Viterman Ali, Eddy Martínez

Unidad de Parasitología, Medicina Tropical y Medio Ambiente, Instituto de Investigación en Salud y Desarrollo (UPAMETROP/IINSAD); Cátedra de Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad Mayor de San Andrés (UMSA), La Paz. Bolivia

*Presentador: pduran@umsa.bo

Bolivia es un país altamente endémico en enfermedad de Chagas, manteniendo lugares con altos índices de infestación por *Triatoma infestans*, el principal vector. Se han identificado 23 especies de triatominos y existe evidencia de procesos de domiciliación de varias, distintas a *T. infestans*. Presentamos una actualización sobre los triatominos de Bolivia y el análisis de la situación de *T. infestans*, priorizando nuestros resultados relacionados a los vectores secundarios y potenciales de *Trypanosoma cruzi*. *T. infestans*, está domiciliado en 6 de 9 departamentos, con reducción sustancial de la infestación secundaria al control químico sostenido y varios municipios certificados como libres de transmisión domiciliaria en los Departamentos de La Paz, Potosí, Cochabamba, Tarija y Chuquisaca. Lamentablemente, aún existe un municipio que superan el 50% de infestación en Santa Cruz, otros con más del 20% en Chuquisaca, además de evidencia plena de resistencia a los piretroides en Chuquisaca y Tarija. Algunas especies que están en proceso de domiciliación son: *Panstrongylus megistus* en comunidades de Chuquisaca, reemplazando a *T. infestans*; *Triatoma sordida* y *Triatoma guasayana* presente en el peridomicilio de varias zonas de Tarija, Chuquisaca, Cochabamba y Santa Cruz, con *T. sordida* domiciliado en algunas; en el Departamento de La Paz, se encontró *Eratyrus mucronatus* en el peri e intradomicilio del municipio de Apolo; *Panstrongylus rufotuberculatus* (recientemente corroborado como *Panstrongylus noireau*) en el peridomicilio de ciertas comunidades de Charazani; *Triatoma boliviana* cerca de viviendas en los municipios de Sorata y Chuma, estas últimas tres especies en lugares donde no existe *T. infestans*. En la región tropical de Alto Beni, *Rhodnius stali* en proceso de domiciliación, fue identificado como vector, con la presencia de casos autóctonos en esta zona que no era considerada endémica por la ausencia de *T. infestans*. Además, entre las varias especies selváticas de Bolivia, *Rhodnius robustus* fue involucrado en el único brote de transmisión oral que se reportó en la región amazónica boliviana. En conclusión, además de los esfuerzos para la eliminación de *T. infestans* es necesario mantener y profundizar la vigilancia entomológica e investigación para generar estrategias alternativas considerando los vectores secundarios y potenciales de la enfermedad de Chagas.

Palabras clave: *Triatoma infestans*, *Rhodnius stali*, *Rhodnius robustus*, vectores secundarios

Fauna flebotomínea de zonas verdes del área urbana de Sincelejo e infección por parásitos (Kinetoplastea: Trypanosomatidae)

Eliécer González-Reyes^{1,2}, Maria Victoria Pérez², Oscar Pérez-Vargas², Eduar E. Bejarano², Luís E. Paternina²

¹Estudiantes de Biología, Facultad de Educación y Ciencias, Universidad de Sucre, Sincelejo Colombia

²Grupo Investigaciones Biomédicas, Facultad de Educación y Ciencias, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

*Presentador: eliecergonzalezreyes@gmail.com

Desde hace más de una década, se documentó la presencia de flebotomíneos en zona urbana de la capital del departamento de Sucre, y más recientemente se ha registrado la presencia en zona urbana de perros infectados por *Leishmania infantum*. Sin embargo, a la fecha desconocemos los sitios donde se refugian y reposan los vectores, por ello el objetivo del trabajo fue evaluar la presencia de flebotomíneos en zonas verdes (espacios públicos) y su infección con tripanosomátidos en el área urbana del municipio de Sincelejo. Los muestreos se llevaron a cabo implementando 2 métodos de captura: Búsqueda Activa en Potenciales Sitios de Reposo (BAPSR) y trampas CDC (cuando fue posible), seguida de identificación de insectos con claves de referencia, y luego PCR anidada contra la familia Trypanosomatidae y finalmente kDNA PCR contra *Leishmania infantum*. Trece espacios verdes de la ciudad fueron revisados, se encontraron en total 533 flebotomíneos pertenecientes a 10 especies en 10 de los sitios (CDC=238 y BAPSR=295): *Lutzomyia cayennensis* (131), *Lutzomyia atroclavata* (96), *Lutzomyia micropyga* (88), *Lutzomyia trinidadensis* (87), *Lutzomyia evansi* (74, solo CDC), *Lutzomyia rangeliana* (23), *Lutzomyia gomezi* (17, solo CDC), *Lutzomyia venezuelensis* (11), *Lutzomyia dubitans* (3, solo CDC) y *Lutzomyia shannoni* (3, solo BAPSR); las zonas verdes de los barrios La Pollita y Los Alpes presentaron mayor riqueza de especies (S=7), seguida por Venecia (S=6) y Boston (S=5); *Lutzomyia trinidadensis* de Boston fue hallada infectada por Trypanosomatidae (aunque negativa a *Leishmania infantum*). Los resultados sugieren que los espacios verdes de la ciudad son utilizados como sitios de refugio y reposo por los flebotomíneos, el análisis de secuencias del tripanosomátido permitirá estimar de forma más precisa la relevancia epidemiológica de los hallazgos presentados.

Palabras clave: flebotomíneos, Trypanosomatidae, Sincelejo, zonas verdes

Caracterización genética de un nuevo flebovirus, circulante en flebotomíneos (Diptera: Psychodidae) en un área periurbana de Sincelejo, Sucre

Luis Noche^{1,3}, Luis Esteban³, Lucelys Pérez³, Danis Uparela³, Eduar Bejarano³, Luis Paternina³, Salim Mattar⁴, Luis Romero^{2,3}

¹Estudiante de maestría en Microbiología Tropical Universidad de Córdoba, Montería- Colombia

²Doctorado en Medicina Tropical, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

³Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

⁴Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico (IIBT)

*Presentador: luis-nochesilgado@hotmail.com

Los flebotomíneos son reconocidos dípteros hematófagos y algunos de ellos vectores parásitos del género *Leishmania*, de *Bartonella bacilliformis* y de algunos grupos de arbovirus. Entre los virus, el género *Phlebovirus* es conocido a nivel global en áreas tropicales y subtropicales, debido a las problemas de salud que causa en ganado y en el humano. Este trabajo investigativo reporta la caracterización de un nuevo *Phlebovirus* que circula en áreas periurbanas del municipio de Sincelejo. Para ello, los flebotomíneos fueron capturados con trampas CDC entre las 18:00 y 22:00 horas en la vereda San Nicolás, ubicada en el área peri-urbana de la capital del departamento de Sucre. Los especímenes capturados fueron llevados al área de procesamiento entomológico, donde fueron separados y agrupados en flebotomíneos del género *Lutzomyia* sin identificar. Estos grupos fueron sometidos a extracciones de ARN, necesarias para para la RT-PCR con la cual se

amplificó una región 244 pb del gen de la RdRp de virus del género *Phlebovirus*; posteriormente, el producto positivo fue secuenciado mediante la tecnología de nueva generación MGI. Se obtuvieron 5 grupos de flebotomíneos, de los cuales uno fue positivo mediante RT-PCR, del cual y mediante secuenciación de nueva generación se obtuvo una secuencia de 6.307 nucleótidos del segmento L de *Phlebovirus* spp. La secuencia obtenida se relaciona genéticamente con *Phlebovirus uriuranaense*, un virus del cual se desconoce si es capaz de infectar humanos, pero que se relaciona con *Phlebovirus chagrasense*, el cual ha sido reportado en pacientes febriles. Este estudio confirma la presencia de una especie nueva del género *Phlebovirus* en áreas peri-urbanas del municipio de Sincelejo, donde *Lu. evansi* es el flebotomíneo más abundante (>90%) según estudios previos.

Palabras clave: flebovirus, flebotomíneos, *Lutzomyia evansi*

DetECCIÓN DE *Leishmania* EN *Lutzomyia longipalpis* (DIPTERA: PHLEBOTOMINAE) EN CHIAPAS, MÉXICO

Irene Guadalupe Medina-Salazar^{1,2}, Isabel Cristina Cañeda-Guzmán¹, Javier Juárez-Gabriel^{1,2},
Alfredo Rodríguez-Atanacio³, Norma Salaiza-Suazo¹, Ingeborg Becker¹

¹Laboratorio de Inmunoparasitología, Unidad de Medicina Experimental “Dr. Ruy Pérez Tamayo”, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México. Cd. de México

²Centro de Medicina Tropical, Unidad de Medicina Experimental “Dr. Ruy Pérez Tamayo”, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México. Cd. de México, Mexico

³Programa de Enfermedades Transmitidas por Vectores, Centro Nacional de Programas Preventivos y Control de Enfermedades, Secretaría de Salud, Cd de México, Mexico

*Presentador: irenemed199@gmail.com

En América, la leishmaniasis visceral es causada por *Leishmania infantum* y representa la forma clínica más severa causando la muerte en las personas no tratadas. La transmisión es principalmente por dos especies de vectores: *Lutzomyia longipalpis* y *Pintomyia evansi*. En México, el mayor número de casos de leishmaniasis visceral han sido reportados en Chiapas, donde se distribuyen ambas especies. El objetivo de este trabajo es identificar las especies de flebotómicos colectadas en dos sitios endémicos de leishmaniasis visceral y analizar la infección por *Leishmania*. Este estudio se llevó a cabo en Tuxtla Gutiérrez y Chiapa de Corzo, Chiapas, México en agosto de 2023 y febrero, 2024, respectivamente. Los flebotómicos se recolectaron con trampas de luz CDC. Para la identificación taxonómica se utilizaron las claves de Galati e Ibañez-Bernal. Las hembras se disectaron individualmente, utilizando estructuras como cabeza, alas y genitalia para el montaje. Para la detección de la infección por *Leishmania* se extrajo el DNA del tórax y abdomen de cada una de las hembras utilizando el protocolo Chelex-100. Para la PCR se amplificó un fragmento de la región de ITS-1. Los productos de PCR fueron secuenciados para identificar la especie de *Leishmania* infectante. De un total de 179 dípteros hembras de dos especies. La especie dominante fue *L. longipalpis* (98%) con una infección del 3% por *Leishmania* sp. y *Micropygomyia vindicator* (2%) no se encontraron infectadas. Si bien, *L. longipalpis* se incrimina como el transmisor de *L. infantum* causante de leishmaniasis visceral, es necesario realizar estudios para conocer las especies involucradas en los ciclos enzoóticos. Finalmente, es de suma importancia la vigilancia epidemiológica en zonas endémicas de leishmaniasis visceral por su impacto en salud pública.

Soporte financiero: CONAHCYT Fronteras 6682 y PAPIIT IG2000924.

Palabras clave: enfermedad olvidada, leishmaniasis visceral, mosca chiclera

Implementación de una técnica de extracción de bajo costo y secuenciación Nanopore para identificación de flebótomos

Marcela Parra-Muñoz¹, Mailyn González Herrera², Camila González Rosas¹

¹CIMPAT, Centro de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Tropical, Universidad de los Andes, Bogotá-Colombia

²Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt, Bogotá-Colombia

*Presentador: dm.parram1@uniandes.edu.co

La leishmaniasis es una zoonosis transmitida por insectos de la familia Psychodidae distribuidos en diversos ecotopos colombianos, donde encuentran las condiciones ambientales adecuadas para su desarrollo. Sin embargo, no todas las especies de flebótomos presentes en el país poseen la capacidad vectorial para perpetuar la enfermedad. Por ello, es fundamental caracterizar las especies circulantes en las distintas regiones, con el fin de comprender las dinámicas de transmisión y establecer medidas de control efectivas, dirigidas y ambientalmente responsables. Actualmente, la identificación de especies se realiza mediante el estudio taxonómico de caracteres morfológicos, lo cual requiere del consumo completo de los ejemplares, restringiendo la realización de otros análisis, demanda personal altamente entrenado y gran cantidad de tiempo y además puede enmascarar la presencia de diferentes especies que comparten características morfológicas similares. Con el fin de superar estas limitaciones, el uso de códigos de barras genéticos (barcodes) ha surgido como una herramienta útil cuyo mayor desafío son los altos costos. En este estudio, se propone el uso de una extracción de bajo costo en crudo HOTSHOT realizada únicamente con patas de los ejemplares y la determinación masiva de especie mediante secuenciación por tecnología Oxford Nanopore. Para lo anterior, se llevó a cabo un muestreo en una finca cafetera del municipio de Pacho/Cundinamarca en donde se colectaron 75 ejemplares, de los cuales 73 fueron caracterizados mediante esta metodología como *Lutzomyia (Helcocyrtomyia) sp.* (35.6%), *Lutzomyia pia* (28.8%), *Lutzomyia nunez-tovari* (12.3%), *Lutzomyia torvida* (9.6%), *Lutzomyia lichyi* (6.8%), *Lutzomyia quasitownsendi* (4.1%), *Lutzomyia shannoni* (1.4%) y *Warileya rotundipennis* (1.4%). Estas especies han sido previamente documentadas en cultivos de café y se resalta que *Lu. nunez-tovari* pertenece al grupo Verrucarum, el cual abarca varias especies de importancia médica que han sido documentadas de manera frecuente en la transmisión de la enfermedad. El presente estudio muestra una aproximación eficaz en la identificación entomológica desde el punto de vista molecular que utiliza una extracción de bajo costo y una metodología de secuenciación a gran escala. Finalmente, se sugiere que, de acuerdo con las especies encontradas, existe el riesgo de transmisión asociado al cultivo del café en el municipio de Pacho/Cundinamarca.

Financiación: Proyecto INV-2023-162-2719, Universidad de los Andes

Palabras clave: código de barras del ADN taxonómico, entomología, *Lutzomyia*, secuenciación de nanoporos



EPIDEMIOLOGÍA – ECOEPIDEMIOLOGÍA

IX Reunión Colombiana
LEISHMANIASIS
y enfermedad de **CHAGAS**

XIX SIMPOSIO
PECET
Asociación en la
investigación de
enfermedades
tropicales



Frecuencia y distribución geográfica de especies y subpoblaciones de *Leishmania* de pacientes atendidos en CIDEIM entre 2008 – 2021

Liliana Fernanda Lopez^{1,2}, Maryury Delgado¹, Nancy Saravia¹, Olga Lucia Fernandez¹

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

²Facultad de Ingeniería Diseño y Ciencias, Universidad Icesi, Cali, Colombia

*Presentador: lflopez@cideim.org.co

La leishmaniasis es una enfermedad tropical causada por diferentes especies de *Leishmania*. Esta diversidad de especies tiene relevancia en la presentación clínica, la susceptibilidad a fármacos y la respuesta al tratamiento. Previos estudios en CIDEIM demuestran la asociación entre la infección con la subpoblación de *L. (V.) panamensis* perteneciente al zimodema 2.3 con la resistencia a antimonio y falla al tratamiento. Sin embargo, no hay información actualizada de la frecuencia de especies y subpoblaciones en la región Pacífica de Colombia. Este estudio analizó la frecuencia y distribución geográfica de especies y subpoblaciones de *Leishmania* en pacientes atendidos en CIDEIM entre 2008 – 2021. Se evaluó el perfil isoenzimático de 113 cepas de *L. (V.) panamensis* en la Región del Pacífico. Para la identificación de las subpoblaciones de *L. (V.) panamensis* se analizaron 5 enzimas 6PGD, NH, MPI, GPGD y SOD. Se incluyeron 1022 cepas aisladas de pacientes con al menos uno de los siguientes criterios: haber participado en algún estudio, recurrentes, con tiempo de evolución > 6 meses, lesión mucosa, falla terapéutica, tratamiento con miltefosina, pacientes provenientes de ciudades diferentes a Tumaco y Buenaventura, y de acuerdo a criterio clínico. Se identificaron 1018 cepas del subgénero (*Viannia*) y 4 del subgénero (*Leishmania*). Los resultados del análisis de la frecuencia de especies de pacientes atendidos en las sedes de CIDEIM en Cali y Tumaco muestra que *L. (V.) panamensis* (79.1 %) es la especie predominante, seguido de *L. (V.) braziliensis* (14.7 %), *L. (V.) guyanensis* (3.0 %) y *L. (L.) mexicana* (0.4 %). En 29 cepas (2.8%) se tipificó hasta el subgénero *L. (Viannia)*. Se identificaron cuatro zimodemas de las subpoblaciones de *L. (V.) panamensis* (2.1: 13.3 %, 2.2: 41 %, 2.3: 44 % y 2.4: 1.7 %) distribuidos en los departamentos de Nariño, Valle del Cauca, Choco y Cauca. El estudio de las subpoblaciones de *L. (V.) panamensis* demuestra alta frecuencia y amplia distribución geográfica del zimodema 2.3, previamente asociado a resistencia y falla al tratamiento con antimonio. Este estudio genera información de base para identificar áreas de riesgo de cepas de *Leishmania* resistentes al tratamiento de primera línea en Colombia.

Financiación: Fogarty International Center of the National Institutes of Health (NIH), under award D43 TW006589

Palabras clave: distribución geográfica, especies de *Leishmania*; subpoblaciones de *Leishmania*

Nuevos registros de especies de Trypanosomátidos en murciélagos del centro de México

Javier Juárez-Gabriel^{1,2}, Sokani Sánchez-Montes¹, Yokomi N. Lozano-Sardaneta³, Ingeborg Becker^{1,2}, Pablo Colunga-Salas^{1,4}

¹Centro de Medicina Tropical, Unidad de Medicina Experimental, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México, Hospital General de México, Ciudad de México, México

²Laboratorio de Inmunoparasitología, Unidad de Medicina Experimental, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México, Hospital General de México, Ciudad de México, México

³Colección Nacional de Insectos, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México

⁴Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana, Xalapa de Enríquez, Veracruz, México

*Presentador: javiergabriel@ciencias.unam.mx

La familia Trypanosomatidae incluye a los géneros *Leishmania* y *Trypanosoma*, dentro de los cuales algunas especies son los responsables de la Leishmaniasis y la enfermedad de Chagas. En Veracruz se ha reportado la presencia de *Leishmania* y *Trypanosoma* en los transmisores naturales. Sin embargo, estudios enfocados en los hospederos como los murciélagos no han sido realizados en la zona. El presente estudio tiene como objetivo identificar especies de Trypanosomátidos como *Leishmania* y *Trypanosoma* asociadas con murciélagos de una zona endémica en el sureste de Veracruz. Los murciélagos fueron colectados utilizando redes de niebla, siguiendo los lineamientos bioéticos y con permiso de colecta. La extracción de ADN se realizó con la metodología Chelex-100. Por otra parte, la detección molecular se realizó amplificando un fragmento del gen 18S rDNA y de un fragmento de ITS-1. Finalmente se realizó un análisis filogenético con las secuencias obtenidas y las existentes en GenBank. Un total de 43 murciélagos de ocho especies fueron examinados en los tres sitios de muestreo. La infección por *Leishmania mexicana* fue detectada en dos ejemplares de *Pteronotus fulvus*, mientras que *Leishmania infantum/chagasi* fue detectada por primera vez en el murciélago *Pteronotus mesoamericanus*. Adicionalmente, *Trypanosoma cruzi* fue detectado en un murciélago de la especie *Choeroniscus godmani*. Este estudio expande el conocimiento de los trypanosomátidos en murciélagos del sureste de Veracruz, México, confirmando un ciclo zoonótico activo de *L. infantum/chagasi* y *L. mexicana*, causantes de las formas clínicas de leishmaniasis visceral y leishmaniasis cutánea en humanos. A su vez, se confirma la presencia de *Trypanosoma cruzi*, agente de la enfermedad de Chagas, enfermedad que ha sido reportada en la zona.

Palabras clave: Trypanosomátidos, murciélagos, México

Análisis filogenético de pacientes infectados con leishmaniasis cutánea durante la ruta de el Darién

Mariana Mateos-Calzada^{1,2}, Norma Salaiza-Suazo¹, Isabel Cristina Cañeda-Guzmán¹, Javier Juárez-Gabriel^{1,2}, Ingeborg Becker-Fauser^{1,2}

¹Laboratorio de Inmunoparasitología, Unidad de Medicina Experimental, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México, Hospital General de México, Ciudad de México, México

²Centro de Medicina Tropical, Unidad de Medicina Experimental, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México, Hospital General de México, Ciudad de México, México

*Presentador: mateos.mariana15@gmail.com

La zona geográfica de la selva del Darién ubicada en la frontera Panama-Colombia se ha vuelto un área transitada por migrantes provenientes de diversos países sudamericanos que por problemáticas económicas, políticas, demográficas y socioculturales deciden migrar a Norteamérica. La cifra de las personas migrantes que han atravesado el Darién en 2023 alcanzó las 500 mil, representando así el mayor flujo migratorio registrado en años. Y esta área es conocida por formar parte de la distribución de vectores del género *Lutzomyia* y de especies de *Leishmania* como *L. braziliensis*,

L. colombiensis agentes etiológicos de la leishmaniasis cutánea, por lo que se ha sugerido que el Darién es un foco natural selvático de transmisión. Durante el periodo de marzo a mayo de 2024, se tomaron muestras de las lesiones sugerentes a leishmaniasis de los pacientes provenientes de Colombia y Venezuela referidos al Hospital General de México "Eduardo Liceaga" con antecedentes de tránsito por el Darién. Se realizó la búsqueda de *Leishmania* por medio de diferentes técnicas: impronta, aspirado, ELISA y PCR amplificando un fragmento de la región ITS-1, todos los pacientes positivos a PCR se enviaron a secuenciar para posteriormente realizar un análisis filogenético. En total se analizaron 4 pacientes infectados con *Leishmania* del complejo *Viannia*, con lesiones que sugerían Leishmaniasis cutánea localizada y/o difusa, dentro de las especies encontradas mediante el análisis filogenético fueron *L. braziliensis* y *L. Panamensis*. De acuerdo con la historia clínica de los pacientes analizados, sugieren posible infección en la selva del Darién, lo que indicaría que esta área mantiene el ciclo silvestre de *Leishmania*, sugiriendo que el paso de los migrantes en esta zona aumenta el riesgo de transmisión de la leishmaniasis.

Palabras clave: Darién, leishmaniasis cutánea, análisis Filogenético

Leishmaniasis crónica: diagnóstico tras 15 años, impacto del antecedente epidemiológico

Luisa Hurtado-Rossi¹, Álvaro J. Martínez-Valencia^{1,2}, Jonny García-Luna^{1,3}, Melissa Gutiérrez-Gómez³

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

²Fundación Valle del Lili, Departamento de Infectología, Cali, Colombia

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

*Presentador: lfhurtado@cideim.org.co

El enfoque clínico-epidemiológico es crucial en la identificación y tratamiento de patologías complejas. Presentamos el caso de una mujer de 32 años sin antecedentes patológicos, quien consultó debido a extensas lesiones cutáneas crónicas tipo placas edematizadas con pequeñas úlceras seropurulentas en área del mentón, mejilla, geniana y masetera bilateral de la cara y área anterior y lateral del cuello de 15 años de evolución, además de masa de consistencia blanda e indolora en el área central del cuello de 2 años de evolución. Debido a la cronicidad del cuadro se indagó acerca de la procedencia de la paciente, refirió ser originaria de Vereda Monte Alto, El Charco, Nariño, y se trasladó posteriormente Guapi, Cauca, áreas endémicas para la leishmaniasis, además indicó que había tenido exposición ocasional a zonas selváticas. Tuvo acceso limitado a servicios de salud hasta su traslado a Cali en 2015. En su EPS, realizaron una biopsia que reveló: lesión granulomatosa de tipo reactivo, sin signos de malignidad. A pesar de no contar con historias clínicas previas, la sospecha clínica se orientó hacia la leishmaniasis debido al contexto epidemiológico significativo. El diagnóstico definitivo se confirmó mediante la identificación de amastigotes de *Leishmania* sp en frotis directo, además de reacción leucocitaria y presencia incidental de bacterias diplococos, hongos levaduras y estructuras micelares. Se trató con Glucantime intramuscular (20mg/kg diario) durante 20 días y Cefalexina 300 mg cada 6 horas por 7 días, resultando en una mejoría clínica significativa y resolución completa de la masa cervical en evaluaciones a las 5 y 13 semanas postratamiento. Dentro de los exámenes paraclínicos previos y posteriores al inicio del tratamiento, de manera incidental se sospechó Dextrocardia por hallazgos al examen físico y electrocardiograma, por lo que se indicó la toma de una radiografía de tórax

que confirmó que la paciente presentaba una Dextrocardia, no antes conocida y asintomática. El abordaje clínico-epidemiológico no solo facilita la identificación efectiva y precisa de condiciones como la leishmaniasis, sino que también permite abordar de manera integral las necesidades de manejo y seguimiento asegurando resultados clínicos óptimos y personalizados.

Financiación: Fogarty International Center of the National Institutes of Health (NIH), under award D43 TW006589.

Palabras clave: diagnóstico, dextrocardia, epidemiología, historia clínica, leishmaniasis

Aspectos Epidemiológicos de *Leishmania*-VIH en el estado do Maranhão, Brazil

Livia Cristina Sousa¹, David Soeiro Barbosa², Fernando Almeida-Souza^{3,4}, Ana Lucia Abreu-Silva^{1,4}

¹Doutoranda, Ciências da Saúde, Universidade Federal do Maranhão, São Luís-Brasil

²Departamento de Parasitologia, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte-Brasil

³Laboratório de Protozoologia, Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro-Brasil

⁴PPGCA, Programa de Pós-graduação em Ciência Animal, Universidade Estadual do Maranhão, São Luís-Brasil

*Presentador: anasilva1@professor.uema.br

Esta investigación tiene el objetivo analizar os aspectos epidemiológicos de *Leishmania*-VIH en el estado de Maranhão. Datos públicos recopilados de la plataforma DataSUS, período de 2007 a 2022, fueran analizados descriptivamente. Durante el período se notificaron 7.665 casos de leishmaniasis visceral, de los cuales 630 casos fueron VIH. La frecuencia de casos de coinfección se duplicó con el tiempo, presentándose 20 casos en 2007 y 50 casos en 2022. La tasa de incidencia fue del 0,32% en 2007, aumentando al 0,73% en 2022. En cuanto al perfil sociodemográfico, los grupos de edad más prevalentes fueron los de 35 a 44 años (30,7%) y 25-34 años (27,7%). En cuanto a raza/color, la mayoría de los casos era de mestizos, representando el 81,7%. En términos de educación, la mayor proporción fue de personas con educación primaria incompleta (23,9%), seguida de educación secundaria completa (14,4%). Llama la atención que en el 36,5% de los casos esta variable fue ignorada/en blanco. El municipio del estado de Maranhão con mayor número de casos notificados fue São Luís (21,1%), seguido de los municipios de São José de Ribamar (8,4%) e Imperatriz (6,8%). El 71,4% de los casos son de zona urbana y el 22,2% de zona rural. En cuanto a los aspectos clínicos, el 68,8% de los casos fueron confirmados mediante examen parasitológico positivo. Cabe destacar un número importante de casos de individuos a los que no se les realizó diagnóstico parasitológico (25,6%). El fármaco de elección para el tratamiento fue la anfotericina B liposomal (54,4%). Alrededor del 88,2% de los casos fueron notificados por criterios de laboratorio, seguido del 11,8% por criterios clínico-epidemiológicos. Durante el período de estudio, la tasa de abandono del tratamiento fue del 0,47% y la proporción de casos que progresaron a la muerte fue del 7,4% y el 67% de los casos progresaron a la curación. Los resultados de esta investigación mostraron que el conocimiento de las acciones de vigilancia de la coinfección Leishmaniasis/VIH permitió otorgar subsidios para repensar la atención a la salud con miras a mejorar las políticas públicas de salud en el estado de Maranhão.

Palabras clave: epidemiología, leishmaniasis visceral, síndrome de inmunodeficiencia adquirida, vigilancia en salud pública

Fortalecimiento de la vigilancia epidemiológica de la leishmaniasis en la zona de influencia de la central hidroeléctrica Miel I

Andrés Vélez-Mira¹, Paola González-Mejía¹, Juan C Quintero-Vélez^{1,2}, Omar Cantillo-Barraza^{1,2},
Laura Posada-López¹

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

²Grupo de epidemiología de la facultad nacional de salud pública, Universidad de Antioquia, Medellín-Colombia

³Grupo de Biología y Control de Enfermedades Infecciosas -BCEI, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Antioquia., Medellín, Colombia

*Presentador: andresvelez@pecet-colombia.org

Los municipios de Norcasia, Samaná y Victoria, en el departamento de Caldas, han sido históricamente focos activos de transmisión de leishmaniasis. Esto hace necesario identificar los factores potenciales y asociados a la aparición de casos, además de implementar un sistema de vigilancia basado en comunidades rurales para la detección de casos de leishmaniasis, coordinado con las autoridades locales. Esta estrategia se fortalece con un componente educativo, que aclara conceptos básicos sobre el ciclo de la enfermedad, el vector y las prácticas de autocuidado frente a la leishmaniasis y la enfermedad de Chagas. La educación abarcó un total de 32 veredas, seleccionadas por las comunidades y los funcionarios de salud. Siete veredas donde la infección es más frecuente fueron elegidas para llevar a cabo un levantamiento de datos que permita, por medio de análisis estadísticos, determinar si existe una asociación entre la exposición a la enfermedad y las características de la vivienda o los oficios de las personas. Los datos se recolectaron mediante encuestas epidemiológicas en 92 viviendas, indagando sobre sus características, como los materiales de construcción, la presencia de animales domésticos y sinantrópicos en el peri e intra domicilio, y la cobertura vegetal alrededor de las viviendas. Además, se aplicó la prueba de Montenegro voluntariamente a un total de 225 personas, de las cuales 121 (53,78%) obtuvieron reacción a la prueba. Con los resultados de la correlación estadística y la experiencia de la implementación del sistema de vigilancia basado en comunidades rurales, se pretende entregar recomendaciones para el diseño de una política pública en los municipios de influencia, dirigida al mejoramiento de la promoción de la salud, prevención, atención, diagnóstico temprano y tratamiento oportuno y seguro de la leishmaniasis.

Financiación: ISAGEN, convenio 33/1308

Palabras clave: educación en salud, leishmaniasis, vigilancia epidemiológica

Análisis eco-epidemiológico de *Rhodnius* spp, evidencia la circulación activa de *T. cruzi* I en Arauca, Casanare y Tolima

Jessica Fernanda Ayala-Mendez¹, Brayan Dario Suarez-Rodallega¹, Juan David Rojas-Gomez¹, Ludwin Andres Cuervo-Hernandez², Omar Cantillo-Barraza³, Aura Maria Rodriguez-Guzman¹, German Andres Duarte-Olaya¹, Mauricio Ochoa-Capera¹, Oscar David Ospina-Cartagena¹, Javier Andres Ardila-Ospina¹, Julio Cesar Carranza-Martinez¹, Gustavo Adolfo Vallejo¹, Jorge Alexander Duitama-Castellano⁴, Paola Andrea Ortiz-Vargas¹, Daniel Alfonso Urrea-Montes¹

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

²Unidad Administrativa Especial de Salud Arauca, Colombia

³Grupo de Biología y Control de Enfermedades Infecciosas -BCEI, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Antioquia., Medellín, Colombia

⁴Tecnologías de Información y Construcción de Software (TICSw), Facultad de Ingeniería, Universidad de los Andes, Colombia

*Presentador: jfayalam@ut.edu.co

La enfermedad de Chagas o Tripanosomiasis Americana, es una parasitosis endémica para 21 países de América latina, ocasionada por *Trypanosoma cruzi* y transmitida principalmente por vía contaminativa por heces de insectos vectores de la familia Triatominae. En Colombia se estima que el número de habitantes infectados es de aproximadamente 700.000 y los departamentos con mayor índice de endemicidad son Santander, Norte de Santander, Cundinamarca, Boyacá, Casanare y Arauca. Sin embargo, es probable que existan departamentos con subregistros o registros sobreestimados debido a la circulación concomitante de *T. rangeli*, un parásito considerado inocuo para el hombre en el que se distinguen al menos 5 subpoblaciones (TrA-TrE). Por su parte, *T. cruzi* presenta una compleja estructura poblacional conformada por 7 Unidades de Tipificación Discretas (DTUs): TcI-TcVI y TcBat, cada una de ellas con ciclos de transmisión, vectores, hospederos y distribución geográfica características. En este estudio, fue realizado un levantamiento vectorial en algunas localidades de Casanare, Arauca y Tolima para determinar las especies de *Rhodnius* más prevalentes en dichas localidades y las tasas de contaminación intestinal por *T. cruzi* y *T. rangeli*. Los vectores analizados fueron capturados con trampas Angulo e identificados en el laboratorio mediante claves taxonómicas. Los contenidos intestinales fueron procesados individualmente para extracción de ADN y detección de tripanosomátidos por PCR convencionales basados en KDNA y gen Spliced-leader. De esta manera fueron analizados 141 insectos en total (86 *R. prolixus* y 55 *R. colombiensis*), 55 provenientes de Arauca (*R. prolixus*), 31 de Casanare (*R. prolixus*) y 55 del Tolima (*R. colombiensis*). El análisis molecular de los contenidos intestinales de los triatominos evidenció porcentajes de infección del 86% en insectos de Arauca (Tc82%, Tr4%); 95% en insectos del Tolima (Tc71%, Tr24%) y ~49% en insectos de Casanare (Tc29%, Tr~20%). Solamente la DTU-TcI fue detectada en las infecciones por *T. cruzi* y el linaje TrA(KP1+) en las infecciones por *T. rangeli*. Nuestros resultados corroboran que: TcI es una de las DTUs más prevalentes en Colombia; Las infecciones mixtas por Tc/Tr podrían ser comunes en las localidades analizadas y que Tolima podría ser un departamento endémico emergente en casos de Enfermedad de Chagas.

Palabras Clave: Enfermedad de Chagas, *Rhodnius colombiensis*, *Rhodnius prolixus*, *Trypanosoma cruzi*, *Trypanosoma rangeli*

Caracterización de la leishmaniasis en la región Amazonas, Perú

Sonia Huyhua-Gutierrez^{1,2*}, Marianella Villegas-Pingo¹, Kevin Rivera^{1,3}, Lizandro Gonzales-Cornejo⁴, Sonia Tejada-Muñoz^{1,2}, Maxy B. De Los Santos⁵, Danielle L. Pannebaker⁵, Hugo O. Valdivia⁵, Stella M. Chenet^{1,3}

¹Instituto de Investigación de Enfermedades Tropicales. Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas (UNTRM), Amazonas, Perú

²Instituto de Investigación de Salud Integral Intercultural. Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas (UNTRM), Amazonas, Perú

³Facultad de Medicina. Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas (UNTRM), Amazonas, Perú

⁴Laboratorio Referencial de Salud Pública Amazonas. Dirección Regional de Salud (DIRESA), Amazonas, Perú

⁵U.S. Naval Medical Research Unit SOUTH (NAMRU SOUTH), Lima, Peru

*Presentador: sonia.huyhua@untrm.edu.pe

La leishmaniasis cutánea (CL) es una importante amenaza para la salud pública en la región Amazonas, ubicada en la cuenca Amazónica del norte del Perú. En 2023, la región reportó 314 casos de CL lo que representó un aumento del 10% respecto a 2022. La mayoría de los casos provinieron del corredor turístico del “Alto Utcubamba” que incluye las provincias de Luya y Chachapoyas. Se recolectaron muestras (tejido y aspirado) e información clínica de 24 pacientes con sospecha de la enfermedad. Los frotis se examinaron mediante microscopía con tinción Giemsa, mientras que los aspirados se cultivaron en agar sangre. Se extrajo ADN de cultivo y se realizó PCR del kinetoplasto (kDNA-PCR) seguido de Nested-PCR en tiempo real cualitativo basada en sondas FRET de los genes MPI y 6PGD para la identificación de las especies. La mayoría de las úlceras (59%, 10/17) se encontraron en las extremidades inferiores. Predominaron las pacientes femeninas (70%, 17/24) de edades de 60 años a más (42%, 10/24) y cuya principal ocupación es la agricultura (42%, 10/24). Las pruebas moleculares mostraron la presencia de dos especies de *Leishmania* en los pacientes: *L. (V.) braziliensis* (n=12) y *L. (V.) peruviana* (n=11), además de un caso indeterminado. Estas especies presentan diferentes características clínicas y respuestas al tratamiento. *L. (V.) braziliensis* está asociada con la diseminación y destrucción de las mucosas y muestra un perfil de mayor resistencia al tratamiento en comparación con *L. (V.) peruviana*. Nuestros resultados subrayan la necesidad de una vigilancia sanitaria en esta región para evaluar los factores de riesgo, caracterizar e identificar especies de parásitos circulantes, vectores y reservorios involucrados en la transmisión de la enfermedad con el fin de apoyar las intervenciones de salud pública y las estrategias de prevención.

Palabras clave: Amazonas, leishmaniasis cutánea, *L. (V.) braziliensis*, *L. (V.) peruviana*

***Trypanosoma cruzi*, Zulia, Norte de Santander, Colombia**

Tania Prieto¹, Ingrid Blanco¹, Carolina Oviedo¹, Reinaldo Gutiérrez¹

¹GIEPATI, Grupo de Investigación en Enfermedades Parasitarias, Tropicales e Infecciosas, Universidad de Pamplona, Norte de Santander-Colombia

*Presentador: tania.prieto@unipamplona.edu.co

La Enfermedad de Chagas es causada por el parásito *Trypanosoma cruzi*, el cual se transmite a los humanos principalmente por las heces de insectos hematófagos de la subfamilia Triatominae (Reduviidae). Las especies de *Rhodnius* se encuentran fuertemente asociadas a palmas, siendo este un ecotopo estable de amplia distribución geográfica en las Américas. Diversos estudios reconocen esta especie de palma en Colombia, como una importante fuente de infestación cuando se presenta aledaña a los domicilios. Por lo tanto, los objetivos de este trabajo fueron determinar el porcentaje de infestación en palmas de *Attalea butyracea* (palma de corozo) con triatominos del género *Rhodnius* spp, y la infección natural de estos insectos por *Trypanosoma cruzi*. Así mismo, evaluar la modificación realizada por nuestro grupo a las trampas descritas por Angulo y colaboradores. Este trabajo se desarrolló en la localidad La Macarena del municipio del Zulia

Norte de Santander durante los meses de marzo y mayo del año de 2024. Para el estudio de infección natural se usó la Reacción en cadena de la Polimerasa (PCR) usando los marcadores moleculares que amplifican la región variable del cinetoplasto. En total se evaluaron 61 palmas, donde se capturaron 213 especímenes del género *Rhodnius*. El porcentaje de infestación usando la trampa Angulo fue del (18/61) 31% mientras que con en las trampas Angulo modificadas fue del (54/61) 88.52%. La tasa de infección por *T. cruzi* encontrada en el área de estudio fue (25/62) 40%. Este trabajo revela la importancia de las palmas *Attalea butyracea* en el mantenimiento de los ciclos silvestres del parásito *T. cruzi* en Norte de Santander. Además de la necesidad de mantener en constante monitoreo y vigilancia estos ecotopos debido a que representan una fuente natural de triatomíneos con potencial de domiciliación y de transmisión del agente causal de la enfermedad de Chagas para la región.

Palabras clave: *Attalea butyracea*, enfermedad de Chagas, *Rhodnius*, Triatominae, trampas Angulo

Caracterización epidemiológica de infección por *Trypanosoma cruzi* y *Leishmania* spp., en *Didelphis marsupialis* del área metropolitana de Bucaramanga

Vladimir Quintero-Sánchez^{1,3}, Andrea Ardila-Gelvez¹, Angela Jiménez-Leaño¹, Marisol Tique-Oviedo, Ian Murcia- Cueto¹, Lissa Cruz-Saavedra², Juan David-Ramírez^{2,4}, Juan Mejía-Gómez³, Jeiczon Jaimes-Dueñez¹

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

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

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

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

*Presentador: ian.murcia@campusucc.edu.co

Las zarigüeyas son el único marsupial presente en las Américas, con más de 100 especies registradas, de las cuales 38 se han confirmadas para el territorio colombiano. La *Didelphis marsupialis* (Zarigüeya común) es la especie de mayor presencia. Este marsupial se adapta a hábitats boscosos asociados a cuerpos de agua, sin embargo, han sido grandes víctimas de actividades humanas directa e indirectamente. La invasión y destrucción de su hábitat natural ha obligado a estas especies a desplazarse hacia zonas urbanas, adoptando comportamientos sinantrópicos. Bucaramanga y su Área Metropolitana (AMB) presenta condiciones ambientales propicias para la presencia de zarigüeyas, lo que plantea un riesgo para la salud pública debido al movimiento de patógenos como *Trypanosoma cruzi* y *Leishmania* spp., responsables de la enfermedad de Chagas y Leishmaniasis respectivamente. Se trata de dos zoonosis desatendidas en América. Bucaramanga y su área metropolitana se han considerado epicentro de numerosos brotes, aunque las fuentes de infección no han sido del todo confirmadas, la presencia de zarigüeyas ha estado altamente asociada a la transmisión urbana. Por esta razón, el presente estudio busca establecer la frecuencia de infección de *T. cruzi* y *Leishmania* spp., asociados a *D. marsupialis* mediante reacción en cadena de la

polimerasa (PCR) en Bucaramanga y su Área Metropolitana. La frecuencia de infección para el total de muestras obtenidas fue del 14% (10/70), el 12,8% (9/70) fueron positivas para *T. cruzi* con un intervalo de confianza (IC) del 4,8 – 20,9%, y, 1,42% (1/70) con IC de 1,4 – 4,2% para muestras positivas a *T. rangeli*. Ninguna muestra es positiva para el marcador HSP70 de *Leishmania* spp.,. En conclusión, las zarigüeyas actúan como reservorio para *T. cruzi*, y, es necesario continuar con estudios sobre su papel como reservorio para las Leishmaniasis. Aunque la frecuencia de infección en el presente estudio es inferior a las anteriormente reportadas, es importante conocer el movimiento de las enfermedades a zonas urbanas por medio de las Zarigüeyas.

Palabras clave: brotes, reservorios, Santander, tripanosomátidos, zoonosis

Caracterización epidemiológica de leishmaniasis cutánea en dos regiones colombianas

Dayana Ortiz-Cuesta¹, Angie Dayana Quintero-Sierra¹, Lusayda Sánchez-Corrales¹, Dayana Sofía Torres-Martínez², Angela Liliana Monroy-Díaz², Johanna Tapias-Rivera³, Ruth Martínez-Vega³, Wendy Lorena Quintero-García³, Juan David Gutiérrez-Torres³

¹Universidad Católica de Manizales, Manizales Colombia

²Universidad de Boyacá, Tunja, Boyacá, Colombia

³Universidad de Santander, Santander, Colombia

*Presentador: daysoftorres@uniboyaca.edu.co

La leishmaniasis es una patología zoonótica causada por el parásito *Leishmania* spp. y transmitida al hospedero humano por un flebótomo del género *Lutzomyia*, esta se da en su mayoría en áreas tropicales y se considera un problema de salud pública mundial, con una incidencia de 1,3 millones de casos al año, pero sólo la mitad de ellos se reportan. La leishmaniasis cutánea (LC) es de alta prevalencia en Colombia con hasta 4.000 casos cada año, afectando en mayor proporción a hombres. Es importante conocer el comportamiento de la patología en las últimas décadas, dados diversos factores que confluyen en su presentación como las dinámicas poblacionales, los cambios climáticos que involucran las densidades vectoriales y la genética del parásito. El objetivo fue identificar el comportamiento de la LC en las regiones de la Amazonía y Orinoquía entre 2007 y 2021 dadas sus condiciones ambientales y geográficas que favorecen la transmisión. La investigación fue observacional y retrospectiva, los casos de LC se obtuvieron del portal SIVIGILA, el criterio de inclusión fue ser caso confirmado de LC. Se excluyeron los casos sin información del municipio de residencia. Se analizaron las variables sexo, edad, procedencia, tiempo entre síntomas y consulta, régimen de afiliación, población especial y municipio de residencia. Los casos de LC reportados en este periodo fueron 13.161 para la región Amazónica y 10.659 para Orinoquía. Los tres municipios con mayor tasa de incidencia en la región Amazónica fueron Papunaua, Morichal y Yavaraté y en Orinoquía fueron Salina, Recetor y Sácama. El 93% de los casos fueron de sexo masculino. El grupo de edad con mayor número de casos fue el de 20 a 29 años, 83,9% provenían del área rural, el tiempo promedio transcurrido entre la aparición de las lesiones y la consulta fue de 31 días y el 72,5% contaban con el régimen de afiliación de excepción. Al realizar la comparación de ambas regiones, se encontraron diferencias estadísticamente significativas en las variables desmovilizado, migrante, desplazado, gestante y hospitalización. Se resalta que la LC sigue ocasionando altas tasas de morbilidad en población Colombiana residente en estas regiones, afectando especialmente

las fuerzas militares, que debe ser objeto de vigilancia para establecer estrategias de prevención y control.

Financiación: Universidad de Santander, Universidad de Boyacá, Universidad Católica de Manizales

Palabras clave: Colombia, epidemiología, Leishmaniasis cutánea, *Leishmania*

Caso Clínico de leishmaniasis en un adulto

Torcoroma Lobo- Rincon

Facultad Ciencias de la Salud, Doctorado en Medicina Tropical, Universidad Popular del Cesar, Valledupar, Cesar

*Presentador: torcoromalobo@unicesar.edu.co

La leishmaniasis cutánea o mucocutánea presenta variedad de formas clínicas, es la principal causa de úlceras cutáneas crónicas en el mediterráneo; es una zoonosis de las zonas rurales, ocasionada por varias especies *L. tropica*, *L. donovani* o *L. infantum*. Presenta cuatro formas clínicas principales: cutánea, mucocutánea, cutánea. Afecta piel o tejidos subcutáneos. La Leishmaniasis es Colombia es una enfermedad parasitaria emergente, sin control, un problema de salud pública debido al cambio en el perfil epidemiológico por el surgimiento de nuevos focos y urbanización del ciclo de transmisión. Describir un caso clínico de leishmaniasis en un paciente que asiste a una IPS de Valledupar -Cesar. al paciente se le realizó examen físico, exámenes de laboratorio y se tomaron muestras de raspado y aspirado de la lesión para diagnóstico por examen directo. Se presenta el caso clínico de un varón de 57 años de edad, natural de Valledupar, con residencia actual en Mingeo, La Guajira, quien realiza viajes constantes a la Sierra Nevada de Santa Marta, para realizar intervenciones comunitarias con los pueblos indígenas, sin realizar profilaxis y catalogado como zona endémica. Quien acude a una IPS por presentar un cuadro clínico, de un mes de evolución presentando lesión inicial de 4,4 cm. en los miembros inferiores caracterizado por una pápula, ovalada levemente pruriginosa, de color rojizo, cuya superficie se cubre de escamas furfuráceas, acompañado de fiebre intermitente elevada, cefalea, escalofríos, malestar abdominal. Inicia tratamiento con Anfotericina sin mejoría alguna, se cambió por Glucantime, logrando una resolución progresiva y paulatina de las lesiones Se realizó pruebas rápidas positiva para *Leishmania* y Gota gruesa positiva con amastigotes. La leishmaniasis es una enfermedad endémica, prioritaria y localizadas en zonas rurales, que produce pérdidas relacionadas con la vida de los pacientes, aumentado el tiempo de incapacidad, donde estos están expuestos a infectarse debido a la migración. Enfermedad caracterizada por el fracaso inicial del tratamiento, por lo tanto, el diagnóstico y tratamiento oportuno de los casos agudos, de forma rápida y con un antipalúdico altamente eficaz, disminuye las consecuencias de la infección a nivel individual y sirve también para evitar la posterior diseminación de la enfermedad.

Palabras clave: emergente, endémico, parásito, rural, tratamiento

Conocimientos, actitudes y prácticas sobre la enfermedad de Chagas en dos municipios de Boyacá, Colombia

Javier Andrés Sotelo-Chitiva¹, Liana Yawsovi Velásquez-Igua¹, Ángela Liliana Monroy-Díaz¹, Andrey Ucros-Álvarez¹, Sandra Helena Suescún-Carrero^{1*}

Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Boyacá. Tunja, Colombia

*Presentador:ssuescun27@uniboyaca.edu.co

Los triatomíneos son insectos hematófagos que transmiten el protozoo *Trypanosoma cruzi*, un parásito que produce una patología zoonótica llamada enfermedad de Chagas, la cual también se conoce como tripanosomiasis americana. En Colombia esta enfermedad es endémica en diversos municipios de 15 departamentos en el país, por ende, es una patología considerada como un problema en salud pública. El aumento de la urbanización ha generado que los seres humanos estén en constante contacto con los hábitats naturales de triatomíneos salvajes que se encuentran como reservorios de *Trypanosoma cruzi*. En esta investigación se determinaron los conocimientos actitudes y prácticas sobre la enfermedad de Chagas en dos municipios del departamento de Boyacá. Para su desarrollo se realizó un estudio descriptivo de corte transversal en el cual se encuestó a habitantes de los municipios de Soatá y Moniquirá, por medio de un instrumento validado tanto de contenido como de constructo en el que se abordaron los factores sociodemográficos, conocimientos, actitudes y prácticas sobre la enfermedad de Chagas. De los 704 habitantes encuestados de los dos municipios, el 59,5% eran mujeres, la población presentó una edad mínima de 18 años, edad máxima de 88 con una media de 43 años y el 65,9% pertenecía al área urbana de los municipios. En relación a los conocimientos y actitudes, se obtuvieron resultados similares en los dos municipios; los conocimientos fueron óptimos en el 56,2% para Soatá y 42,8% para Moniquira, por su parte, las actitudes fueron óptimas en el 77% y 60% respectivamente. Las prácticas fueron malas en las dos poblaciones, por un lado, el municipio de Soatá obtuvo 79% de resultados dentro de esta categoría, mientras que en el municipio de Moniquirá se evidenció este tipo de prácticas en el 88,7%. A pesar de que en estos dos municipios se han llevado a cabo programas de educación sanitarias, los resultados resaltan la importancia de reforzar estas actividades con el fin de que se mejoren las prácticas relacionadas con la enfermedad de Chagas partiendo del fortalecimiento del conocimiento y actitudes que la población debe tomar ante esta situación sanitaria.

Financiación: CIPADE-Universidad de Boyacá.

Palabras Clave: actitudes y prácticas en salud, conocimientos, enfermedad de chagas, factores de riesgo, *Trypanosoma cruzi*

Detección molecular de Trypanosomatídeos (Kinetoplastea: Trypanosomatidae) en primates no humanos, recuperados en tráfico animal en el Caribe Colombiano

Roberto José García-Alzate^{1,2}, Angelica Anaya-Orozco¹, Yeisson Cera-Vallejo², Daisy Johana Lozano-Arias²

¹Grupo de investigación CETIC-UA. Laboratorio de Investigación en Biología Molecular LIBM-UA, grupo de

investigación CETIC. Universidad del Atlántico, Colombia

²Grupo de investigación en Ciencias Básicas y Clínicas GIBAC-Fundación Universitaria San Martín, Facultad de Ciencias de la Salud, sede Puerto Colombia, Atlántico, Colombia

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

Los primates juegan un papel importante como posibles reservorios de trypanosomátidos, sin embargo, son poco frecuentes los estudios parasitológicos en dichos animales, a pesar de la relación filgética que tienen con el humano. Los primates no humanos habitan en diversos ambientes silvestres, pero debido al tráfico animal los ejemplares decomisados son refugiados en centros de acopio y recuperación animal. Este trabajo tuvo como objetivo evaluar la presencia de especies de tripanosomátidos en primates no humanos refugiados en dos centros de recuperación e inserción en el Caribe colombiano. Se realizó la toma de muestra de sangre femoral de ejemplares de primates, de las especies *Ateles hybridus* (6), *Sapajus macrocephalus* (9), *Lagothrix lagotricha* (10) y *Alouatta seniculus* (17), en total fueron analizadas 42 muestras, a las cuales se les extrajo ADN genómico para posterior amplificación con los marcadores moleculares para tripanosomatideos, se realizó por medio de la técnica de PCR, dirigidas al ADN del kinetoplasto (ADNk), la región 18S ARNr y la región de la β tubulina. El 45,2% (19/42) de los primates presentaron positividad para el género *Trypanosoma*, de los cuales las especies de primates *Alouatta seniculus* (4/17) y *Ateles hybridus* (2/6), indicaron un 14,2% coinfección para las especies *Trypanosoma cruzi* y *Leishmania* spp. agentes etiológicos de importancia médica. Estos resultados podrían corroborar el rol de los primates no humanos como posibles reservorios y fuentes de transmisión de tripanosomatideos para otros animales incluyendo al humano, así mismo, son una contribución para implementar estrategias de control y prevención de transmisión de enfermedades.

Palabra clave: primates, reservorio, tráfico de fauna, tripanosomatideos, zoonosis

Diversidad de especies de *Trypanosoma* en murciélagos mexicanos: Confirmación molecular de *Trypanosoma dionisii* y nuevos linajes de Neobats

Javier Juárez-Gabriel¹, Ingeborg Becker¹, Juan M. Pech-Canché², Pablo Colunga-Salas^{1,3}, Sokani Sánchez-Montes^{1,4}

¹Centro de Medicina Experimental, División de Investigación, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México

²Laboratorio de Vertebrados Terrestres, Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias región Tuxpan, Tuxpan de Rodríguez Cano

³Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana, Xalapa de Enríquez, Veracruz, México

⁴Laboratorio Diagnóstico, Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias región Tuxpan, Tuxpan de Rodríguez Cano

*Presentador: javiergabriel@ciencias.unam.mx

Los murciélagos son uno de los grupos de mamíferos con mayor número de especies de *Trypanosoma* asociadas. Hay alrededor de 50 especies y genotipos de *Trypanosoma* que se han encontrado en más de 75 especies de murciélagos en el mundo. La gran diversidad del género *Trypanosoma* en los últimos años ha dado lugar a diversas hipótesis relacionadas con los murciélagos. Sin embargo, el rol que juegan en el ciclo de vida de ellos es aún desconocido. En México, el inventario de

especies del género *Trypanosoma* asociadas a murciélagos se limita a sólo dos especies. En el país habitan 140 especies de murciélagos y específicamente en el estado de Veracruz se han registrado 91 especies de murciélagos, no obstante, no se ha buscado la diversidad de *Trypanosoma* en estos mamíferos voladores. Debido a la compleja relación *Trypanosoma*-murciélago, la alta diversidad de murciélagos en Veracruz, así como la falta de registros de trypanosomátidos asociados a murciélagos para este estado, el objetivo de este trabajo fue analizar la diversidad de especies del género *Trypanosoma* y su presencia en murciélagos de una zona del centro del estado de Veracruz, México. Murciélagos fueron recolectados mediante redes de niebla para posteriormente tomar una muestra de sangre del pulgar con papel filtro. Se extrajo el material genético para amplificar un fragmento de 800pb del gen 18S ribosomal para la detección de *Trypanosoma* mediante PCR convencional. Los amplicones positivos fueron secuenciados y se realizó una reconstrucción filogenética para identificar las especies de parásitos. Un total de 285 murciélagos fueron recolectados, pertenecientes a 10 géneros y una sola familia (Phyllostomidae). Detectamos 23 ejemplares positivos molecularmente de 6 especies diferentes con una prevalencia del 8.07%. Los análisis filogenéticos mostraron que las especies encontradas fueron *Trypanosoma dionisii*, y los nuevos MOTUs *Trypanosoma* sp. NeoBat 4 y NeoBat 6. Este trabajo, amplía el catálogo de especies del género *Trypanosoma* asociadas con murciélagos en México. Reportamos por primera vez a *T. dionisii*, así como a *Trypanosoma* sp. del clado NeoBat 4 y una posible especie nueva que denominamos provisionalmente NeoBat 6.

Financiación: Proyecto PAPIIT IG2000924, Proyecto PAPIITIG201221, Proyecto CONAHCYT Fronteras 6682

Palabras clave: diversidad, hemoparásitos, Trypanosomátidos, Phyllostomidae

Malaria. Reporte de un caso

Torcoroma Lobo -Rincon, Caroline Carrillo- Ávila, Bertilda Pedraza- Claros, Angélica Herazo-Peralta

Grupo de Investigación Ciencia UDES, Semillero SIBIM, Facultad de Ciencias Médicas y de Salud, Universidad de Santander, seccional Valledupar- Cesar- Colombia

*Presentador: tor.lobo@mail.udes.edu.co

La malaria es una infección parasitaria importante a nivel mundial. Causada por protozoarios del género *Plasmodium*, transmitidos por la picadura de la hembra del mosquito *Anopheles*; cuatro especies parasitan al hombre: *P. vivax*, *P. falciparum*, *P. malarie* y *P. ovale*. Con afecciones en piel y mucosas. Es una enfermedad emergente, multisistémica, desatendida y sin control que afecta a poblaciones vulnerables. Se presentan entre 300 a 500 millones de casos y de 700,000 a 2.7 millones de personas mueren como consecuencia de la infección. Afecta a niños menores de 5 años. En Colombia es un problema de salud pública con afectación en las zonas rurales. La malaria causada por *Plasmodium vivax*, afecta a 2,85 billones de personas en riesgo en todo el mundo. Esta infección se caracteriza por la formación de hipnozoítos que persisten quiescentes en los hepatocitos del hospedero, los cuales se reactivan meses o años luego de resuelto el cuadro clínico. Describir un caso clínico de malaria por *Plasmodium vivax* en un paciente que regreso de Medellín a Valledupar. Estudio retrospectivo de un paciente, realizándole pruebas de laboratorio, extendido

de sangre periférica y gota gruesa. Paciente masculino de 60 años, residente de Valledupar, ingresa al centro hospitalario con cuadro clínico de 17 días de evolución, escalofríos, pérdida de peso, fiebre alta y diaforesis. Al examen físico presentó temperatura de 39 °C, PA: 120/75 mmHg, FC: 85 lpm, FR 18 rpm, eupneico, consciente. Antecedentes cirugía de corazón abierto y transfusiones de glóbulos rojos. Los análisis de laboratorio destacan trombocitosis de 62.000 x mm³. Función renal y uroanálisis normales. La gota gruesa positiva para *Plasmodium vivax*. Inicia tratamiento con Cloroquina 250 mg 2.5 tabletas vía oral por 2 días, luego 1.5 tabletas al tercer día, egresa. Después de dos meses consulta el centro hospitalario por presentar fiebre, cefalea y astenia de dos días de evolución. Se observaron esquizontes de *P. vivax* con una parasitemia baja en la gota gruesa. Inicia tratamiento con evolución favorable del paciente. Se diagnóstica un caso importado de malaria desde la ciudad de Medellín a Valledupar. Las medidas preventivas y el tratamiento favorecen la recuperación del paciente.

Palabras clave: caso, fiebre, gota gruesa, *Plasmodium vivax*, riesgo

Estudio de cohorte de la infección humana sintomática y asintomática por *Leishmania (L.) infantum chagasi* en el sur de Honduras, Centroamérica

Wilfredo Sosa-Ochoa^{1,2}, Concepción Zuniga³, Gabriela Araujo¹, Carmen Sandoval¹, Carlos Corbett¹, Fernando Silveira^{4,5}, Márcia Laurenti¹

¹Laboratório de Patologia de Doenças Infecciosas, Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo, São Paulo 01246-903, SP, Brasil

²Instituto de Investigaciones en Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Tegucigalpa 11101, Honduras

³Departamento de Vigilancia en Salud, Hospital Escuela, Tegucigalpa 11101, Honduras.

⁴Departamento de Parasitologia, Instituto Evandro Chagas (Secretaria de Vigilância em Saúde, Ministério da Saúde), Belém 66090-000, PA, Brasil

⁵Núcleo de Medicina Tropical, Universidade Federal do Pará, Belém 66075-110, PA, Brasil, Brasil

*Presentador: will.sosa.ochoa@gmail.com

En Honduras, América Central, la infección humana por *Leishmania (L.) infantum chagasi* puede dar lugar a la manifestación clínica atípica de leishmaniasis cutánea no ulcerada (NUCL) en adolescentes y adultos jóvenes, pero también a leishmaniasis visceral (LV) en niños menores de cinco años. Recientemente, el uso combinado de las pruebas clínicas, parasitológicas e inmunológicas ha demostrado que el espectro clínico-inmunológico de las infecciones sintomáticas comprende cinco perfiles; Además, también se identificaron otros tres perfiles en individuos asintomáticos. Sin embargo, la falta de información sobre la evolución de NUCL nos llevó a evaluar la dinámica de esta forma atípica de enfermedad. 576 personas del municipio de Amapala, al sur de Honduras, fueron sometidas a pruebas clínicas, parasitológicas e inmunológicas (ELISA-IgG/IgM más DTH). La prevalencia caracterizó 82% de infección asintomática y 18 % de infección sintomática, sólo por NUCL. Todos los pacientes de NUCL mostraron diagnóstico parasitológico positivo en el raspado de las lesiones cutáneas donde se confirmó *L. (L.) infantum chagasi* mediante PCR-RFLP. Durante las incidencias, el 26,4% de los individuos asintomáticos ELISA-/DTH- convirtieron a perfiles ELISA+, el 3,7% a ELISA+/DTH+ y el 24% a perfiles DTH+. Individuos ELISA+ en la prevalencia, 26,2% convirtieron a ELISA+/DTH+ y 17,1% a DTH+ en incidencia de 12 meses; y la mayoría de ELISA+/DTH+ avanzan hacia el DTH+ en incidencia de 24 meses. En

cuanto a la infección sintomática (NUCL), DTH+ fue el perfil más frecuente (30,8%) observado en la prevalencia. De la infección sintomática temprana, que se caracterizó por lesión cutánea con diagnóstico parasitológico positivo pero con pruebas inmunológicas negativas, el 59% de ellos convirtieron al perfil DTH+, el 18% a ELISA+/DTH+ y el 18% al perfil ELISA+. En el grupo sintomático y con ELISA+ en la prevalencia, el 10 % convirtió a ELISA+/DTH+ y el 25 % a DTH+. La mayoría de ELISA+/DTH+ convertidos al perfil DTH+. Es importante señalar que, durante todo el período del estudio, ninguno de los casos de NUCL desarrolló enfermedad visceral. Los resultados sugieren que la infección por *L. (L.) infantum chagasi* en el sur de Honduras muestra un carácter benigno, ya que la mayoría de los individuos infectados evolucionaron a DTH+, las lesiones cutáneas de los pacientes no aumentaron ni ulceraron y ninguno de los infectados desarrolló LV.

Palabras clave: leishmaniasis cutánea no ulcerada, hipersensibilidad retardada, leishmaniasis atípica

Evaluación del riesgo de transmisión de leishmaniasis en el área urbana del municipio de Los Palmitos-Sucre, Colombia

Yulenis Assia-Mercado, Oscar Perez-Vargas, Tania Marquez, Sady Hernandez- Chamorro, Alessia Amin-Gonzales, Eduar Bejarano- Martinez, Luis Paternina-Tuirán

Grupo de Investigaciones Biomedicas, Universidad de Sucre, Sincelejo-Colombia

*Presentador: yulenis.assia@gmail.com

La leishmaniasis es un conjunto de enfermedades zoonóticas y antroponóticas causadas por parásitos del género *leishmania*, transmitida por mosquitos hembras hematófagas de los géneros *phlebotomus* y *lutzomyia* conocidos como moscas de arena o jején (Ferro C et al., 2015). En el departamento de Sucre, entre los años 2007 al 2023 se reportaron 1441 casos de leishmaniasis en sus diferentes manifestaciones clínica, siendo Ovejas, Sampués y Sincelejo los sitios mayormente endémicos; sin embargo, en los últimos tres años, en el municipio de Los Palmitos, se han reportado 11 casos de leishmaniasis cutánea, 10 son procedentes del área rural y un solo caso del área urbana; la aparición de este caso en el área urbana motivó a la realización de este estudio que tuvo como objetivo evaluar el riesgo de transmisión de leishmaniasis urbana en el municipio de Los Palmitos, Sucre, Colombia. Para responder estas preguntas, recolectamos durante tres meses de muestreo taxonomico a traves de trampas de luz tipo CDC, instaladas en el area urbana de Los Palmitos, Sucre, un total de 556 especies flebotomíneas del género *Lutzomyia*, empleando las claves taxonómicas de Young y Duncan (1994). Dentro de las especies identificadas presentes en el area urbana de Los Palmitos; se encontraron circulando: *Lu. Evansi*, *Lu. Gomezi*, *Lu. Panamensis*, *Lu. Rangeliana*, *Lu. micropyga*, *Lu. Dubitans*, *Lu. Cayennensis*, y *Lu. Spp.* De los 60 pooles de hembras no alimentadas (1 pool/10 hembras) evaluados por PCR para la detección *Leishmania*, solo 8 pooles fueron positivos. Además, se evaluó la circulación de *Leishmania* entre la población canina residente del municipio de Los Palmitos; de las 133 muestras de sangre de caninos evaluadas mediante PCR para la detección de *Leishmania*, solo 7 caninos fueron positivos. Estos resultados confirman la circulación del parásito *leishmania* tanto en la fauna flebotomínea, como en la población canina del area urbana de los Palmitos; lo que evidencia el riesgo de transmisión de la leishmaniasis al que está expuesto la población humana del área urbana de Los

Palmitos; razón por la cual deben desarrollarse estrategias de control sostenibles y efectivas para el control de la enfermedad en el área de estudio.

Palabras clave: caninos, flebotomíneos, Leishmaniasis, Los Palmitos, PCR

Explorando del potencial zoonótico de *Trypanosoma renjifoi*: estudio de prevalencia en *Proechymis semispinosus* de Panamá

Azael Saldaña¹, Milixa Perea², Vanessa Pineda², Kadir González², Chystrie Rigg², Ana María Santamaría², Dayra Alvarez¹, Franklyn Samudio², Nicole. Gottdenker³, José Calzada²

¹Centro de Investigación y Diagnóstico de Enfermedades Parasitarias (CIDEP), Facultad de Medicina, Universidad de Panamá, Panamá

²Departamento de Investigaciones en Parasitología, Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud (ICGES), Panamá.

³Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad de Georgia, Athens, Georgia

*Presentador: azael.saldana@up.ac.pa; azasal@hotmail.com

Trypanosoma renjifoi es un hemoparásito que infecta a roedores silvestres del género *Proechymis*. Este tripanosoma fue inicialmente observado en Colombia hace 75 años, sin embargo, su biología sigue siendo en gran medida desconocida. En Panamá, los estudios publicados sobre este parásito son prácticamente inexistentes. El objetivo principal de este estudio fue determinar la frecuencia de infección por *T. renjifoi* en *Proechymis semispinosus* (ratas espinosas) de dos regiones en la provincia de Panamá Oeste. Las capturas se realizaron en tres sitios: peridomicilio, remanente boscoso cercano y remanente boscoso distante. En cada sitio se colocaron 32 trampas Tomahawk y 32 Sherman a lo largo de 4 transectos de 150 metros. El muestreo se llevó a cabo durante cinco noches consecutivas en dos temporadas de lluvias y dos temporadas secas. En total, se capturaron 182 ratas: 147 en la región de Trinidad de las Minas (TM) y 35 en la región de Las Pavas (LP) (p-value=0.002). A cada animal se le tomó una muestra de sangre para realizar frotis sanguíneos y hemocultivos. También se realizó un xenodiagnóstico con 5 ninfas de *Rhodnius pallescens*. El ADN total de cada muestra sanguínea se analizó con tres pruebas de PCR: 1- Secuencias subteloméricas, PCR duplex cebadores T189Fw2 y Tc189Rv3 (*Trypanosoma cruzi*), cebadores TrF3 y TrR8 (*Trypanosoma rangeli*), 2- ITS1 cebadores TRYP1 (Genérico) y 3- 18S rADN cebadores TRY927F y TRY927R; SSU561F y SSU561R (PCR anidado, Genérico). La evaluación microscópica de los frotis sanguíneos reveló una positividad del 12.3% para tripomastigotes, con una longitud media de $34.4 \pm 2.5 \mu\text{m}$. A pesar de los resultados negativos en xenodiagnóstico, hemocultivo y PCR subtelomérico, el PCR-ITS1 mostró una positividad del 41.3% (74/179) en las muestras evaluadas. La frecuencia de infección fue del 51.36% en TM y del 20.0% en LP (p-value=0.0437). No hubo diferencias significativas entre las capturas realizadas en temporadas lluviosas y secas. Las observaciones anteriores y el análisis filogenético de la secuencia obtenida de 18S rADN sugieren que el tripanosoma observado es *T. renjifoi*. La alta frecuencia de infección encontrada destaca la necesidad de realizar otras investigaciones sobre el potencial zoonótico de este tripanosoma.

Financiación: Secretaría Nacional de Ciencia Tecnología e Innovación (SENACYT-Panamá), Proyecto COL11-043.

Palabras clave: *Trypanosoma renjifoi*, *Proechymis semispinosus*, prevalencia, zoonosis, Panamá

Hospedadores mamíferos infectados con linaje TcI de *Trypanosoma (schizotrypanum) cruzi* en los municipios de Usiacurí y Tubará- Atlántico

Yeisson David Cera-Vallejo^{1,2,3}, Claudia Romero-Vivas¹, Andrew.K Falconar¹, Roberto José García-Alzáte^{2,3}, Brendy Padilla-Obregón³, Daisy Johana Lozano-Arias²

¹Grupo de investigación en Enfermedades Tropicales-División ciencias de la Salud-Departamento de Medicina-Universidad del Norte-Barranquilla-Atlántico-Colombia

²Grupo de investigación en Ciencias Básicas y Clínicas GIBAC-Fundación Universitaria San Martín-Facultad de ciencias de la salud, sede Puerto Colombia-Atlántico-Colombia

³Grupo de investigación CETIC-UA Laboratorio de Investigación En Biología Molecular LIBM-UA, Universidad Del Atlántico-Colombia

*Presentador: yeissoncera14@gmail.com

La diversidad genética y biológica de *T. cruzi*, agente etiológico de la enfermedad de Chagas (ECh), le permite a este protozoo infectar a un amplio grupo de mamíferos domésticos y silvestres incluido el humano, en Colombia circulan todas las unidades de tipificación discreta DTUs, las cuales han sido identificadas a partir de mamíferos y vectores por técnicas moleculares empleando marcadores mitocondriales como el ADNk y marcadores nucleares como ME, 18s y 24Sα; para este estudio se capturaron mediante Trampas Tomahawk® *D. marsupialis* (18) y con redes de niebla murciélagos (40) de diferentes especies, bajo sedación se tomaron 200uL de sangre total para extracción de ADN; se realizó PCR convencional dirigida al ADNk y ME para identificar la presencia de *T. cruzi* y los linajes que circulan en 2 localidades del departamento del Atlántico. El 61.1% (n:11/18) de los marsupiales fueron positivos a la presencia de *T. cruzi* linaje TCI, mientras que para los quirópteros el 40% (n: 16/40) amplificó para ADNk, y de estos solamente el 31,25% (n:5/16) para el linaje TcI en las especies *Artibeus jamaicensis*(1) y *Artibeus lituratus* (4). Estos resultados demuestran la circulación del linaje TcI de *T. cruzi* en mamíferos silvestres y sinantrópicos del departamento del Atlántico, y confirman el posible rol como hospedadores transmisores del parásito en la región.

Palabras clave: DTUs, Enfermedad de Chagas; marsupiales, quirópteros, *Trypanosoma cruzi*

Leishmaniasis en Bolivia. Seguimiento de 20 años de un foco doméstico de leishmaniasis cutánea en zona subandina

Eddy Martínez¹, Pamela Durán¹, Viterman Ali¹, François Le Pont²

¹Unidad de Parasitología, Medicina Tropical y Medio Ambiente, Instituto de Investigación en Salud y Desarrollo (UPAMETROP/IINSAD); Cátedra de Parasitología. Facultad de Medicina, Universidad Mayor de San Andrés (UMSA) La Paz. Bolivia

²Institut de Recherche pour le Développement (IRD), Paris, France

*Presentador: pduran@umsa.bo

Bolivia es endémica en leishmaniasis cutánea (LC) y visceral (LV), la LC es la forma clínica dominante en este país y está entre los que más notifican leishmaniasis mucosa (LM). *Leishmania braziliensis* es el patógeno prevalente provocando LC y LM, seguido de *L. amazonensis* responsable de LC y excepcionalmente de leishmaniasis cutánea difusa (LCD) descubierta aquí en 1946.

Leishmania lainsoni y *Leishmania guyanensis* son agentes de LC menos frecuentes y menos dispersos. Desde el primer caso autóctono de LV en 1982, por *Leishmania infantum*, se fueron notificando casos esporádicos en regiones específicas, con un brote reciente el 2022 (22 casos) en la región austral del Chaco de Tarija. En 1993 se identificó un nuevo caso de LCD (fatal), el primero conocido de co-infección *L. amazonensis*/*L. infantum* en una misma lesión, cuyo seguimiento condujo al descubrimiento de un foco doméstico muy activo de LC por *L. amazonensis* localizado en zona subandina (1400-2011m) y del vector *Pintomyia nuneztovari anglesi*, el primer flebotomino comprobado como transmisor de dos especies de *Leishmania* patógenas para el hombre: *L. amazonensis* y *L. braziliensis*. Nuevas especies de flebotominos en este foco fueron descritas por el mismo equipo. El seguimiento de este foco por alrededor de 20 años, permitió poner evidencia la circulación simpátrica de *L. braziliensis*, que se fue incrementando con el tiempo y que, en determinados periodos tuvo una presencia casi equivalente a *L. amazonensis*, en contraposición a la predominancia absoluta de *L. amazonensis* en otros tiempos y circunstancias, aspecto que debe estudiarse en profundidad para valorar una posible estacionalidad u otros factores. En este tiempo también se identificaron casos mucosos y un caso crónico de más de 15 años de LC sin compromiso mucoso, no posible de tratar por contraindicaciones (todos por *L. braziliensis*); la evaluación exitosa del impacto de barreras físico químicas para prevenir la transmisión doméstica (realizada en periodos diferentes) y la identificación de una nueva especie de *Leishmania* hace muchos años, aun no descrita por diferentes razones. Con bastante iconografía, brindamos la información consolidada sobre este singular foco de leishmaniasis, incluyendo la respuesta terapéutica a terapias alternativas y la actualización epidemiológica.

Palabras clave: *Leishmania amazonensis*, *Pintomyia nuneztovari anglesi*, leishmaniasis cutánea difusa, transmisión doméstica

Leishmaniasis en Honduras: Una visión de “One Health”

Elisa Alcántara-Henríquez¹, Joel García¹, Zoila Estela Guevara², Hugo O. Valdivia³, Juan F. Sánchez³, Adalid Palma⁴, Gissella M. Vasquez⁵, Arnold Houghton⁶, Allan Izaguirre⁶, Marcia D. Laurenti⁷, Wilfredo Sosa-Ochoa¹

¹Instituto de Investigaciones en Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Tegucigalpa, Honduras

²Maestría en Enfermedades Infecciosas y Zoonóticas, Escuela de Microbiología, Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Tegucigalpa, Honduras

³Department of Parasitology, U.S. Naval Medical Research Unit SOUTH (NAMRU SOUTH), Bellavista 07006, Peru
⁴Vysnova Partners, LLC., Alexandria, VA 22314, USA

⁵Department of Entomology, U.S. Naval Medical Research Unit SOUTH (NAMRU SOUTH), Bellavista 07006, Peru

⁶Secretaría de Salud de Honduras, Comayagua, Honduras

⁷Laboratory of Pathology of Infectious Diseases (LIM50), Department of Pathology, Medical School, São Paulo University, São Paulo 01246-903, SP, Brazil

*Presentador: elisa.alcantara@unah.edu.hn

En Honduras, la leishmaniasis está presente en 12/18 departamentos del país. La forma más prevalente es la forma cutánea no ulcerada, causada por *Leishmania (L.) infantum chagasi*. El propósito de nuestro proyecto fue describir la eco-epidemiología de la leishmaniasis por medio de un enfoque “One Health” en el municipio de Ojos de Agua, Comayagua, región central de Honduras durante agosto del 2023. Como parte de este estudio, se colocaron trampas de luz tipo

CDC en cada vivienda con una historia previa de leishmaniasis y los flebotominos colectados fueron identificados por medio de claves taxonómicas de Young & Duncan y Galati. Además, se realizó una evaluación de todos los perros que habitaban en las casas y colectó una muestra de sangre venosa para análisis de laboratorio. Finalmente, se realizó una búsqueda de casos humanos con lesiones activas en toda la comunidad durante el mismo periodo. Se utilizó un ensayo de diagnóstico rápido (DPP) y un ELISA inhouse para tamizaje de leishmaniasis en las muestras de perros. Se realizó extracción de ADN de tejidos intestinales diseccionados de un sub-grupo de flebotominos y de la sangre de los perros muestreados. Se amplificaron regiones de kDNA para detectar ADN de *Leishmania* spp. y se secuenció el gen ITS para determinación de especie. Se colectaron 580 flebotominos para montaje de los cuales el 21% eran hembras. Se identificaron ocho especies de flebotominos siendo *Lutzomyia (Lutzomyia) longipalpis* (80.86%) la especie más predominante seguida por *Pintomyia (Pifanomyia) evansi* (6.21%). Adicionalmente, se colectaron 180 hembras para detección de *Leishmania* spp. Preliminarmente, se han analizado 64 individuos resultando en una positividad de 10.9% (n=7) los cuales corresponden a 6 *Lu. (Lu.) longipalpis* y 1 *Pi. (Pif.) evansi*. Se colectaron muestras de sangre de 43 perros de las cuales 7 (16.3%) fueron positivas (3 por prueba rápida DPP y por ELISA). Los ensayos de PCR identificaron 8 muestras (18.6%) positivas para *Leishmania* spp., de las cuales todas fueron identificadas como *Leishmania infantum chagasi* por medio de secuenciación. No se encontraron casos humanos durante la ejecución del estudio. La detección de *Leishmania (L.) infantum chagasi* en reservorios domésticos y posiblemente en especies de flebotominos que circulan en Ojos de Agua sugiere un reciente resurgimiento de esta enfermedad en el área con un riesgo potencial para la población humana en el futuro. Asimismo, nuestros resultados resaltan la importancia de utilizar un enfoque “One Health” para monitorear la transmisión de esta enfermedad en áreas endémicas nuevas o con historia previa de leishmaniasis cutánea ulcerada en Honduras.

Financiación: U.S. DoD Armed Forces Health Surveillance Division (AFHSD) and the Global Emerging Infections Surveillance Branch, ProMIS ID P0130_23_N6 and P0120_24_N6, 2024. Instituto de Investigaciones en Microbiología (IIM-UNAH).

Palabras clave: infección natural, *Leishmania infantum chagasi*, leishmaniasis cutánea no ulcerada

***Panstrongylus geniculatus* (Hemiptera; Reduviidae) infectados naturalmente con linaje TcI de *Trypanosoma cruzi* en el municipio de Tubará, Atlántico-Colombia**

Yeisson David Cera-Vallejo^{1,2,3}, Claudia Romero-Vivas¹, Andrew K Falconar¹, Roberto José García-Alzate^{2,3}, Daisy Johana Lozano-Arias²

¹Grupo de investigación en Enfermedades Tropicales-División ciencias de la Salud-Departamento de Medicina. Universidad del Norte-Barranquilla-Atlántico, Colombia

²Grupo de investigación en Ciencias Básicas y Clínicas GIBAC-Fundación Universitaria San Martín, Facultad de Ciencias de la Salud, sede Puerto Colombia, Atlántico, Colombia

³Grupo de investigación CETIC-UA. Laboratorio de Investigación en Biología Molecular LIBM-UA, grupo de investigación CETIC. Universidad del Atlántico, Colombia

*Presentador: daisy.lozano@sanmartin.edu.co

El departamento del Atlántico es catalogado por el Instituto Nacional de Salud de Colombia como área no endémica para la Enfermedad de Chagas. Hasta la fecha, han sido reportadas las especies de triatomíneos de interés epidemiológico como *Triatoma maculata*, *Eratyrus cuspidatus* y *Panstrongylus geniculatus* para los municipios de Puerto Colombia, Luruaco, Tubará, Soledad y Barranquilla, sin embargo, no existen reportes sobre su infección natural con *T. cruzi*. En esta investigación, se realizó búsqueda activa de ejemplares de la especie *P. geniculatus* en área rural de los municipios de Tubará, Piojó y Usiacurí. Se extrajo ADN del contenido intestinal y con marcadores mitocondriales (DNAk) y nucleares como (ME, TcI, TcII, TcIII) se determinó la presencia del genotipo *T. cruzi* I (TcI) en el 66,7% (n:16/24) de los ejemplares capturados. Con estos resultados se actualiza la distribución de triatomíneos en el departamento incluyendo el municipio de Usiacurí, así mismo, se reporta el primer hallazgo de infección con *T. cruzi* linaje TcI en *P. geniculatus* para el departamento. Estos resultados demuestran el riesgo de transmisión a humanos de este genotipo patógeno en un área reportada como no endémica para Enfermedad de Chagas.

Palabras clave: área no endémica, marcador mitocondrial, TcI, triatomino

Primer reporte de infección por *Trypanosoma cruzi* urbano en erizo pigmeo (*Atelerix albiventris*): nueva perspectiva ecológica en Colombia

Ian Sebastián Murcia-Cueto¹, Luz Zoraya Beatriz Duarte-Rodríguez¹, Ángela Patricia Jiménez-Leaño¹, Omar Cantillo-Barraza², Juan David Ramírez^{3,4}, Jeczon Jaimes-Dueñez¹

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

²Grupo de Biología y Control de Enfermedades Infecciosas -BCEI, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Antioquia., Medellín, Colombia

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

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

*Presentador: ian.murcia@campusucc.edu.co

La enfermedad de Chagas (EC) es una infección zoonótica causada por el parásito protozoario *Trypanosoma cruzi*, que afecta a más de siete millones de personas en todo el mundo. *T. cruzi* puede infectar a más de 100 especies de mamíferos salvajes, incluidos zarigüeyas, armadillos, murciélagos, carnívoros, roedores y primates, así como a animales domésticos tales como perros, gatos y mascotas exóticas. Este es el primer informe de infección por *T. cruzi* en un erizo pigmeo africano (*Atelerix albiventris*) considerado como "mascota exótica" en una zona endémica de EC en Colombia. Después de que el paciente fuera sometido a eutanasia debido al empeoramiento de los signos clínicos, que incluían diarrea, trombocitopenia, leucopenia y hemiplejía, se realizaron exámenes anatomopatológicos e histopatológicos. Simultáneamente, se llevaron a cabo diagnósticos moleculares y genotipificación de *T. cruzi* utilizando qPCR y la secuenciación de 18S rRNA, respectivamente. El examen anatomopatológico reveló cambios significativos en varios sistemas, incluyendo enteritis hemorrágica ulcerativa, hipertrofia ventricular izquierda, linfadenitis y edema meníngeo difuso. Los principales hallazgos histopatológicos incluyeron una reacción inflamatoria mononuclear, congestión y hemorragias en varios órganos, acompañados de quistes de amastigotes

en cardiomiocitos. La qPCR confirmó la presencia de *T. cruzi* en corazón, ganglio linfático, cerebro, glándula salival, sangre y bazo. En cuanto a los análisis de genotipificación, todos los órganos fueron positivos para TcI, mientras que algunos mostraron coinfecciones con TcII, TcIII y TcIV. Además, algunos tejidos mostraron la presencia de *T. cruzi marinkellei* y *Trypanosoma evansi*. Este caso confirma la susceptibilidad de *A. albiventris* a la infección por *T. cruzi* y otros tripanosomas, sugiriendo un posible papel de estas mascotas como diseminadoras de la infección por *T. cruzi* en áreas endémicas. Aquí se discuten las implicaciones ecológicas y epidemiológicas de estos hallazgos.

Palabras clave: DTUs, mamíferos, reservorios, Trypanosomas, Bucaramanga, Santander zoonosis

Tripanosomatídeos en perros de Colombia: una revisión sistemática y metaanálisis

Marlon Mauricio Ardila^{1,2}, Iván Benavides-Céspedes², Juan David Linero³, Martín Zamorano-Uribe⁴, Rafael Acosta⁵, Pablo Oyarzún-Ruíz⁶, Carlos Landaeta-Aqueveque¹, Leidi Herrera^{7,8}

¹Departamento de Patología y Medicina Preventiva, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán-Chile

²Grupo Interdisciplinario en Ciencias Marinas y Ambientales (GICMARA), Facultad de Ciencias Básicas, Universidad del Atlántico, Puerto Colombia-Colombia

³Grupo de Investigación Básica y Clínica en Ciencias de la Salud, Facultad de Ciencias de la Salud, Fundación Universitaria San Martín, Puerto Colombia-Colombia

⁴Departamento de Ciencia Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán-Chile

⁵Departamento Ciencias Básicas, Universidad del Bío Bío, Chillán-Chile

⁶Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción-Chile

⁷Instituto de Zoología y Ecología Tropical (IZET), Facultad de Ciencias, Universidad Central de Venezuela (UCV), Caracas-Venezuela

⁸Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, Universidad Nacional de Asunción, San Lorenzo-Paraguay

*Presentador: biomardila2@gmail.com

En Colombia, la leishmaniasis canina (LC) y tripanosomiasis canina (TC) son zoonosis relevantes en salud pública, causadas por tripanosomatídeos. Se propuso evaluar registros sobre la LC y TC en Colombia, mediante una revisión sistemática usando el método PRISMA. Se consultaron las bases de datos PubMed, Web of Science y Scopus, sin restricciones de idioma o periodo, hasta mayo del 2024. Se incluyeron artículos científicos que reportaron casos de LC y TC, diagnosticados mediante pruebas serológicas y moleculares. Para evaluar la heterogeneidad de los estudios evaluados se utilizaron la prueba Q de Cochran ($p < 0,1$) y el índice I². De un universo de 424 estudios, se seleccionaron 43, los cuales consideraron 7.497 perros muestreados, con prevalencia general para LC de 8,76% y para TC de 6,19%. En dichas investigaciones se identificó un total de ocho especies de tripanosomatídeos: tres del género *Trypanosoma*, específicamente *T. cruzi*, *T. rangeli* y *T. evansi*, y cinco del género *Leishmania*, tales como *L. chagasi*, *L. braziliensis*, *L. guyanensis*, *L. panamensis* y *L. amazonensis*. La revisión reveló casos de LC y TC en 17/32 departamentos, con el Departamento de Sucre presentando las mayores prevalencias (11,62%). Los tripanosomatídeos con mayor prevalencia fueron *T. cruzi* (46,5%) y *L. chagasi* (27,9%). Las técnicas de diagnóstico más empleadas fueron la PCR convencional (46,51%) y ELISA (34,88%). Los estudios evaluados indicaron una baja proporción de seroprevalencia y prevalencia por PCR

entre los análisis realizados. En relación con la heterogeneidad de los estudios, se encontró que el método diagnóstico mostró una heterogeneidad significativa tanto para la seroprevalencia ($I_2=0,37$, $Q=29,99$) como para la prevalencia por PCR ($I_2=2,27$, $Q=104,39$). La revisión mostró que la LC y la TC están distribuidas en varias regiones de Colombia, con la más alta prevalencia en el Departamento de Sucre, aun cuando la prevalencia general en la población canina es baja, lo cual podría ser atribuido a efectos de control sobre estas zoonosis o un subregistro en ciertas áreas. La naturaleza zoonótica de estos tripanosomatídeos resalta la necesidad de una vigilancia epidemiológica y educación en salud pública para reducir los riesgos en perros y humanos.

Financiación: Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID) de Chile por la Beca ANID “Doctorado Nacional/2022 número 21220118”

Palabras clave: Colombia, leishmaniasis canina, PCR, PRISMA, serología, tripanosomiasis canina

Brote de Leishmaniasis cutánea en el Sureste Mexicano

Jessica Rubio-de la Rosa^{1,2}, Diana Gómez-Reyna², Norma Salaiza-Suazo¹, Isabel Cañeda-Guzmán¹,
Javier Juárez-Gabriel^{1,2}, Ingeborg Becker-Fauser^{1,2}

¹Laboratorio de Inmunoparasitología, Unidad de Medicina Experimental, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México, Hospital General de México, Ciudad de México, México

²Centro de Medicina Tropical, Unidad de Medicina Experimental, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México, Hospital General de México, Ciudad de México, México

*Presentador: jezzrubio@gmail.com

En México la Leishmaniasis en su forma cutánea representa el 99% de los casos clínicos confirmados y en los últimos años se ha observado un incremento de casos en el sureste mexicano. Este brote podría estar relacionado con diversos factores bióticos y abióticos, entre ellos, el cambio de uso de suelo que además conlleva a la pérdida de biodiversidad y a la degradación de los ecosistemas. En este trabajo se analizaron los casos confirmados de Leishmaniasis cutánea reportados en el boletín epidemiológico de la Secretaría de Salud de México en los estados de Campeche, Chiapas, Quintana Roo, Tabasco y Yucatán, además se analizó mediante imágenes satelitales la estructura vegetal en las zonas afectadas por el proyecto del “Tren Maya”. Mediante la revisión de estos datos epidemiológicos recopilados desde el 2019 al 2023 observamos que las gráficas tuvieron un crecimiento exponencial en 2023 desde el 2021 principalmente en el estado de Quintana Roo, Yucatán y Campeche a excepción de Tabasco, confirmándose en la suma del total de casos de leishmaniasis cutánea que del 2020 al 2022 dieron un total de 612 en Quintana Roo y 82 en Yucatán, mientras que tan solo en el 2023 aumentaron a 799 y 106 respectivamente. Respecto al estado de Chiapas no se reportaron casos desde el 2021. Por otra parte, el análisis con índices de imágenes satelitales mostró los cambios de la estructura vegetal a partir del año 2022, en donde se observa un impacto ambiental notorio principalmente en la península de Yucatán donde la ruta del Tren Maya cuenta con mayor distribución y construcción de estaciones, por lo que también aumento la demanda de trabajadores de otras regiones. Finalmente, se ha observado que los cambios de uso de suelo por actividades y/o proyectos antrópicos pueden estar relacionados con el resurgimiento de enfermedades, lo cual explicaría el aumento exponencial de leishmaniasis cutánea en el sureste mexicano.



Palabras clave: cambio de uso de suelo, epidemiología, leishmaniasis, migración laboral, Tren Maya

INMUNOLOGÍA

IX Reunión Colombiana
LEISHMANIASIS
y enfermedad de **CHAGAS**

XIX SIMPOSIO
PECET Asociación en la
Investigación de
enfermedades
tropicales



Perfil inflamatorio y marcadores de activación de leucocitos en explantes de placenta en respuesta a *Plasmodium falciparum*

Juan Diego Ramirez-Aristizaba¹, Ana María García-Sierra, Carolina López-Guzmán, Ana María Vásquez-Cardona

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

*Presentador: juand.ramirez1@udea.edu.co

La infección por *Plasmodium falciparum* durante el embarazo está asociada a efectos negativos en la gestante y al feto en desarrollo, debido a la acumulación de eritrocitos infectados en el espacio intervilloso de la placenta. Las vellosidades coriónicas, compuestas por células y proteínas de matriz extracelular, son fundamentales para la interacción materno-fetal. Aunque la secuencia de eventos que ocurre en estas células tras el contacto con *P. falciparum* aún no ha sido completamente esclarecida, se presume que se genera una cascada de señalización que contribuye a la activación de la respuesta inmune tanto en el feto como en la madre. Por lo tanto, en el presente trabajo se pretende describir el efecto de *P. falciparum* en el perfil de secreción de citoquinas y en la expresión de marcadores de activación de leucocitos en explantes de placenta. Para ello, se incubaron explantes de vellosidades coriónicas con eritrocitos infectados por *P. falciparum*, posteriormente se evaluó la producción de citoquinas y el impacto en la integridad de los explantes. Además, se analizó la expresión relativa de genes asociados con la activación de leucocitos y la regulación de la respuesta inmune. Los resultados revelaron un aumento en las alteraciones morfológicas en los explantes, acompañado de un incremento en la producción de Interleucina-10 y una reducción en la expresión de *CD86*, *ICAM-1*, *THEMIS*, *CCL5*, *MyD88*, *TGF-β* y *HLA-DQβ*. Por ende, se sugiere que *P. falciparum* afecta la integridad estructural de los explantes. Se postula que las vellosidades coriónicas podrían contar con mecanismos reguladores que, al interactuar con *P. falciparum*, inhiban la activación y migración de leucocitos. Este proceso podría estar dirigido a mitigar la respuesta inflamatoria materna, considerada la causa principal de los efectos adversos de la malaria placentaria.

Financiación: MINCIENCIAS, Código 11584467585.

Palabras clave: citocinas, expresión génica, inflamación, *Plasmodium falciparum*, vellosidades coriónicas

Modulación de marcadores de macrófagos como CD200 en la infección por *Leishmania amazonensis*

Sandra Viviana Vargas-Otalora¹, Carla Claser², Mauro Cortez¹

¹Instituto de Ciencias Biomédicas, Departamento de Parasitología, Universidad de São Paulo, Brasil

²Departamento de Microbiología, Inmunología y Parasitología, Universidad Federal de São Paulo, Brasil

*Presentador: svvo.05@usp.br

La enfermedad tropical desatendida conocida como leishmaniasis es causada por protozoos intracelulares del género *Leishmania* que infectan principalmente los macrófagos. Entre las especies,

L. amazonensis es la única responsable de causar tanto leishmaniosis cutánea-localizada como cutánea-difusa en Brasil. Durante la infección, la activación proinflamatoria de macrófagos (perfil M1) genera inducción de óxido nítrico sintasa inducible (iNOS) y producción de óxido nítrico (NO), mecanismo crucial para eliminar patógenos intracelulares. Sin embargo, formas infectivas de *Leishmania* (amastigotes) modifican el perfil de macrófagos para una activación antiinflamatoria (perfil M2), desactivando la respuesta inmune y favoreciendo su supervivencia. Moléculas inmunoregulatoras como CD200 y su receptor (CD200R), complejo inmunitario inhibidor que participa en el control del sistema inmune del huésped, son moduladas por *L. amazonensis* bloqueando el mecanismo iNOS/NO y promoviendo la proliferación parasitaria. Por lo tanto, *Leishmania* modifica la expresión de moléculas de superficie influenciando en su plasticidad fenotípica, pudiendo generar un conjunto específico de marcadores en los macrófagos. Así, el objetivo fue evaluar marcadores de superficie y caracterizar fenotípicamente los macrófagos infectados por *L. amazonensis*. Se utilizaron macrófagos RAW 264.7 infectados o no con amastigotes de *L. amazonensis* durante 1h y como control de expresión de marcadores, células pre-estimuladas con IFN γ /LPS por 18h, para análisis por citometría de flujo. Se midieron niveles de NO, por el método de Griess, en células infectadas o no con *L. amazonensis* y post-estimuladas con IFN γ /LPS por 48h. A partir de una población total de macrófagos (CD45+F4/80+) y de acuerdo con la intensidad media de fluorescencia (MFI), CD200 aumentó significativamente su expresión en las células infectadas, comparada con células no infectadas. En los otros marcadores no se observaron diferencias significativas. En células pre-estimuladas, CD11c y CD80, presentaron una reducción de su expresión en células infectadas en comparación con células no infectadas. Finalmente, los niveles de NO disminuyeron en células infectadas y post-estimuladas, en contraste con células solo post-estimuladas. Estos hallazgos sugieren que CD200 sirve como marcador temprano en la infección por *L. amazonensis*, y la disminución en la expresión de algunos marcadores en macrófagos proinflamatorios confirma la plasticidad fenotípica celular en respuesta al proceso infeccioso en tiempos iniciales.

Financiación: FAPESP. Beca: 2022/07830-8

Palabras clave: CD200, *Leishmania amazonensis*, macrófagos, marcadores de superficie

Utilidad de CD1a como inmunomarcador en la detección de formas crónicas de leishmaniasis tegumentaria

Lucero Katherine Aristizábal-Parra¹, Juan Pablo Ospina-Gómez², Lina Restrepo-Rivera¹, Juan David Ramírez^{3,4}, Carlos Mario Ospina-Varón³, Juan David González⁵, Héctor Serrano-Coll¹

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

²Centro de Investigaciones en Dermatología (CIDERM), Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Clínica Vida, Medellín, Colombia

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

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

⁵SYNLAB, Regional Noroccidente, Medellín, Colombia

*Presentador: aristizabal.lucero@uces.edu.co, lukathearisti@gmail.com

La leishmaniasis es una enfermedad crónica vectorial, causada por parásitos del género *Leishmania*. Una de las limitaciones que presenta esta enfermedad, es la compleja visualización del parásito utilizando los métodos diagnósticos convencionales, principalmente en sus formas oligoparasitarias. Por lo tanto, una de las técnicas histopatológicas que ha demostrado ser útil en el viejo mundo para la identificación del parásito en su forma intracelular, es la inmunomarcación con CD1a, sin embargo, en el nuevo mundo concretamente en Colombia, no hay estudios que demuestren la utilidad de este inmunomarcador. Es por ello, que el objetivo de este trabajo de investigación, buscó determinar la utilidad de CD1a como inmunomarcador en la detección de formas crónicas de leishmaniasis tegumentaria, en muestras incluidas en parafina, distribuidas en tres grupos: Muestras con moderada- alta carga parasitaria (n:15), baja carga (n:15), inflamación granulomatosa crónica (n:13). Adicional, se incluyó un grupo de cinco muestras con diagnóstico de Histoplasmosis cutánea, las cuales se tiñeron con el inmunomarcador CD1a Clon EP3622. De acuerdo a los resultados, la inmunomarcación de amastigotes con CD1a fue del 46,51% de las muestras, obteniendo una menor sensibilidad diagnóstica de CD1a con respecto a Hematoxilina-eosina (65,2%) y qPCR gen 18s rDNA (59,2%). Adicional, no se observaron diferencias estadísticamente significativas ($P > 0,05$) entre la carga parasitaria obtenida por Hematoxilina-eosina e inmunohistoquímica de CD1a con respecto al número de copias de *Leishmania* spp. evidenciadas por la prueba molecular. Los resultados de este estudio nos sugieren que la inmunohistoquímica para CD1a presenta una utilidad variable para la detección de especies de *Leishmania* del subgénero *Viannia*, por lo que podría utilizarse como apoyo diagnóstico en el área de dermatopatología, junto a tinciones tradicionales como Hematoxilina eosina y Giemsa, para la visualización de los amastigotes en estos contextos inflamatorios crónicos de la enfermedad.

Palabras clave: antígenos de superficie, enfermedades olvidadas, histopatología, marcadores inmunológicos



NUEVAS TECNOLOGÍAS/ INTELIGENCIA ARTIFICIAL

IX Reunión Colombiana
LEISHMANIASIS
y enfermedad de **CHAGAS**

XIX SIMPOSIO
PECET Asociación en la
Investigación de
enfermedades
tropicales



Caracterización del parásito *Leishmania* spp. utilizando procesamiento de imágenes como apoyo al diagnóstico por microscopía

Michael Contreras-Ramirez¹, Clemencia Ovalle-Bracho¹, Jhonathan Sora-Cárdenas¹, Claudia Colorado-Salamanca², Daniel Suárez-Venegas¹

¹Pontificia Universidad Javeriana, Facultad de Ingeniería, Bogotá D. C. - Colombia

²Hospital Universitario Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta ESE, Bogotá D. C. - Colombia

*Presentador: contreras.michael@javeriana.edu.co

La leishmaniasis es una enfermedad parasitaria presente en regiones tropicales de América Latina, Asia y África y, causada por parásitos del género *Leishmania* y transmitida a los humanos mediante la picadura de insectos flebótomos. La enfermedad puede manifestarse de varias formas clínicas tales como leishmaniasis cutánea, mucosa y visceral. El método de laboratorio más común para detectar el parásito en pacientes con leishmaniasis cutánea es mediante el examen microscópico de frotis directo, realizado manualmente por un profesional capacitado que en muchos casos requiere un amplio lapso de tiempo, lo cual puede ser propenso a presentar errores humanos debido a la fatiga visual. Para optimizar este proceso, se propone la implementación de técnicas de procesamiento de imágenes. En este estudio, se creó una base de datos con 500 imágenes microscópicas de frotis directos de pacientes con leishmaniasis cutánea. El preprocesamiento incluyó técnicas para la reducción de ruido como gauss, median y operadores morfológicos. En la segmentación se utilizaron métodos como Otsu, umbral local y la segmentación IGMS, que permitieron extraer las regiones de interés como posibles candidatos a parásitos. La extracción de características se orientó a la representación detallada de los parásitos mediante características morfológicas, de textura y color. La consolidación de la base de datos permitió que en el proceso de anotación por los expertos se etiquetaran 7905 parásitos de *Leishmania* spp. El diseño experimental desarrollado para las etapas de preprocesamiento y segmentación seleccionó el canal de color R en combinación con el filtro operador morfológico de cierre para la reducción de ruido, y la segmentación con IGMS como mejor combinación, alcanzando una recuperación del 95.98% de los parásitos etiquetados. La caracterización fenotípica del parásito se realizó mediante la extracción de 13 características morfológicas, 7 de textura y 12 de color para cada estructura del parásito (núcleo, kinetoplasto y citoplasma), lo que permitió consolidar la información necesaria para que a futuro se logren entrenar modelos de IA con el fin de detectar automáticamente el parásito. Este estudio demuestra que la integración de técnicas de procesamiento de imágenes en el diagnóstico puede optimizar la identificación fenotípica del parásito, mejorando la precisión y eficiencia del método convencional. Esto sugiere que la automatización del diagnóstico mediante inteligencia artificial podría ser una realidad cercana y valiosa para los profesionales de la salud. Financiación: Pontificia Universidad Javeriana y el Hospital Universitario Centro Dermatológico Federico Lleras Acosta. Además, Michael Contreras recibió financiación de la Fundación Ceiba y la Gobernación de Cundinamarca para cursar la maestría en bioingeniería en la Pontificia Universidad Javeriana.

Palabras clave: inteligencia artificial, Leishmaniasis Cutánea, preprocesamiento, procesamiento de imágenes, segmentación

Clasificación automática de la etapa de infección por *Trypanosoma cruzi* en imágenes estereoscópicas de músculo cardíaco usando inteligencia artificial

Blanca Vazquez¹, Nidiyare Hevia-Montiel¹, Jorge Perez-Gonzalez¹, Leonardo Guillermo-Cordero², Paulina Haro³

¹Unidad Académica del Instituto de Investigaciones en Matemáticas Aplicadas y en Sistemas (IIMAS) en el Estado de Yucatán, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Yucatán, México

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

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

*Presentador: blanca.vazquez@iimas.unam.mx

En los últimos años, han surgido diferentes herramientas basadas en inteligencia artificial (AI) con gran potencial en el campo de las enfermedades infecciosas, sin embargo, la falta de interpretabilidad de qué y cómo las variables clínicas influyen en la predicción limita el uso de estos modelos en escenarios reales. El objetivo de este trabajo es presentar un modelo preliminar basado en IA para clasificar la etapa de infección aguda y crónica por *Trypanosoma cruzi*, y especialmente, describir un mecanismo de interpretabilidad de la salida del modelo. Para empezar, se usó un enfoque basado en transferencia utilizando una red neuronal profunda previamente entrenada. Posteriormente, el modelo se entrenó con un total de 43 imágenes estereoscópicas de músculo cardíaco con una resolución de 4x con tinción de hematoxilina y eosina; las imágenes fueron adquiridas usando un modelo murino en etapa aguda y crónica de infección. Para interpretar los resultados, se utilizó un enfoque basado en gradientes para producir un mapa de calor resaltando las regiones importantes en la predicción. Los rendimientos logrados en imágenes no vistas durante el entrenamiento fueron: precisión = 0.88, F1 = 0.89 y AUC (área bajo la curva) = 0.83. En particular, para la clase aguda se obtuvo 0.8 en F1 y 0.87 en precisión. En contraste, para la clase crónica se obtuvo 0.91 en F1 y 0.88 en precisión. Estos resultados nos indican alta sensibilidad y especificidad en la clasificación. Para cada imagen de entrada, el modelo genera un mapa de calor indicando las zonas que podrían influir al momento de clasificar si una imagen pertenece a fase aguda o crónica de la infección. Como hallazgos relevantes, encontramos que el modelo detecta zonas con infiltrados inflamatorios, los cuáles son relevantes en la fase crónica cuando el hallazgo de nidos de amastigotes en miocardio suele ser de menor grado o nulo. Los resultados muestran que es posible clasificar automáticamente imágenes estereoscópicas e interpretar la salida de los modelos. Esta interpretabilidad puede asistir en el diagnóstico y seguimiento de la enfermedad de Chagas.

Financiación: Programa de Becas Posdoctorales de la UNAM y PAPIIT-UNAM IT101422.

Palabras clave: clasificación, inteligencia artificial, interpretabilidad, histopatología, *Trypanosoma cruzi*

Optimización de la colaboración global en la lucha contra la enfermedad de chagas mediante la aplicación móvil CDAY

María Alejandra Gutiérrez-Torres, Bernardo Lombo

Universidad de Yale, Facultad de Medicina, Estados Unidos

*Presentador: maria.a.gutierrez@yale.edu

Afortunadamente, la enfermedad de Chagas es objeto de estudio por parte de distintos académicos en la actualidad; no obstante, la colaboración entre estos expertos aún necesita fortalecerse significativamente. Para avanzar en la investigación de esta enfermedad, es fundamental unir esfuerzos con el fin de lograr mayores y más rápidos progresos. Por ello, en 2023 se creó la Alianza contra la Enfermedad de Chagas en Yale (CDAY), un esfuerzo colaborativo internacional que involucra a más de 20 expertos de Argentina, Colombia, Brasil, El Salvador y de varios estados de EE.UU., como Massachusetts, Texas y Connecticut. Este consorcio ha logrado avances significativos en la estrategia global para combatir la enfermedad de Chagas, incluyendo la transmisión del conocimiento y la realización de intervenciones conjuntas, como el tamizaje de Chagas en lugares como Córdoba, Argentina. Entre los diversos proyectos de CDAY, destaca el desarrollo de su aplicación móvil, que funciona como una plataforma dinámica para la interacción continua y la colaboración entre investigadores. Esta herramienta digital no solo facilita el intercambio de información científica y los avances en la investigación, sino que también integra funcionalidades para optimizar las diferentes oportunidades de investigación en Chagas. El principal valor de la aplicación radica en su capacidad para fomentar una red de comunicación efectiva y eficiente entre científicos, médicos y otros profesionales de la salud, permitiendo una rápida diseminación de conocimientos y estrategias de intervención. Sumado a esto, la aplicación facilita la coordinación de proyectos multicéntricos y transnacionales, esenciales para la realización de estudios epidemiológicos a gran escala y el desarrollo de políticas de salud basadas en evidencia. En este contexto, la aplicación de CDAY no solo se posiciona como una herramienta tecnológica avanzada, sino también como un catalizador de innovación en la investigación médica sobre enfermedades desatendidas. La integración de esta plataforma en la estrategia global de CDAY permite a los profesionales de la salud abordar de manera más efectiva los desafíos que presenta la enfermedad de Chagas, logrando a través de esta automatizar el proceso de encontrar mentes con las cuales colaborar en tan importante labor.

Financiación: Universidad de Yale y desarrolladores de Delot_co.

Palabras clave: colaboración internacional, chagas, salud pública global, tecnología en salud

Perspectivas sobre el uso de pruebas rápidas para el diagnóstico serológico de la enfermedad de Chagas en Colombia

Ricardo Andrés Caicedo-Díaz¹, Rafael Antonio Herazo-Tapia¹, Maryi Lorena Segura², Martha Stella Ayala², Andrea Marchiol¹

¹DNDi, Drugs for Neglected Diseases initiative, Latinoamérica

²Laboratorio Nacional de Referencia-Grupo de Parasitología, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional

de Salud, Bogotá-Colombia

*Presentador: acaicedo@extern.dndi.org

Con el propósito de aumentar el acceso al diagnóstico serológico de las personas afectadas con la Enfermedad de Chagas (EC) en Colombia, el Ministerio de Salud, Instituto Nacional de Salud (INS) y DNDi han desarrollado un trabajo conjunto que ha permitido que el número de personas que acceden al diagnóstico aumente significativamente en diferentes zonas del país. Actualmente, se adelantan tres estrategias de evaluación de Pruebas de Diagnóstico Rápido (PDR) para el diagnóstico serológico de la EC en Colombia, bajo el liderazgo del Laboratorio Nacional de Referencia, Grupo de Parasitología del INS, y el apoyo técnico de DNDi. La primera ha sido la evaluación diagnóstica realizada en condiciones controladas de laboratorio que incluyó once pruebas y 585 sueros de pacientes colombianos procedentes de zonas endémicas y no endémicas; la sensibilidad (Se) estuvo entre 75,5% a 99% y la especificidad (Sp) entre 70,9% a 100%, 6 de 11 pruebas tuvieron un desempeño mayor a 90% en Se y Sp. Estos resultados permitieron seleccionar las cinco PDR con el mejor rendimiento para ser evaluadas directamente en terreno, en condiciones no controladas y con sangre total; para ello, la segunda estrategia evalúa en gestantes cuatro PDR que se realizan simultáneamente, con el propósito de identificar la mejor prueba para tamizar a las gestantes en marco de la implementación de la ETMI plus y de la Ruta Materno Perinatal, esta estrategia se desarrolla en diez municipios, distribuidos en siete departamentos de Colombia. La tercera estrategia es la evaluación de un algoritmo basado en PDR que contempla la aplicación de dos pruebas en paralelo, esta se realiza en población indígena y se evalúan dos combinaciones diferentes. Los resultados preliminares e integrados de estas estrategias sugieren que algunas PDR tienen un rendimiento semejante a las pruebas de ELISA que conforman el algoritmo oficial en Colombia, lo cual podría facilitar a corto plazo la inclusión de las PDR al algoritmo de diagnóstico serológico nacional recomendado por el INS, ofreciendo a los pacientes ubicados en zonas y situaciones de vulnerabilidad mayor probabilidad de acceso al diagnóstico.

Palabras clave: accesibilidad a los servicios de salud, enfermedad de Chagas, Prueba de Diagnóstico Rápido (PDR)

Sistema automático basado en Deep Learning para segmentación de nidos de amastigotes de *T. cruzi* en imágenes histológicas

Nidiyare Hevia-Montiel¹, Blanca Vazquez¹, Jorge Perez-Gonzalez¹, Leonardo Guillermo-Cordero², Paulina Haro³

¹Unidad Académica del Instituto de Investigaciones en Matemáticas Aplicadas y en Sistemas (IIMAS) en el Estado de Yucatán, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Yucatán, México

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

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

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

La inteligencia artificial ha mostrado avances significativos en el área de imágenes médicas, en particular los métodos de aprendizaje profundo basados en redes neuronales convolucionales para clasificación, detección y/o segmentación. La propuesta abordada en este trabajo de investigación

es el desarrollo de un sistema prototipo de segmentación automática de nidos de amastigotes en el estudio de la infección por *Trypanosoma cruzi*, a partir de microfotografías histológicas a 40x, con tinción de hematoxilina y eosina, de músculo cardíaco. Para la segmentación de los nidos de amastigotes se entrenó una arquitectura U-Net con imágenes histológicas adquiridas de un modelo murino en etapa aguda realizando una validación cruzada de 5 vías, mientras que las pruebas finales fueron con tres grupos de imágenes de diferentes modelos experimentales y no utilizadas durante el entrenamiento por la U-Net, obteniendo resultados con una precisión promedio de $98,19 \pm 0,01$ durante el entrenamiento y en el caso de las pruebas finales precisiones promedio de $99,9 \pm 0,1$ para el grupo control, así como $98,8 \pm 0,9$ y $99,1 \pm 0,8$ para el caso de dos grupos infectados, observándose una alta sensibilidad y especificidad en los resultados. El interés del trabajo es presentar el sistema prototipo como una plataforma web en línea para uso de la comunidad científica interesada en el tema, dado que esta herramienta computacional muestra ser relevante en el apoyo del diagnóstico y análisis de imágenes histológicas para el estudio de la enfermedad de Chagas.

Financiación: PAPIIT-UNAM IT101422.

Palabras clave: amastigotes, deep learning, histopatología, segmentación automática, *Trypanosoma cruzi*



PREVENCIÓN Y CONTROL

IX Reunión Colombiana
LEISHMANIASIS
y enfermedad de **CHAGAS**

XIX SIMPOSIO
PECET Asociación en la Investigación de Enfermedades Tropicales



Caracterización de la red diagnóstica de leishmaniasis a nivel nacional año 2023

Martha Stella Ayala, Liliana Jazmín Cortés, Maryi Lorena Segura, Yanira Andrea Romero

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

*Presentador: mayalas@ins.gov.co

La leishmaniasis es un evento de salud pública significativo en el país, y la Red Nacional de Laboratorios (RNL) juega un papel crucial en su prevención, control y posible eliminación. Durante la semana 52 del 2022, se reportaron 5649 casos de Leishmaniasis Cutánea (LC), 93 casos de Leishmaniasis Mucosa (LM) y 13 casos de Leishmaniasis Visceral (LV). El INS ha implementado actividades para mejorar la calidad del diagnóstico de las tres formas clínicas de leishmaniasis. Estas incluyen capacitaciones, evaluaciones de desempeño, supervisiones y actividades de referencia y contrarreferencia. La RNL opera bajo los lineamientos establecidos en el Decreto 2774 de 2012, el Decreto 780 de 2016 y la Resolución 1646 del 2018, que organizan y definen las obligaciones para los eventos de mayor demanda, priorización e impacto en el territorio nacional. Las Evaluaciones Externas del Desempeño en las que participan los Laboratorios de Salud Pública, con impacto directo sobre el diagnóstico de LC, 2023, tuvieron un índice kappa promedio de 0.45 (concordancia moderada) para la evaluación directa (EEDD) con 32 laboratorios participantes, y de 0.94 (buena concordancia) para la evaluación indirecta (EEID) con 15 participantes. En 2023, los datos recolectados por los entes territoriales revelaron que 373 municipios se caracterizaron. Además, 6 departamentos tienen entre el 90 - 100% de sus municipios caracterizados, mientras que 21 departamentos están parcialmente caracterizados y 4 no reportan información. En cuanto a la capacidad diagnóstica, hay 1331 laboratorios que pueden diagnosticar LC, 618 laboratorios con EEDD y 242 laboratorios con EEID. También se cuenta con 87 laboratorios con capacidad diagnóstica para LV y 8 para LM. Solo 4 a nivel nacional cuentan y utilizan Pruebas de Diagnóstico Rápido (PDR). Se han capacitado 760 personas, se han realizado 420 actividades de supervisión y 153 personas se han recapitado. Además de ciertas limitaciones, la información indica una evaluación favorable de la RNL. Es crucial seguir recopilando datos para mejorar la precisión del estado de la red y comprometer a los actores. Esto permitirá un esfuerzo conjunto para aumentar la calidad de los datos y mejorar las acciones de control y prevención de la leishmaniasis.

Palabras clave: capacitación, diagnóstico, leishmaniasis, red, supervisión

Dinámica de los casos en eventos de importancia en salud pública. Leishmaniasis visceral

Martha Stella Ayala¹, Liliana Jazmín Cortés¹, Maryi Lorena Segura¹, Yanira Andrea Romero¹,
Grupo de Parasitología LSP Córdoba²

¹Grupo de Parasitología, Laboratorio Nacional de Referencia, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá-Colombia

²Grupo de Parasitología, Laboratorio de Salud Pública de Córdoba, Secretaría de Salud

*Presentador: mayalas@ins.gov.co

La leishmaniasis es una enfermedad endémica. Se manifiesta en tres formas clínicas: cutánea, mucosa y visceral. Causada por parásitos protozoarios del género *Leishmania*, pertenecientes a la familia Trypanosomatidae. A nivel mundial, se han identificado al menos 20 especies responsables de las diversas manifestaciones clínicas. En Colombia, año 2022, se registraron 13 casos de Leishmaniasis Visceral, todos en menores. La definición de caso de LV ha evolucionado. Actualmente, se considera un caso probable aquel paciente, procedente o no de área endémica, que cumple con tres criterios: fiebre persistente, esplenomegalia y/o hepatomegalia, y al menos una citopenia. Un caso confirmado es aquel con prueba de antígeno rK39 positiva o confirmación parasitológica a partir de aspirado de Médula Ósea (MO) o bazo, o prueba de inmunofluorescencia indirecta (IFI) reactiva. Los cambios reflejan una ampliación en las características epidemiológicas de los pacientes. A continuación, se presentan 2 casos clínicos de los años 2022 y 2024 respectivamente: 1. Paciente de 92 años, masculino, procedente de San Bernardo del Viento, Córdoba. Al examen físico se le determinó bajo peso, presentando fiebre intermitente de dos semanas y pancitopenia. Una biopsia de médula ósea evidenció actividad hemofagocítica con amastigotes intracelulares. Recibió tratamiento con anfotericina B liposomal, mostrando buena tolerancia. Se ordenaron controles diarios de laboratorio, ionograma y función renal. 2. Paciente de 28 años, masculino, procedente de El Carmen de Bolívar, Bolívar. Presentaba fiebre prolongada, hepatoesplenomegalia, citopenias y deterioro clínico. Fue diagnosticado previamente con tuberculosis (TBC) por biología molecular, sin mejora, y serología previa para VIH positiva sin confirmación ni tratamiento. El análisis del mielograma reveló estructuras compatibles con amastigotes de *Leishmania*. Recibió tratamiento con anfotericina B liposomal, con buena tolerancia. A ambos pacientes se les realizaron Pruebas de Diagnóstico Rápido con resultado positivo, posteriormente confirmados por IFI con títulos mayores a 1:32, además del control de calidad a la lectura de los extendidos de MO. Es esencial adaptar a la comunidad médica a los cambios epidemiológicos y dinámicos en salud pública, que se ven afectados por la globalización de la sociedad moderna.

Palabras clave: epidemiología, diagnóstico, Leishmaniasis, tratamiento

Desafíos en el acceso a servicios de salud: Impacto en la enfermedad de Chagas

Mario J Olivera¹, Julián Felipe Porras-Villamil^{1,2}

¹Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud de Colombia, Bogotá-Colombia

²Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de La Salle, Bogotá-Colombia

*Presentador: molivera@ins.gov.co

La enfermedad de Chagas impone una carga económica significativa en Latinoamérica, impactando física y psicológicamente a millones de personas directa e indirectamente, principalmente en regiones con sistemas de salud menos fortalecidos, lo que dificulta el acceso a los servicios de salud, lo cual es fundamental para detectar y tratar la enfermedad de Chagas en sus etapas tempranas. Esta detección temprana permite iniciar el tratamiento de manera oportuna y adecuada, lo que puede prevenir la progresión de la enfermedad y reducir el riesgo de complicaciones graves. Adicionalmente, el acceso oportuno a los servicios de salud también es crucial para proporcionar atención médica continua a pacientes con enfermedad de Chagas crónica, gestionando y controlando los síntomas para mejorar su calidad de vida. Por este motivo, se llevó a cabo un estudio ecológico longitudinal

en Colombia durante el período 2010-2024, a nivel municipal, con el objetivo de medir el grado de acceso a los servicios de salud. Se utilizó el modelo conceptual de Aday y Andersen, junto con indicadores que representan diferentes dimensiones del acceso, tanto potencial como real, a nivel municipal. Durante el período estudiado, se registraron un total de 9603 casos de enfermedad de Chagas, con una notable prevalencia del 57% en mujeres. Un hallazgo relevante fue la relación observada entre la notificación de casos y el acceso a los servicios de salud: a medida que aumentaba la tasa de notificación, disminuía el acceso potencial a dichos servicios. Al comparar municipios endémicos para la transmisión vectorial de la enfermedad, se reveló un patrón preocupante: aquellos ubicados en el quintil más bajo de acceso, mostraron un riesgo significativamente mayor de notificación, con un 2.2 veces mayor riesgo para hombres y 3.1 veces mayor riesgo para mujeres en comparación con los municipios con un acceso intermedio. Asimismo, los municipios con el acceso más bajo enfrentaron un riesgo 29.4 veces mayor de padecer la enfermedad en comparación con los municipios con acceso más alto. Estos resultados subrayan la importancia crítica del acceso equitativo a los servicios de salud para abordar eficazmente la enfermedad de Chagas y mitigar su impacto en las poblaciones vulnerables

Palabras clave: acceso, enfermedad de Chagas, riesgo, servicios de salud, *Trypanosoma cruzi*

Fidelidad en la implementación del manejo de pacientes con dengue en centros de salud públicos, Honduras: métodos mixtos

Cinthy Karina Mejía-Escobar¹, Guillermo L. Rúa-Uribe², Dione Benjumea-Bedoya¹

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

²Grupo Entomología Médica. Facultad de Medicina. Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

*Presentador: dione.benjumea@udea.edu.co

Este estudio evaluó la fidelidad en la implementación de la Estrategia Regional de Manejo Integrado para la prevención y control del dengue en las Américas, particularmente diagnóstico, clasificación y manejo de la enfermedad, en la Región Metropolitana de Salud, Distrito Central de Honduras. Estudio de métodos mixtos (QUAN+qual), diseño paralelo convergente, empleando el marco conceptual para la fidelidad de la implementación (Carroll, 2007). Para el enfoque cuantitativo, se utilizaron lista de verificación de historias clínicas (n = 403; 8 centros de salud) y encuesta al personal médico (n = 60) sobre la fidelidad en el diagnóstico, clasificación y manejo del dengue. Se definió alta adherencia $\geq 80\%$ de criterios cumplidos. Se realizaron entrevistas semiestructuradas basadas en el marco CFIR abordando factores moderadores que influyen en la fidelidad a la guía. Se entrevistaron un médico de cada centro y dos miembros del personal administrativo. Se realizó la triangulación para determinar la convergencia entre enfoques. Según las historias clínicas la adherencia a las recomendaciones para el diagnóstico del dengue fue 12,6%, a la clasificación de la gravedad 92,4%, y al manejo clínico 83,8%. Estos valores difirieron de los encontrados en las encuestas (50%, 33,3% y 28,6%, respectivamente). Los factores moderadores identificados incluyeron, con relación a la complejidad de la intervención, que la guía es sencilla, pero existen dificultades en el tratamiento. Como estrategias facilitadoras, se necesita formación del personal médico. En cuanto a la calidad de la prestación, el exceso de papeleo afecta la calidad de la atención al paciente; el tratamiento sintomático, los signos de alarma y la monitorización diaria se perciben como fáciles de manejar para el dengue; y los recursos son limitados para la distribución

de la guía. En la respuesta de los participantes se reconoce el impacto que genera la educación a los pacientes con dengue. En cuanto a la adaptabilidad, se requiere capacitación para todo el personal utilizando recursos tecnológicos. La triangulación mostró convergencia. Este estudio reveló niveles variables de adherencia a la guía de manejo clínico de pacientes con dengue por parte del personal médico y administrativo. La guía es sencilla, pero hay dificultades en el tratamiento.

Financiación: TDR, the Special Programme for Research and Training in Tropical Diseases, hosted at WHO (TDR grant number B40323).

Palabras clave: dengue, fidelidad, investigación de la implementación, manejo clínico

Fidelidad en la implementación del tratamiento preventivo de tuberculosis para personas que viven con VIH, Paraguay

Derlis Duarte-Zoilan, María Patricia Arbeláez-Montoya, Dione Benjumea-Bedoya

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

*Presentador: dione.benjumea@udea.edu.co

La OMS recomienda que adultos y adolescentes que viven con VIH (PVVIH) reciban tratamiento preventivo contra tuberculosis (TB) (TPT) como parte de un paquete integral de atención del VIH, pero la meta de PVVIH que reciben y completan el TPT no se ha logrado. El objetivo fue evaluar el grado de fidelidad de la implementación y cómo influyen posibles moderadores en el TPT en PVVIH adultas en dos centros de referencia del Departamento Central, Paraguay, 2023. Estudio de métodos mixtos, paralelo convergente, guiado por el marco conceptual para la fidelidad de la implementación (CFIF) (Carroll, 2007). Se desarrolló un componente cuantitativo con cuestionarios autoinformados (virtuales) (11 médicos). La adherencia se consideró 0-50% baja, 51-79% moderada y 80-100% alta. Para el componente cualitativo, se realizó entrevista semiestructurada a dos médicos y cuatro funcionarios del programa, explorando los moderadores del CFIF: complejidad de la intervención, estrategias de facilitación y calidad de la prestación. Se exploró la capacidad de respuesta del participante con cuatro pacientes. Se realizó análisis de contenido a las entrevistas. Se hizo triangulación del diario de campo, análisis de la adherencia y posibles moderadores. La adherencia al TPT fue del 50% (detalle del contenido 64,2%, frecuencia 31,3%). Según componentes: diagnóstico 52,1%, sensibilización 30%, manejo clínico 55,1%. Como factores moderadores emergieron, como barreras, deficiente coordinación en las actividades de TB/VIH, falta de un sistema integrado de información, deficiencia en el monitoreo de los niveles descentralizados de atención, falta de información y documentación clara y explícita en el manejo de la TPT, y desconocimiento y falta de educación sobre TPT a los pacientes. Se identificaron como facilitadores visualización de los componentes clave para la implementación, predisposición de los programas del nivel central en la provisión de capacitación en general, interés por parte de los usuarios. En conclusión, el nivel de fidelidad en la implementación de la TPT en PVVIH fue bajo, los componentes esenciales en el manejo de la TB/VIH, como la prescripción de TPT en contactos con TB pulmonar, y la consejería en TB para PVVIH, no fueron considerados importantes por algunos médicos.

Financiación: TDR, the Special Programme for Research and Training in Tropical Diseases,

hosted at WHO (TDR grant number B40323).

Palabras clave: ciencias de la implementación, coinfección, infección por VIH, tuberculosis

Fidelidad de la implementación de la vacunación antirrábica de perros y gatos en 2021, Cochabamba, Estado Plurinacional de Bolivia

Andrés Rodrigo Gómez-Vidal¹, Héctor Vélez-Santamaría², Nathalia M. Correa-Valencia³, Carlos Rojas-Arbeláez¹

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

²Grupo de Estudio en Pedagogía, Infancia y Desarrollo Humano (GEPIDH), Facultad de Educación, Universidad de Antioquia

³Centauro, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia

*Presentador: carlos.rojas@udea.edu.co

El virus de la rabia sigue siendo una grave amenaza para la salud pública a nivel mundial, afectando principalmente a las poblaciones vulnerables en las zonas rurales. A pesar de los esfuerzos de vacunación, algunos países como Bolivia siguen luchando contra esta enfermedad, con brotes confirmados en perros y casos fatales en seres humanos. Este estudio tuvo como objetivo evaluar la fidelidad de la implementación de la vacunación antirrábica de perros y gatos en la zona sur del municipio de Cercado, Cochabamba, Bolivia, durante el año 2021. Se utilizó un diseño observacional, combinando métodos cuantitativos y cualitativos, mediante un diseño paralelo y no convergente, fundamentado en el marco conceptual de fidelidad de la implementación de Carrol. Se aplicó una lista de chequeo para el componente cuantitativo y se realizaron entrevistas semiestructuradas para el componente cualitativo. Los resultados mostraron una baja adherencia al contenido de la intervención, siendo esta menor del 80% en todos los establecimientos de salud participantes. El 70,6% (12/17) de los establecimientos tuvieron una adecuada cobertura; el 82,4% (14/17) tuvieron una adecuada frecuencia en la administración de la vacunación y 64,7% (11/17) presentaron una adecuada duración. Los valores asociados a la intervención, la naturaleza compleja de la intervención, impacto de la intervención y las estrategias de comunicación, correspondieron a las cuatro categorías emergentes identificadas como barreras y facilitadores asociados con la fidelidad en la implementación de la vacunación en la población de estudio. La campaña de vacunación se ha visto obstaculizada por la carencia de infraestructura, los desafíos socioeconómicos y político-institucionales, así como por deficiencias en el control social y las estrategias de comunicación. Sin embargo, tanto los funcionarios de salud como los propietarios reconocen la seriedad del problema de la rabia como una cuestión de salud pública y la urgencia de implementar un control efectivo. Este estudio resalta la necesidad de mejorar la planificación, la ejecución y el seguimiento de las campañas de vacunación antirrábica, con el fin de lograr una mayor fidelidad en la implementación y, en última instancia, reducir la carga de la rabia en las poblaciones vulnerables.

Financiación: The Special Programme for Research and Training in Tropical Diseases (TDR), hosted at WHO (TDR grant number B40323).

Palabras clave: investigación de la implementación, rabia, salud pública, vacunación de perros y gatos

Factores que influyen en la fidelidad de la implementación de un programa de eliminación de sitios de cría de *Aedes aegypti* para el control de dengue en Tapachula México

Miguel Mazariiego-Longoria¹, Guillermo Rúa-Uribe², Héctor Vélez-Santamaría³, Ariane Dor⁴, Abel Jiménez-Alejo⁴, Carlos Rojas-Arbeláez¹

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

²Grupo de Entomología Médica, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia

³Grupo de Estudios en Pedagogía, Infancia y Desarrollo Humano (GEPIDH), Universidad de Antioquia

⁴El Colegio de la Frontera Sur, Tapachula-México

*Presentador: guillermo.rua@udea.edu.co

El dengue es el arbovirus más relevante a nivel mundial y un grave problema de salud pública en México, especialmente en el sureste. Para combatirlo, se implementó la intervención Entornos y Comunidades Saludables (EyCS) para mejorar el conocimiento y las prácticas comunitarias sobre el dengue. Este estudio buscó identificar los factores que afectan la fidelidad de la implementación de EyCS en la comunidad de Río Florido, enfocándose en la eliminación de sitios de cría del vector *Aedes aegypti*. Se realizó un estudio observacional con enfoque cualitativo y cuantitativo, fundamentado en el marco conceptual de fidelidad de la implementación de Carrol. Se realizaron entrevistas semiestructuradas para detectar barreras y facilitadores y se aplicó una lista de chequeo para evaluar la fidelidad. Los resultados mostraron una alta fidelidad (>90%) entre el personal de salud. Las principales barreras fueron la falta de recursos, el apoyo comunitario limitado y una logística inadecuada, mientras que los facilitadores incluyeron el uso adecuado de medios de difusión y el compromiso del personal de salud. Los factores contextuales clave incluían la complejidad de la intervención, limitaciones económicas, falta de respaldo comunitario y disponibilidad de recursos y logística. La variabilidad en la fidelidad de la implementación refleja la influencia de estos factores. Es crucial superar las barreras y fortalecer los facilitadores para una implementación exitosa de EyCS. La participación comunitaria y el control vectorial son esenciales para prevenir el dengue y promover un entorno saludable. Surge necesario abordar las limitaciones y fortalecer la colaboración entre el personal de salud y la comunidad. La implementación efectiva de EyCS es clave para un impacto duradero en la prevención del dengue. Este estudio, uno de los primeros en investigación de implementación en México, destaca la importancia de este enfoque en salud pública y abre nuevas oportunidades para mejorar el control del dengue y la salud pública en México e internacionalmente.

Financiación: The Special Programme for Research and Training in Tropical Diseases (TDR), hosted at WHO (TDR grant number B40323).

Palabras clave: barreras y facilitadores, control vectorial, fidelidad, investigación de la implementación, participación comunitaria

Barreras y facilitadores para la implementación de los colaboradores voluntarios para diagnóstico de malaria en Los Chiles, Costa Rica

Viviana Rivera-Solano¹, Colombia Hernández-Enriquez², Alberto Tobón-Castaño^{3,4}, Isaac Vargas-Roldán⁵, Gabriela Rey-Vega⁶, Lina Zuluaga-Idárraga^{1,3}

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

²Grupo GEPIDH, Facultad de Educación, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³Grupo Malaria, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁴Instituto de Investigaciones Médicas, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁵Ministerio de Salud de Costa Rica

⁶Organización Panamericana de la Salud, Costa Rica

*Presentador: lina.zuluaga@udea.edu.co

El distrito de Los Chiles constituye el principal foco de transmisión de malaria en Costa Rica, el tiempo desde el inicio de los síntomas hasta el diagnóstico de malaria no es adecuado. La aplicación de pruebas de diagnóstico rápido (PDR) por colaboradores voluntarios (ColVols) ha sido una estrategia implementada para mejorar la oportunidad del diagnóstico de malaria. Este estudio tuvo como objetivo identificar los determinantes de la aceptabilidad, factibilidad e idoneidad de la implementación de ColVols en el marco de un piloto conducido por el Ministerio de Salud de Costa Rica en Los Chiles, 2022. Se llevó a cabo un estudio de métodos mixtos convergente paralelo con los siguientes actores identificados mediante bola de nieve: 1) tomadores de decisiones (n=6) (nivel nacional, regional y local) 2) Proveedores de servicios de salud (n=22); 3) ColVols (n=6) and 4) habitantes de tres comunidades de Los Chiles (Coquital, Medio Queso and San Gerardo) (n=46). Se adaptó un cuestionario validado para evaluar desenlaces de implementación y se aplicaron entrevistas semiestructuradas para la identificación de barreras y facilitadores basado en el marco consolidado para la investigación de la implementación. Se encontró una mediana global alta de aceptabilidad, (5.0, RIQ 4.4 – 5.0); factibilidad, (5.0, RIQ 4.0 – 5.0), e idoneidad (5.0, RIQ 4.0 – 5.0) para la aplicación de PDR por ColVols entre los tomadores de decisiones y prestadores de servicios de salud. Entre los habitantes de la comunidad 59% estuvo de acuerdo con la estrategia. Las principales barreras identificadas fueron agrupadas en los dominios del contexto interno (disponibilidad de recursos, compatibilidad, incentivos y recompensas organizacionales y compromiso de liderazgo) y características de los individuos (conocimientos y creencias). En conclusión, la alta percepción de los funcionarios de salud sobre la aceptabilidad, factibilidad e idoneidad de los ColVols para el diagnóstico de malaria, predice un escenario favorable para la adopción de la estrategia en Los Chiles. La aceptabilidad a nivel comunitario debe abordarse con mayor detalle mediante una investigación cualitativa. Se requiere identificar y evaluar estrategias de implementación para abordar las barreras encontradas y garantizar la sostenibilidad de la aplicación de PDR por los ColVols en Costa Rica.

Financiación: the Special Programme for Research and Training in Tropical Diseases, hosted at WHO (TDR grant number B40323).

Palabras clave: barreras y facilitadores, colaborador voluntario, investigación de la implementación, malaria, diagnóstico

Evaluación de la aceptabilidad, idoneidad y factibilidad para la administración masiva de ivermectina para el control de la escabiosis, en Leticia, Colombia

Rodchild Douby Champagne¹, Julián Trujillo Trujillo², Gloria Inés Sanchez^{1,3}

¹Facultad Nacional de Salud Pública y ³Facultad de Medicina. Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

²Ministerio de Salud y Protección Social, Bogotá, Colombia

*Presentador: gloria.sanchez@udea.edu.co

Se evaluó la aceptabilidad, idoneidad y factibilidad para la administración masiva de ivermectina para el control de la escabiosis, en Leticia, Colombia Metodología. Se llevo a cabo un estudio descriptivo transversal midiendo cuantitativamente los desenlaces de ciencia de la implementación aceptabilidad, idoneidad y factibilidad que predicen la posibilidad temprana de adoptar las intervenciones Los 39 participantes responsables de implementar la administración masiva de ivermectina para el control de la escabiosis, en Leticia una mediana de 4,8 (RIC: 4,5-5,0) para la aceptabilidad, y el 64,8%” estuvo totalmente de acuerdo con la administración masiva de ivermectina (AMM). La idoneidad tuvo una mediana de 4,8 RIC (4,5-5,0) y el 58,95% de los participantes estuvo totalmente de acuerdo con esta intervención. La factibilidad tuvo una mediana de 4,8 RIC (4,5-5,0), y el 65,4 % de los participantes estuvieron totalmente de acuerdo con la administración masiva de ivermectina.

Conclusión: La administración masiva de ivermectina para el control de la escabiosis se considera aceptable, idónea y factible entre los encuestados del estudio en Leticia.

Financiación: TDR, Programa Especial de Investigación y Capacitación en Enfermedades Tropicales, de la OMS.

Palabras clave: aceptabilidad, administración masiva de medicamento (AMM), Escabiosis, factibilidad, idoneidad, Ivermectina

Evaluación de la preparación organizacional para la adopción de quimioterapia preventiva antihelmíntica en Sincelejo, Colombia

Loveline Champagne Dirace¹, Julián Trujillo Trujillo², Gloria Ines Sanchez^{1,3}

¹Facultad Nacional de Salud Pública y ³Facultad de Medicina. Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

²Ministerio de Salud y Protección Social, Bogotá, Colombia

*Presentador: gloria.sanchez@udea.edu.co

Fallas en la implementación de intervenciones pueden ocurrir cuando los líderes de la organización no preparan suficientemente a los miembros de la organización para su adopción. La preparación organizacional para el cambio es una teoría de ciencia de la implementación que se refiere a un estado psicológico positivo dentro de una organización, donde sus miembros sienten compromiso, están motivados y dispuestos y confían en sus habilidades colectivas para implementar cambios (intervenciones) de manera efectiva. La OMS recomienda la quimioterapia preventiva antihelmíntica

(QPA) a través de la Administración Masiva de Medicamentos (AMM) en las regiones donde la prevalencia de geohelmintiasis es mayor o igual al 20%. Este estudio evaluó el nivel de la preparación organizacional para el cambio (adoptar la QPA) de las organizaciones de Sincelejo, una de las pocas ciudades del Cinturón Árido Peri-caribeño, que no ha adoptado esta intervención a pesar de que se localiza en una región que presenta una prevalencia de geohelminthos del 56%. Se llevo a cabo un estudio descriptivo, transversal y cuantitativo con 28 tomadores de decisiones y proveedores de salud encargados de implementar y llevar a cabo la intervención (tomadores de decisiones y rabajadores comunitarios). Se utilizó un cuestionario basado en el marco de la Preparación Organizacional para el Cambio y el Marco de Implementación de Resultados (OIF). Tanto la intención de adoptar (mediana: 4,5) como la preparación organizacional (mediana: 4,2) para implementar la QPA fueron moderadamente altas. Los puntajes más altos estuvieron en el compromiso (mediana: 5,0) y la eficacia (mediana: 4,9) para el cambio, pero la capacidad organizacional para lograr el cambio fue baja (mediana: 3,9). Los trabajadores de salud comunitarios y los de las instituciones prestadoras de servicios encargados directamente de llevar a cabo la QPA tuvieron las intenciones de adopción más bajas. A pesar de que existe una percepción favorable sobre la preparación organizacional para la QPA, es necesario entender cuales son los factores que explican la baja capacidad percibida por las organizaciones de Sincelejo para implementar la QPA. Se recomiendan estrategias motivacionales y educativas para impulsar la implementación de la QPA en Sincelejo.

Financiación: TDR, Programa Especial de Investigación y Capacitación en Enfermedades Tropicales, de la OMS.

Palabras clave: administración masiva de medicamentos, adopción, geohelmintiasis preparación organizacional, quimioterapia antihelmíntica preventiva



TRATAMIENTO

IX Reunión Colombiana
LEISHMANIASIS
y enfermedad de **CHAGAS**

XIX SIMPOSIO
PECET
Asociación en la
investigación de
enfermedades
tropicales



Actividad del compuesto sintético BZ-97 sobre *Trypanosoma cruzi*

Milixza M Botacio^{1,2}, Maria F. Alves-Rosa^{1,*}, Michele Ng¹, Lorena M. Coronado¹, Jafeth Carrasco¹,
Doriana Dorta¹, Nerea Escala³, Esther del Olmo³, Ricardo Correa^{1,†}, Carmenza Spadafora¹

¹Center of Cellular and Molecular Biology of Diseases, Instituto de Investigaciones Científicas y Servicios de Alta Tecnología (INDICASAT AIP), City of Knowledge, Clayton, Apartado 0816-02852, Panama City, Panama

²Programa de Maestría en Microbiología Ambiental, Universidad de Panamá, Panama City, Rep. of Panama

³Departamento de Ciencias Farmacéuticas: Química Farmacéutica, Facultad de Farmacia, Universidad de Salamanca, CIETUS, IBSAL, 37007, Salamanca, Spain

*Presentador: milixza05@gmail.com

La enfermedad de Chagas, tristemente conocida como "la más olvidada entre las enfermedades olvidadas", enfrenta una crisis de tratamiento con solo dos fármacos tóxicos de los años 60, efectivos solo en la fase aguda y inútiles en la crónica. La urgencia de descubrir nuevos compuestos es crítica. Entra BZ-97, un innovador derivado del benzimidazol, que ha mostrado una impresionante potencia (IC₅₀ = 0.76 μM) contra las etapas intracelulares del parásito *Trypanosoma cruzi*. En pruebas con epimastigotes de la cepa Y, BZ-97 reveló una perturbación drástica en la homeostasis del parásito: alcalinización de los acidocalcisomas, movilización de calcio, alteraciones morfológicas y signos de apoptosis sin producción de ROS, superando así al benznidazol. Estos efectos, visualizados mediante microscopía de fluorescencia y el uso de 5-[N-etil-N-isopropil] amilorida (EIPA), que inhibe la bomba TcNHE, destacan el papel crucial de esta bomba en la acción de BZ-97. BZ-97 emerge así como un candidato líder en la batalla contra *T. cruzi*, marcando un prometedor avance que merece una exploración exhaustiva.

Financiación: SENACYT, Programa de Maestría de Microbiología Ambiental, Universidad de Panamá

Palabras clave: anti tripanosomatido, acidocalcisoma, benzimidazol, mecanismo de muerte, *Trypanosoma cruzi*

Evaluación de la susceptibilidad de *Leishmania* (*Viannia*) a estresores oxidativos y su relación con la resistencia a Sb(V)

Cesar David Benavides-Fernandez^{1,2}, Andrea Sánchez Hidalgo¹, Olga Lucia Fernandez¹

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

²Universidad Icesi, Facultad de Ingeniería Diseño y Ciencias, Maestría en ciencia Biotecnología

*Presentador: cdbenavides@cideim.org.co

La resistencia de *Leishmania* a antimONIO pentavalente (SbV) es un desafío para controlar la leishmaniasis, y por lo que entender los mecanismos de resistencia es crucial para el desarrollo de nuevos tratamientos. En CIDEIM previas investigaciones identificaron resistencia a SbV en amastigotes intracelulares de *L. panamensis* y *L. braziliensis*. En *L. panamensis* la resistencia fue definida como resistencia natural debido a que fue asociada a la subpoblación de parásitos pertenecientes al zimodema 2.3, mientras que la sensibilidad estuvo asociada al zimodema 2.2. Considerando lo anterior, se estudió si la resistencia a antimONIO identificada en el estadio de

amastigote intracelular se manifiesta en el estadio de promastigote, y si esta mediada por la tolerancia a estresores oxidativos producidos en la célula hospedera como óxido nítrico (ON) y peróxido de hidrogeno (H₂O₂). Para este fin se evaluó la susceptibilidad a antimonio y a los estresores oxidativos en promastigotes en fase logarítmica y estacionaria de cepas *L. panamensis* del zimodema 2.2 (n = 10) y zimodema 2.3 (n = 10), y en cepas de *L. braziliensis* sensibles (n = 6) y resistentes (n = 4) a antimonio, y sensibles (n = 5) y resistentes (n = 5) a miltefosina (MIL). Nuestros resultados muestran que la resistencia a antimonio asociada a la subpoblación 2.3 de *L. panamensis* no se manifiesta en la forma de promastigotes, ya sea en la fase logarítmica o estacionaria de crecimiento. Tampoco se observó relación entre la susceptibilidad de los promastigotes a los diferentes estresores oxidativos y la resistencia a antimonio identificada en amastigotes intracelulares. En contraste, promastigotes de *L. braziliensis*, resistentes a antimonio en la forma de amastigotes intracelulares, mostraron mayor sobrevida ante la actividad microbicida del ON comparado con las cepas sensibles de esta especie. En conclusión, los resultados sugieren que la resistencia natural de *L. panamensis* a antimonio puede ser estadio específico, y/o derivada de la interacción parásito-macrófago. Por otro lado, la relación entre resistencia a antimonio en amastigotes intracelulares de *L. braziliensis* y la tolerancia al ON del estadio promastigotes, sugiere este como un potencial mecanismo de resistencia y diferencias en los mecanismos de resistencia a antimonio de acuerdo a la especie de *Leishmania*.

Financiación: Proyecto Fortalecimiento/Centros-Minciencias, Fogarty-NIH

Palabras clave: *Leishmania* (*Viannia*), estresores oxidativos, antimonio pentavalente, susceptibilidad, macrófago

Reporte de caso: Falla terapéutica de Anfotericina B en el tratamiento de leishmaniasis cutánea en un paciente de Valledupar

Yorelys Karina Pacheco^{1,2,4}, Johana Andrea Páez-Amaya^{1,2,3}, Maria Camila Ortega^{1,2,5}, Linda Stephania Cudris^{1,2,6}, Alina Patricia Rodriguez^{1,2,7}, Olga Hernández -Almanza^{1,2,4}, Carlos Praga-Lozano^{1,2,4,8}

¹Hospital Rosario Pumarejo de López

²Semillero internado médico Épsilon

³Universidad del Sinú, Cartagena, Colombia

⁴Fundación Universitaria del Área Andina

⁵Universidad de Santander, Valledupar, Colombia

⁶Universidad del Santander – Bucaramanga

⁷Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

⁸Centro de investigaciones e Innovación CIIS salud social, Barranquilla- Atlántico

*Presentador: ypacheco19@estudiantes.areandina.edu.co

Uno de los principales desafíos, además del aumento de casos de leishmaniasis es la escasez de medicamentos de primera línea, como las sales de antimonio pentavalente (Glucantime). Esto lleva al uso de Anfotericina B como segunda opción terapéutica, la cual no siempre resulta efectiva con una sola dosis. Este trabajo presenta el caso de un paciente adulto que acudió al Hospital Rosario Pumarejo de López con lesiones cutáneas características de leishmaniasis en miembros inferiores. Tras recibir tratamiento con Anfotericina B, el paciente sufrió una falla terapéutica, deterioro

visceral, y reactivación de las lesiones cutáneas, además de nuevas lesiones en el tabique nasal, lo que llevó a la sospecha de leishmaniasis mucocutánea. En este proyecto de investigación descriptiva e inductiva se analizaron casos clínicos con fallas en el tratamiento de la leishmaniasis, recopilando datos cualitativos que destacan que los tratamientos establecidos por las guías no tienen la eficacia esperada. Se incluyeron datos experimentales de revisiones científicas en instituciones de salud. Un hombre de 45 años presentó múltiples lesiones cutáneas ulcerosas en los miembros inferiores de larga data. El frotis directo confirmó la presencia de *Leishmania* sp. Al no disponer de Glucantime, se optó por Anfotericina B, administrada en 17 dosis con intervalos de 48 horas. Aunque el paciente mejoró inicialmente, fue dado de alta con insuficiencia renal AKI II. Cuatro meses después, reaparecieron las lesiones, con nuevas lesiones en el tabique nasal causando deformidad, se confirma la presencia de *Leishmania* sp y sobre infección de las lesiones por *S. aureus* MR. Se inició tratamiento con Glucantime. Después de 30 días, las lesiones cicatrizaron y el paciente fue dado de alta en buenas condiciones generales, pero con pancreatitis medicamentosa. Las sales de antimonio pentavalente son el tratamiento de primera elección para la leishmaniasis cutánea. Sin embargo, su eficacia depende de la especie de parásito y el estado inmunológico del paciente. La Anfotericina B liposomal, su uso está limitado por su nefrotoxicidad. Ambos medicamentos, no están suficientemente respaldados y su efectividad es baja, posiblemente debido a la diversidad de especies causantes y la distribución geográfica de la enfermedad.

Palabras clave: *Leishmania*, falla terapéutica, Glucantime, Anfotericina B, lesiones

Evaluación de actividad tripanocida (*Trypanosoma cruzi*) del extracto metanólico de hojas maduras de *Moringa oleifera* (moringa) Lam

Michelle Cornejo¹, Stanley Rodríguez¹, Kevin Siliézar¹, Marvin Núñez², Ulises Castillo², Jairo Marroquín³, Alexander Alvarado⁴, Oscar Meléndez⁵

¹Laboratorio de Biología Molecular, Centro de Investigación y Desarrollo en Salud, CENSALUD, Universidad de El Salvador, El Salvador

²Laboratorio de Investigación en Productos Naturales, Facultad de Química y Farmacia, Universidad de El Salvador, El Salvador

³Escuela de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Matemática, Universidad de El Salvador, El Salvador

⁴Basic Health International

⁵Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud, El Salvador

*Presentador: pampdc@hotmail.com

La “moringa” posee propiedades terapéuticas que se han comprobado mediante diversos estudios. Para este estudio se evaluó la actividad tripanocida contra epimastigotes de la cepa Brenner de *Trypanosoma cruzi* (*T. cruzi*, agente causal de la enfermedad de Chagas) de un extracto metanólico de hojas maduras de “moringa” en 2 concentraciones (10mg/mL y 1mg/mL), mediante una prueba *in vitro* (ensayo de viabilidad celular luminiscente, CellTiter-Glo®). El extracto mostró una actividad tripanocida similar al Benznidazol. En la concentración de 10mg/mL demostró el 27% de mortalidad de parásitos, mientras Benznidazol a la concentración de 10mM presentó 26% de mortalidad de parásitos. Además, mediante un estudio fitoquímico, se encontraron diversos metabolitos secundarios en el extracto, incluidos terpenoides, saponinas, antraquinonas, flavonoides y compuestos fenólicos. Aunque los resultados son prometedores, se sugiere realizar más estudios con otras cepas de parásitos y estudios complementarios para validar los resultados.

Palabras clave: Benznidazol, extracto metanólico, moringa, tripanocida

“TropD-Detector” sistema diseñado para tamizaje de *Trypanosoma cruzi* con CRISPR/LbCas12a en vectores y reservorios de Chagas

Luis A. Ortiz-Rodríguez¹, Rafael Cabanzo², Jeiczon Jaimes-Dueñez³, Stelia C. Mendez-Sanchez⁴, Jonny E Duque¹

¹Centro de Investigaciones en Enfermedades Tropicales - Cintrop. Escuela de Medicina, Departamento de Ciencias Básicas. Universidad Industrial de Santander, Parque Tecnológico y de Investigaciones Guatiguará, El Refugio Piedecuesta, Santander, Colombia.

²Laboratorio de Espectroscopía Atómica y Molecular (LEAM). Escuela de Física, Facultad de Ciencias, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

³Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia UCC, Bucaramanga, Colombia

⁴Grupo de Investigación en bioquímica y microbiología GIBIM. Escuela de Química, Facultad de Ciencias, Universidad Industrial de Santander

*Presentador: luisalejandroortiz87@gmail.com

La enfermedad de Chagas es una tripanosomiasis zoonótica de distribución mundial y ocasionada por el parásito *Trypanosoma cruzi*, el cual es transmitido principalmente por las heces de triatomíneos infectados. Debido al surgimiento de casos en zonas no endémicas, la determinación precoz del patógeno en vectores y reservorios es un eslabón importante para generar estrategias eficaces de control que permitan establecer políticas de prevención. El objetivo de este estudio fue diseñar un sistema de detección por corte de ADN específico y activación colateral utilizando CRISPR/LbCas12a en los genes Citocromo B (*Cytb*), Subunidad ribosomal 18s (*SR18s*) e histona (*H2A*) escalable a vectores de *T. cruzi*. De acuerdo con este propósito se realizó un análisis bioinformático de los genes de interés, se diseñaron guías de ARN (ARNg) para cada región de corte y cebadores para la amplificación del sitio objetivo por medio de PCR. Se secuenciaron los fragmentos target amplificados y se validó el sistema mediante la determinación de ADN de *T. cruzi* extraído de *Rhodnius pallescens* procedente un área de distribución urbana en la ciudad de Bucaramanga. Una vez estandarizado, el sistema CRISPR/Cas fue probado con la cepa de *T. cruzi* de laboratorio y escalado a muestras de sangre *Didelphis marsupialis* infectados con el parásito. Como resultado, se observó clivaje de la guía en el gen *Cytb* con sensibilidad de hasta 0.0475 ng/uL del ADN suministrado. En el gen *Cytb* no se observaron mutaciones en la secuenciación del sitio objetivo de la guía. En contraste, se encontraron mutaciones puntuales y deleciones en las regiones target de las ARN guías de los genes *SR18s* y *H2A*, que no permitió el corte con el sistema CRISPR/LbCas12a. Se diseñó un prototipo denominado “Tropical Diseases Detector” (TropD-Detector) el cual, registra la fluorescencia emitida por la activación colateral del reportero, excitado mediante radiación de 480 nm de longitud de onda emitida por un diodo LED y mediante una cámara de teléfono celular obtiene una imagen de la muestra fluorescente por el corte del reportero que evidencia la presencia o no del parásito. Se concluye que TropD-Detector es un sistema viable para la detección de *T. cruzi* en vectores y hospederos mamíferos del parásito.

Financiación: Sistema general de regalías, código BPIN 2021000100331

Palabras clave: Chagas, Diagnóstico, CRISPR, LbCas12a

Brecha terapéutica en enfermedad de Chagas ¿Cómo estamos en Colombia?

Rafael Antonio Herazo-Tapia¹, Ricardo Andrés Caicedo-Díaz¹, Mauricio Javier Vera-Soto², Andrea Marchiol¹

¹Programa de Acceso Chagas, DNDi Latinoamérica

²Subprograma Nacional de Chagas, Minsalud, Colombia

*Presentador: mvera@minsalud.gov.co

Tradicionalmente las intervenciones para la enfermedad de Chagas (EC) se enfocaron principalmente en la ecología del vector y en intervenciones de control vectorial, en este sentido se han logrado importantes avances en la caracterización y distribución de triatomíneos en el país y el plan de interrupción de la transmisión intradomiciliaria de *Trypanosoma cruzi* por *Rhodnius prolixus* ha certificado a la fecha 66/80 municipios. En contraste, los avances en atención de las personas son más recientes. La Ruta Integral de Atención para la EC (RIAS Chagas) y la Ruta Materno Perinatal (tamizaje Chagas) son iniciativas que se proyectan en el año 2016 y 2018 respectivamente, para mejorar el acceso a diagnóstico y tratamiento de la EC. Aunque existe evidencia del impacto positivo de estas intervenciones, aún persiste una brecha entre las personas diagnosticadas y las que inician tratamiento tripanocida. La brecha terapéutica (BT) la definimos como la diferencia absoluta entre el número de personas con infección por *T. cruzi* y el número de personas que reciben tratamiento tripanocida. A partir de fuentes de información del nivel nacional y departamental realizamos un análisis de la BT entre los años 2012-2022 y evidenciamos que desde el año 2016 la BT viene disminuyendo, pasando de 74% al 48%. Adicionalmente, se estimó que al año 2030 la BT disminuiría hasta un 13.7%. Por departamento, el cálculo de la BT sugiere que, en el periodo analizado, la reducción es heterogénea, con diferentes patrones por departamentos, ejemplo, con reducción sostenible de la BT (Boyacá), BT con estancamiento (Santander) y BT persistente (Cesar). Desde una perspectiva nacional, los resultados de reducción de la BT sugieren que la implementación de intervenciones centradas o relacionadas con la atención de las personas como el plan de interrupción de la transmisión por *Rhodnius prolixus*, la implementación de la RIAS Chagas y de la RIA materno perinatal, han impactado positivamente sobre el acceso a tratamiento en Colombia. El cálculo de la BT para Chagas constituye una herramienta de monitoreo que permitiría entender las dinámicas de acceso a tratamiento, localizar geográficamente puntos críticos y focalizar intervenciones para mejorar el acceso a la atención.

Palabras clave: brecha terapéutica, enfermedad de Chagas, tratamiento antiparasitario

Comportamiento biológico y sensibilidad a medicamentos en 2 cepas de *L. braziliensis* y *L. panamensis* de OMS y PECET

Paola Gonzalez-Mejía¹, Yulieth A. Upegui-Zapata^{1,2}, Sara M. Robledo¹

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

²Grupo de infección y salud en el trópico, Departamento de Salud Pública, Facultad de medicina, Universidad Nacional Bogotá-Colombia

*Presentador: pagonzalezme@gmail.com

La búsqueda de tratamientos para la leishmaniasis requiere modelos que estudien el comportamiento del parásito y cómo lo afectan diferentes condiciones externas, como tratamientos y moléculas probadas en cultivos *in vitro*. Sin embargo, estos enfoques a menudo ignoran si hay diferencias en sensibilidad a los medicamentos e infectividad entre especies. Esta heterogeneidad entre cepas y métodos dificulta obtener resultados comparables y concluyentes en los ensayos. En este estudio, se compararon dos cepas de *L. panamensis* (LS94 y UA140) y dos de *L. braziliensis* (M2903 y UA301), provenientes de centros de referencia mundial y nacional, respectivamente. Se determinó tasa de replicación, capacidad infectiva y susceptibilidad a medicamentos mediante microscopía óptica y recuento en cámara de Neubauer para la curva de crecimiento, y análisis en placa de células teñidas con Giemsa. La cepa M2903 de *L. braziliensis* entró en fase estacionaria temprana al día 6, las otras al día 7, con la mayor cantidad de parásitos al día 7. Ambas cepas de *L. braziliensis* mostraron mayor capacidad infectiva, necesitando menos promastigotes para infectar el 50% de las células. Su carga parasitaria fue menor (7 parásitos/célula), mientras que *L. panamensis* tuvo una carga mayor (12 parásitos/célula), sugiriendo una multiplicación mayor en LS94 que en UA140. Los ensayos de sensibilidad a medicamentos mostraron disminución en la carga parasitaria de ambas especies al tratamiento con glucantime, pentamidina y miltefosina. En conclusión, no hubo diferencias significativas en el comportamiento de crecimiento ni en la concentración infectiva media entre cepas de cada especie, indicando que pueden usarse en investigaciones con resultados comparables.

Palabras clave: comportamiento biológico, ensayos biológicos, *Leishmania panamensis*, *Leishmania braziliensis*

Desarrollo y validación interna de un modelo pronóstico para falla terapéutica al antimonio de meglumina en pacientes con leishmaniasis cutánea

Susana Ríos-Echavarría¹, Lina María Serna-Higuera², Liliana López-Carvajal^{1,3}

¹Grupo de Investigación Clínica PECET (GIC PECET), Sede de Investigación Universitaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

²Instituto de Epidemiología Clínica y Biometría. Universidad de Tübingen, Alemania

³Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales -PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

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

Colombia es un país endémico para leishmaniasis. Para el 2022 se reportó una incidencia acumulada de 18.6 casos por 100.000 habitantes; se estima que alrededor de 11 millones de personas se encuentran en riesgo de padecerla. La presentación clínica más común de la enfermedad es la leishmaniasis cutánea (LC). A pesar de su documentada toxicidad, el Antimonio de Meglumina (AM) continúa siendo el tratamiento más utilizado para su manejo, y la creciente resistencia del parásito al medicamento ha hecho que su eficacia haya disminuido. En América Latina, la falla terapéutica (FT) al AM en el contexto de LC ha sido estimada en un 23.4%, y se ha asociado a factores como: tamaño de la lesión, tiempo de evolución, número de lesiones, especie de *Leishmania*, zona geográfica de exposición, adherencia al régimen, presencia de linfadenopatías, antecedente de tratamiento previo, peso del paciente y edad. Teniendo en cuenta el contexto social de la LC en Colombia y que el AM sigue siendo su primera opción terapéutica a pesar de las

recomendaciones actuales y de los efectos negativos, como la FT, se considera oportuno crear un modelo de predicción clínica que pueda predecir el riesgo de FT al AM, que, entre otras bondades, sea fácil de aplicar en cualquier nivel de atención en salud y que ayude a individualizar la atención del paciente con LC. Así podría evitarse la exposición innecesaria al AM sistémico y asegurar otras opciones terapéuticas disponibles. Para ello se analizará una cohorte retrospectiva de pacientes con LC que recibieron AM sistémico en el PECET entre los años 2007 y 2024. Se utilizarán variables predictoras candidatas elegidas a partir de la literatura científica y la práctica clínica para la creación de un modelo final a partir de regresión logística. Este se evaluará en términos de discriminación, calibración y se realizará su validación interna.

Palabras clave: antimoniales pentavalentes, antimoniato de meglumina, falla terapéutica, glucantime sistémico, leishmaniasis cutánea

Evaluación de cruzioseptinas modificadas contra epimastigotes de *Trypanosoma cruzi*

Mateo Quintero Tabares, Paula Andrea Barrero-Patiño, Natalia Andrea Clavijo, Jose David Jaramillo¹, Sara Manuela Cortés¹, Laura Camila Rios¹, Juan Felipe Osorio-Méndez

¹Corporación Universitaria Empresarial Alexander von Humboldt, Programa de Medicina, Semillero de parasitología, Armenia, Colombia

*Presentador: mquintero925@cue.edu.co

La enfermedad de Chagas, causada por *Trypanosoma cruzi*, es una dolencia que requiere urgentemente el desarrollo de nuevos agentes terapéuticos. Los péptidos antimicrobianos (AMPs) son péptidos que hacen parte del mecanismo de defensa de diversos organismos. Las cruzioseptinas son una familia de AMPs identificados en la rana *Cruziohyla calcarifer*. Se caracterizan por tener longitudes entre 20 a 32 residuos, ser catiónicos y anfipáticos. Previamente se identificó a la CZS-5 como una cruzioseptina activa contra diferentes estadios del parásito. La CZS-5 tiene la mayor longitud de la familia (32aa), por lo que en este trabajo se busca obtener versiones truncadas que mantengan la actividad de la CZS-5. Se sintetizaron químicamente 5 péptidos modificados de la CZS-5. La CZS-5 C(-) el cual difiere de la CZS-5 (GFLDVIKHVGVKAVGKAALNAVNDMVNKPEQQS) por la eliminación de 5 aa en el extremo C-terminal. Los cuatro péptidos restantes se sintetizaron eliminando secuencialmente residuos del extremo N-terminal. Se evaluó la actividad de los distintos péptidos en epimastigotes por medio de la dilución seriada en microplaca comenzando en una concentración de 100 μ M en diferentes tiempos (4, 8 y 16 hrs) y se midió el efecto sobre la viabilidad usando resazurina. A las 16 h de incubación con los péptidos, se encontró que solo la CZS-5 C(-) conservó la actividad previamente observada para la CZS-5 (IC₅₀= 8,12 μ M). Los péptidos restantes, solo la CZS-5 G(-)C(-) demostró actividad pero a concentraciones muy altas (IC₅₀=91,2 μ M). Con estos dos péptidos se probó la actividad a tiempos menores (4 y 8 horas), los cuales mantuvieron la actividad aunque a concentraciones más elevadas: CZS-5 C(-) (IC₅₀ 8h= 18,42 μ M, IC₅₀ 4h= 12,14 μ M) y CZS-5 G(-)C(-) (IC₅₀ 8h= 116,6 μ M, IC₅₀ 4h= 107,1 μ M). En conclusión, de los péptidos truncados el único que conservó la actividad de la CZS-5 fue la CZS-5 C(-). La eliminación de aminoácidos en el extremo amino terminal tiene un efecto considerable en su actividad. Es necesario determinar la citotoxicidad en células humanas de la CZS-5 C(-) y evaluar el mecanismo de acción.

Financiación: Corporación Universitaria Empresarial Alexander von Humboldt, Programa de Medicina, Semillero de parasitología, Armenia, Colombia.

Palabras clave: AMP, cruzioseptinas, citotoxicidad, tratamiento, *Trypanosoma cruzi*

Caracterización de propiedades biofísicas y morfométricas de *L. amazonensis*, *L. guyanensis* y *L. panamensis* con potencial diagnóstico diferencial

Diana Carolina Ochoa-Cabezas^{1,2}, Abelino Vargas-Jiménez^{1,3}, Yenny Yolanda Lozano-Jiménez¹

¹Escuela de Ciencias Básicas y Aplicadas, Universidad de la Salle, Bogotá-Colombia

²Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá-Colombia

³Laboratorio de Biofísica, Centro Internacional de Física, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia

*Presentador: diochoa@unisalle.edu.co

La leishmaniasis es una enfermedad causada por parásitos del género *Leishmania*, que afecta principalmente zonas tropicales y subtropicales del planeta. Esta afección se presenta frecuentemente en poblaciones vulnerables, siendo catalogada como una enfermedad emergente en el territorio colombiano. El diagnóstico especie-específico es a menudo complicado, y la existencia de tratamientos incompletos o con dosis subletales potencia la generación de parásitos quimio-resistentes. A pesar de la gran cantidad de estudios disponibles, no se han reportado caracterizaciones biofísicas que puedan contribuir al desarrollo de técnicas de diagnóstico diferencial entre especies y que evidencien, además, cambios en las propiedades físicas de los parásitos asociados a la quimio-resistencia; que al mismo tiempo mantengan la resolución de los métodos moleculares. Por ende, en este trabajo se caracterizaron algunas propiedades biomecánicas de *L. panamensis*, *L. guyanensis* y *L. amazonensis* mediante técnicas como la determinación de la densidad por establecimiento del punto isopícnico, en condiciones fisiológicas normales y bajo exposición a dosis subletales de Anfotericina B (AnfB). Adicionalmente, se evaluaron los tamaños de las tres especies mediante el uso de microscopía con el programa ImageJ. Como resultados del estudio se encontró que la especie *L. amazonensis* presenta una morfometría diferente, puesto que su flagelo y cuerpo son más largos que las otras dos especies estudiadas; no obstante, el ancho parece tener poca variación entre especies. La densidad como propiedad biofísica es una medida muy sensible ya que encontramos que para las especies evaluadas es diferente y cambia dependiendo del estadio del ciclo de vida, por lo que puede ser una medición que ayude a determinar etapas de la metacicloogénesis de forma específica, además presenta variaciones ante la exposición a AnfB. Estos resultados demuestran que propiedades biofísicas, como la densidad y el tamaño, pueden utilizarse para la identificación de especies. Esto contribuiría a un uso selectivo de fármacos a nivel terapéutico, dependiendo de la especie relacionada con la manifestación clínica del paciente.

Financiación: VRIT Universidad de la Salle, proyecto “No. DCBS212-196.

Palabras clave: identificación especie-específica, Leishmaniasis, propiedades biofísicas, quimio-resistencia

Evaluación de la seguridad de los antimoniales pentavalentes en el tratamiento de leishmaniasis en el ejército en Colombia

Esteban Soto¹, Liliana López², Julie Pérez³, Claudia Cruz³, Iván Darío Vélez²

¹Grupo de Investigación Clínica PECET (GIC PECET), Sede de Investigación Universitaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

²Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales -PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³Dirección Sanidad Ejército Nacional de Colombia

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

Desde los años 40 el tratamiento de primera elección para la Leishmaniasis cutánea (LC) han sido los antimoniales pentavalentes (Sbv), los cuales pueden producir alteraciones renales, pancreáticas, hepáticas y cardíacas en diferentes grados de severidad. Con el objetivo de determinar el perfil de seguridad de los Sbv en el tratamiento de pacientes con LC, se realizó un estudio retrospectivo en el que se revisaron 4085 historias clínicas de militares con diagnóstico confirmado de leishmaniasis y que recibieron tratamiento entre octubre de 2010 y diciembre de 2018. 98,6% (n=4029) pertenecían a pacientes con diagnóstico de LC y 1,4% (n=56) a leishmaniasis mucosa (LM). Cabe anotar que el programa de manejo de leishmaniasis en el ejército incluye administración del medicamento bajo observación y seguimiento médico y de ayudas diagnósticas (laboratorio y electrocardiograma) durante el tratamiento y hasta la resolución de la enfermedad. El 100% de la población fue masculina con una media de edad de 24.2 años, peso promedio de 68 kg, 88.2% fueron de raza mestiza y el 10.2% afrodescendientes. El 97.2% (n=3974) de los casos recibió tratamiento con Sbv a una dosis promedio de 16,5 mg/kg/día por vía intramuscular y con una duración promedio de 20,7 días. El 49.9% de los pacientes presentó algún evento adverso al tratamiento. Los estudios de laboratorio mostraron alteraciones en hemoglobina (12,9%), eritrocitos (42,9%), fosfatasa alcalina (17,5%) y amilasa (21,7%). Otros eventos frecuentes fueron artralgias (27.3%), mialgias (26.4%), cefalea (20.6%), fiebre (10%) y gastrointestinales (<10%). El dolor precordial se observó en un 6.6% de los pacientes. Se obtuvo información de 14907 electrocardiogramas (ECG), Los hallazgos más relevantes (mitad y final de tratamiento) fueron prolongación del intervalo QT (1.7% y 2.1%), bradicardia sinusal (0.5% y 0.7%) y criterios de Peguero (0.3% y 0.5%). La frecuencia observada de eventos adversos reafirma los problemas de seguridad de los Sbv y la necesidad de alternativas terapéuticas para la LC. Finalmente, las características de la población de estudio podrían explicar la baja frecuencia de alteraciones electrocardiográficas, por lo que este resultado no es generalizable y, en cualquier caso, no descarta el riesgo de presentación por lo que se anima a individualizar cada caso bajo juicio clínico.

Palabras clave: antimoniales pentavalentes, leishmaniasis, seguridad

La eficacia vacunal de LACK y PEPCK recombinantes y sus péptidos como posible vacuna contra la leishmaniasis cutánea

Juan Matheus Pereira Fernandes, Edlaine Pinheiro Ferreira, Tânia Zaverucha do Valle, Celeste da Silva Freitas de Souza, Kátia da Silva Calabrese

Instituto Oswaldo Cruz -IOC, Rio de Janeiro-Brasil

*Presentador: juanfernandes222@gmail.com

Las leishmaniasis son enfermedades endémicas de regiones tropicales y subtropicales, causadas por diferentes especies de protozoos del género *Leishmania*. *L. amazonensis* es una especie relevante en el continente americano y puede ser responsable de formas clínicas graves de leishmaniasis cutánea, como la leishmaniasis cutánea difusa. Los fármacos de elección en el tratamiento de la leishmaniasis son medicamentos de alto coste, con importantes contraindicaciones. Estos hechos, combinados con la creciente incidencia de leishmaniasis cutánea, hacen esencial el desarrollo de una vacuna. Los estudios preliminares del grupo demostraron que la fracción microsomal (FMic) de *L. amazonensis*, asociada a inmunomoduladores, confiere protección contra una infección experimental y estimula una respuesta inmune protectora. Los análisis serológicos asociados a la espectrometría identificaron a las proteínas LACK y PEPCK como los principales inmunógenos, sugiriendo que serían responsables de la capacidad protectora de la fracción. Además, en evaluaciones anteriores de predicción de epítopos antigénicos, capaces de interactuar con el complejo mayor de histocompatibilidad clase I (MHC) de ratones o humanos, seguidas de validación en experimentos con células de ratones infectados experimentalmente, realizados *in silico*, se identificaron nueve péptidos. antígenos como candidatos para el desarrollo de una vacuna peptídica contra la leishmaniasis. Para profundizar en estos resultados, en esta investigación evaluamos la capacidad inmunogénica y eficacia protectora de las proteínas LACK y PEPCK y sus péptidos en diferentes combinaciones, asociadas a adyuvantes. Para ello, evaluamos la seguridad y eficacia de las proteínas asociadas al adyuvante BCG en ratones C57BL/6, mediante análisis de posibles variaciones de comportamiento en estos animales. Para seleccionar péptidos candidatos para una formulación de vacuna, se llevarán a cabo estudios de dinámica metamolecular para evaluar la interacción de estas moléculas con MHC y H2. Los resultados de las evaluaciones de seguridad de la vacuna mostraron que entre los ratones analizados no se observaron cambios de comportamiento durante el período de seguimiento. Los ensayos de dinámica molecular permitieron realizar una selección preliminar de los nueve péptidos que posteriormente serán sintetizados y probados *in vitro*. De esta manera, se observó que las vacunas en los distintos protocolos eran seguras, además de poder generar la producción de anticuerpos.

Financiación: FAPERJ/Cnpq/CAPES/IOC.

Palabras clave: adyuvantes, eficacia, inmunogenicidad, *Leishmania amazonensis*, leishmaniasis cutánea, ratones, vacunación

La inmunoterapia con anti-PD-1 controla la progresión de la leishmaniasis en un modelo de infección activa por *Leishmania mexicana*

Mariana Diupotex, Jaime Zamora-Chimal, Ingeborg Becker

Unidad de Investigación en Medicina Experimental, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México

*Presentadora: diupotex.mariana@gmail.com

Leishmania mexicana es el principal agente etiológico de la leishmaniasis cutánea en México. Esta especie genera una forma clínica particular de curso crónico o recurrente, llamada leishmaniasis

cutánea difusa (LCD), la cual se caracteriza por la presencia de múltiples lesiones no ulceradas que diseminan por todo el tegumento. Esta condición afecta gravemente la calidad de vida del paciente y puede derivar en problemas de salud más severos, ya que presenta resistencia a los tratamientos farmacológicos convencionales. Estudios previos realizados en nuestro laboratorio mostraron que los linfocitos T (LT) de pacientes mexicanos con LCD exhiben un deterioro funcional relacionado con la adquisición del fenotipo exhausto, caracterizado por la sobreexpresión del receptor de muerte programada 1 (PD-1). El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto inmunoterapéutico inducido por el anticuerpo bloqueante anti-PD-1 en ratones con lesiones activas causadas por *L. mexicana*. El esquema terapéutico inició a los 45 días de la infección en ratones C57BL/6 y consistió en administrar intraperitonealmente 3 dosis de inducción (250 mg/dosis) cada tercer día, seguidas de 5 días de reposo, y finalizó con 5 dosis de mantenimiento (100 mg/dosis) cada tercer día. Nuestros resultados mostraron que la inmunoterapia con anti-PD-1 controla el crecimiento de las lesiones y disminuye significativamente la carga parasitaria intralesional e intranodular. Además, observamos que las células de los nódulos linfáticos drenantes (dNLs) de los ratones tratados producen niveles más altos de IFN- γ , TNF- γ e IL-2 en comparación con las células de los ratones no tratados. Asimismo, mediante citometría de flujo, encontramos que la inmunoterapia incrementa el porcentaje de LT CD4+IFN- γ + y CD8+IFN- γ +, así como de LT CD8+CD107a+ citotóxicos en los dNLs. De forma similar, observamos un incremento en la frecuencia de LT CD4+ y CD8+ con capacidad proliferativa (Ki-67+) en el grupo de los ratones tratados. En conjunto, estos resultados demuestran que el bloqueo de la vía inhibitoria PD-1/PD-L1 revitaliza las funciones efectoras de los LT, promoviendo el control de la infección activa por *L. mexicana*. Estos hallazgos plantean la posibilidad de implementar nuevas estrategias inmunoterapéuticas basadas en el bloqueo de los puntos de control inmunitario para el tratamiento de la LCD.

Financiación: Conahcyt Fronteras: 6682 y PAPIIT IG200924.

Palabras clave: exhaustación, inmunoterapia, leishmaniasis cutánea, linfocitos T, PD-1

Efecto de *Sapindus saponaria* L., *Moringa oleifera*, *Plukenetia volubilis* y *Caesalpinia spinosa* en la fisiología de esferoides tumorales

Eyson Quiceno¹, Sara Robledo¹, Andrés Montoya¹, Yulieth Upegui², Fernando Echeverry³

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

²Grupo Infecciones y Salud en el Trópico. Universidad Nacional, Bogotá-Colombia

³QOPN, Química Orgánica de Productos Naturales. Universidad de Antioquia, Medellín-Colombia

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

Las enfermedades crónicas no transmisibles (ENT) representan la mayor causa de mortalidad a nivel global, en este grupo, el cáncer representa la segunda mayor tasa de mortalidad, solo por detrás de las enfermedades cardiovasculares, con cifras que alcanzan los 10 millones de muertes anuales. Dentro de los tipos de carcinoma, el cáncer de mama, colorrectal y gástrico se posicionan en los 5 tipos de neoplasias más prevalentes a nivel mundial, en cuanto a su mortalidad, siguen ocupando los primeros puestos, siendo la 5ta, 2da y 4ta causa más comunes en los decesos por procesos cancerosos, en conjunto, los 3 tipos de cáncer son responsables de alrededor de 2.4

millones de muertes anuales. Las altas cifras de incidencia y mortalidad, sumadas a las limitaciones que crea la aparición constante de quimioresistencia a los fármacos anticancerígenos disponibles, conlleva a la necesidad del estudio continuo de alternativas terapéuticas, en esta búsqueda, la fitoterapéutica representa un campo promisorio para la evaluación de moléculas candidatas a antitumorales, pues se ha demostrado que las plantas son fuente de compuestos con gran actividad biológica. Dentro del grupo de fitoterapéuticos *Sapindus saponaria* L., *Moringa oleifera*, *Plukenetia volubilis* y *Caesalpinia spinosa* han demostrado tener una promisoriosa actividad antitumoral y antiproliferativa contra diferentes líneas celulares tumorales, sin embargo, la mayoría de estos ensayos se han realizado a nivel *in vitro* en cultivos 2D o monocapa, los cuales debido a su naturaleza y organización celular tienen cierta limitación a la hora de asimilar la estructura de un tumor en un sistema *in vivo*, por esto, resulta más ideal el uso de cultivos 3D, en este caso, el uso de esferoides tumorales, ya que estos mimetizan de mejor forma la arquitectura y el microambiente tumoral, lo que permite un acercamiento más cercano a lo que sería la interacción entre el fármaco y el tumor.

Palabras clave: actividad antitumoral, apoptosis, ciclo celular, esferoides, fitoterapia, necrosis

Presentación de dos casos de leishmaniasis cutánea con requerimiento a múltiples tratamientos y coinfección por esporotricosis

Juliana Quintero-Pulgarín, Alejandra Jiménez-Echavarría

Grupo de Investigación Clínica PECET (GIC PECET), Sede de Investigación Universitaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

*Presentador: juliana.quinterop@pecet-colombia.org

La esporotricosis es una infección micótica; si bien, es considerada uno de los principales diagnósticos diferenciales de la leishmaniasis cutánea (LC), la presentación simultánea de ambas condiciones es poco frecuente. Se presentan los casos de dos pacientes con diagnóstico de LC sin respuesta a múltiples tratamientos y confirmación de coinfección por esporotricosis quienes requirieron tratamiento hospitalario para su curación.

Paciente 1: masculino con lesión única en brazo izquierdo, la cual contrajo en Mapiripán, Meta, vereda El Silencio. Con diagnóstico confirmado de LC, directo y ultivo para *Leishmania*: positivos, especie del parásito identificada *L. Panamensis*. Recibió el siguiente manejo terapéutico: dos esquemas completos de Antimoniato de Meglumina sistémico (abril/2018 y agosto/2018), esquema completo de Miltefosina (noviembre/2018) sin respuesta; presentando salida de nuevas lesiones alrededor de la placa principal y aparición de lesiones en cara. Posteriormente con pérdida de seguimiento y en agosto/2020 consultó con lesiones reactivadas por lo que se formuló Pentamidina sin respuesta. Se excluyó inmunosupresión y se tomaron biopsias para micosis profundas en laboratorio de Micología de la UdeA, con resultado en marzo/2021: positiva para *Sporothrix Eschenckii*. Recibió tratamiento con Itraconazol desde marzo/2021 sin respuesta. Posterior a staff de dermatología en julio/2021 se sugiere manejo hospitalario con Anfotericina. Posterior a esto el paciente no consultó nuevamente al PECET y pese a múltiples intentos no se ha podido contactar.

Paciente 2: femenina procedente de Remedios - Antioquia, corregimiento la Cruzada. Con

diagnóstico confirmado de LC, sin identificación de especie. Con lesiones en miembros inferiores. Recibió el siguiente manejo terapéutico: esquema completo con miltefosina (febrero/2021), pentamidina (junio/2021) y antimonio de meglumina intralesional (4 sesiones de tratamiento hasta agosto/2021) sin respuesta. Se diagnosticó coinfección por Esporotricosis, recibió tratamiento hospitalario con Anfotericina B liposomal e Itraconazol con adecuada respuesta y cicatrización.

A pesar de ser diagnósticos diferenciales, es importante considerar que pueden presentarse concomitantemente, principalmente en pacientes sin respuesta al tratamiento con un diagnóstico confiable confirmado para LC.

Palabras clave: diagnóstico diferencial, leishmaniasis cutánea, esporotricosis, falla terapéutica

Reporte de caso: falla terapéutica con Glucantime en paciente pediátrico en la ciudad de Valledupar, enero de 2024

Johana Páez-Amaya^{1,2,3}, Yorelys Karina Pacheco^{1,2,4}, Maria Camila Ortega^{1,2,5}, Linda Stephania Cudris^{1,2,6}, Alina Patricia Rodríguez^{1,2,7}, Olga Hernández -Almanza^{1,2}, Carlos Hernando Parga-Lozano^{1,2}

¹Hospital Rosario Pumarejo de López

²Semillero internado médico Épsilon

³Universidad del Sinú – Cartagena

⁴Fundación Universitaria del Área Andina

⁵Universidad de Santander, Valledupar, Colombia

⁶Universidad del Santander, Bucaramanga, Colombia

⁷Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia

*Presentador: johanapaezamaya@gmail.com

La leishmaniasis, es una enfermedad tropical que representa un desafío en el municipio del Cesar debido al aumento considerable de casos reportados donde se evidencia fallas terapéuticas a dicha patología. En este trabajo se presenta el caso de un paciente pediátrico procedente de Santander, que acudió al Hospital Rosario Pumarejo de López con síntomas sugestivos de leishmaniasis cutánea. Tras recibir tratamiento con Glucantime, el paciente experimentó falla terapéutica, con deterioro visceral y reactivación de las lesiones cutáneas. Este proyecto de investigación descriptiva e inductiva se enfoca en casos clínicos con fallas en el tratamiento de la leishmaniasis. Se recopilieron datos cualitativos para resaltar la ineficiencia del fármaco estandarizado en su entorno natural. Las variables incluyen datos experimentales obtenidos de revisiones científicas. Presentación de caso clínico: Un adolescente de 14 años y 49 kg presentó múltiples lesiones cutáneas ulcerosas y eritematosas en ambos antebrazos, paciente con frotis directo positivo para *Leishmania* sp. Se inició tratamiento con Glucantime, administrando 12 cc IV cada 24 horas durante 20 días. Tras 20 días de tratamiento, el paciente mostró mejoría y fue dado de alta sin control por pediatría e infectología. Cinco meses después, el paciente volvió a presentar lesiones ulcerosas dolorosas en codos, antebrazos y espalda baja, sin visceromegalia; el examen directo para leishmania dió positivo en su segunda muestra. Se inició tratamiento con anfotericina B desoxicolato, administrando 49 mg IV cada 24 horas. El paciente mostró complicaciones como hipokalemia y bradicardia, por lo que se ajustó el tratamiento y se administraron suplementos de potasio. A los 30 días de tratamiento, las lesiones estaban cicatrizadas y el paciente fue dado de alta en buenas condiciones generales.

Conclusiones: El Glucantime es el tratamiento de primera línea para la leishmaniasis cutánea, sin embargo, la eficacia depende de la especie de parásito y del estado inmunológico del paciente. Factores como el uso de dosis subterapéuticas, la reducción de la duración del tratamiento y las pausas para mitigar los efectos secundarios pueden a largo plazo desencadenar fallas terapéuticas en el manejo de la Leishmaniasis en Colombia.

Palabras clave: falla terapéutica, *Leishmania*

Fidelidad en la ruta de atención a pacientes con sospecha de Leishmaniasis Cutánea Ulcerada, Trojes, Honduras 2022

Katia López-Mejía^{1,2,5}, Luisa Rubiano³, Héctor Vélez⁴, Carlos Rojas-Arbeláez⁵

¹Hospital Escuela, Departamento de Gestión Académica e Investigación, Tegucigalpa, Honduras

²Instituto de Enfermedades Infecciosas y Parasitología Antonio Vidal, Tegucigalpa, Honduras

³Facultad Nacional de Salud Pública, Universidad de Antioquia

⁴Grupo de Estudio en Pedagogía, Infancia y Desarrollo Humano (GEPIDH), Facultad de Educación, Universidad de Antioquia

⁵Grupo Epidemiología, Facultad Nacional de Salud Pública, Universidad de Antioquia

*Presentador: consuelo.rubiano@udea.edu.co

La epidemiología compleja de la Leishmaniasis Cutánea Ulcerada (LCU) en las Américas, con variaciones en transmisión, reservorios, manifestaciones clínicas y respuesta terapéutica, representa un desafío de salud pública. La Organización Mundial de la Salud recomienda intervenciones integrales, como diagnóstico temprano y tratamiento eficaz. Este estudio buscó identificar los factores que influyeron en la fidelidad de la ruta de atención al paciente con sospecha de LCU en Trojes, Honduras. Se desarrolló un estudio descriptivo mixto (cuantitativo/cualitativo) enfocado en la investigación de la implementación. Los datos cuantitativos se recolectaron mediante listas de chequeo de los expedientes clínicos de pacientes atendidos en Trojes durante 2022, con el objetivo de evaluar la fidelidad en la atención a LCU. Además, se realizaron entrevistas semiestructuradas tanto a proveedores como a usuarios, con el fin de comprender el fenómeno a través de los factores moderadores, de acuerdo al marco conceptual de Fidelidad de la Implementación de Carroll. De 218 pacientes sospechosos de LCU en Trojes durante 2022, el 68.4% siguió parcialmente la ruta de atención. Se observó alta (100%) cobertura en el diagnóstico, pero baja fidelidad (31%) en la prescripción de dosis según peso de Glucantime, con un 27.5% de sub-dosificación del medicamento. Los factores moderadores reflejaron la necesidad de capacitación para proveedores y la intervención de las barreras geográficas y económicas para los usuarios. Las deficiencias en la adherencia a la ruta de atención para la leishmaniasis en Trojes, Honduras, fueron consistentes con estudios previos. Se destacó la falta de recursos humanos y capacitación del personal de salud. Mejorar la atención a pacientes con LCU en Trojes requerirá capacitación y monitoreo continuo del personal de salud, superar barreras de acceso en áreas rurales mediante el fortalecimiento de la participación comunitaria y la promoción de la intervención gubernamental. Adicionalmente, estudios de farmacovigilancia y del agente etiológico serán esenciales para garantizar tratamientos efectivos y seguros.

Financiación: The Special Programme for Research and Training in Tropical Diseases (TDR) hosted at WHO (TDR grant number B40323).

Palabras clave: factores moderadores, fidelidad, Honduras, investigación de implementación, leishmaniasis cutánea ulcerada

Acoplamiento molecular *in silico* de compuestos presentes en *Malachra alceifolia* en proteínas de *Leishmania mexicana*

Leonor Cervantes-Ceballos, Jairo Mercado- Camargo, Harold Gómez-Estrada

Grupo de Investigación en Química Orgánica Medicinal. Facultad de Ciencias Farmacéuticas, Universidad de Cartagena, Campus de Zaragocilla, 130001, Cartagena-Colombia

*Presentador:lcervantesc@unicartagena.edu.co

Este estudio *in silico* de Docking Molecular fue realizado para determinar posibles afinidades de unión de los compuestos episwertenol, α -amirina, y metil commate presentes en las fracciones activas de *M. alceifolia* con posibles dominios alostéricos de proteínas diana que actúan en las vías de la glucólisis, poliaminas y biosíntesis de proteínas responsables de la supervivencia del parásito *Leishmania mexicana*. Las estructuras de los compuestos identificados de *M. alceifolia* se obtuvieron de PubChem y se optimizaron utilizando MMFF94 como campo de fuerza y gradiente conjugado. Las estructuras 3D de las proteínas diana piruvato quinasa (PDB: 1 PKL), gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa (PDB: 1A7K), triosa fosfato isomerasa (PDB: 1AMK), aldolasa (PDB: 1EPX), fosfoglucoisomerasa (PDB: 1Q50), transketolasa (PDB: 1R9J), arginasa (PDB: 4ITY) y cisteína peptidasas A (PDB: 2C34) de *L. mexicana* se descargaron del formato (pdb) del Protein Data Bank RCSB (PDB) utilizando PyMOL, las estructuras proteicas se convirtieron a continuación a formato pdbqt compatible con AutoDock Vina utilizando la opción "make macromolecule" de PyRx y los compuestos se minimizaron energéticamente y se utilizó la conformación de menor energía de cada compuesto para los estudios de acoplamiento dentro de los dominios alostéricos de las proteínas evaluadas. Por último, se determinó la función de puntuación. Se empleó AutoDock Vina para el proceso de cribado virtual, y CB-Dock y DoGSite para evaluar las características de los sitios alostéricos predichos. Los compuestos episwertenol, α -amirina y metil commate A se acoplaban con afinidad de unión cercanas a -8.0 kcal/mol en sitios alostéricos en las proteínas piruvato quinasa, la gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa (GAPDH), triosa fosfato isomerasa, aldolasa, transketolasa, arginasa y cisteína peptidasas A de *L. mexicana*. Por consiguiente, en este trabajo se evaluó las propiedades farmacocinéticas de los tres compuestos con mejor afinidad de energía en proteínas blancas de *L. mexicana*, episwertenol, α - amirina y metil commate A frente a 101 receptores en humanos utilizando el servidor SwissADME. El análisis de los resultados mostró que el compuesto α -amirina tiene una probabilidad cercana al 55% para interactuar con el receptor androgénico.

Palabras clave: α -amirina, episwertenol, docking molecular, metil commate, *Malachra alceifolia*, *Leishmania mexicana*

Evaluación de la biocompatibilidad y degradación de materiales a base de magnesio candidatos a implantes cardiovasculares.

Jessica Tabares-Ocampo¹, Valentina Marín-Valencia², Sara Robledo-Restrepo¹, Yulieth Upegui-Zapata¹, Luz Restrepo-Múnera³, Félix Echeverría-Echeverría², Mónica Echeverry-Rendón⁴



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

²Centro de Investigación, Innovación y Desarrollo de Materiales -CIDEMAT, Facultad de Ingeniería, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³Grupo Investigación Ingeniería de Tejidos terapias celulares -GITTC, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁴IMDEA, Materials Institute, Getafe-España

*Presentador: jessica.tabares@udea.edu.co

La colocación de stents cardiovasculares es la terapia más utilizada para tratar la enfermedad coronaria causada por la obstrucción parcial o total de la arteria debido a la formación de placa aterosclerótica, con efectos potencialmente mortales. Existen diferentes tipos de stents: stents metálicos sin recubrimiento, stents liberadores de fármacos, stents bioabsorbibles y stents de terapia dual. Sin embargo, pueden provocar complicaciones a largo plazo, como reestenosis en el stent y trombosis tardía. Para reducir estos efectos adversos, la investigación se ha centrado en los stents metálicos biodegradables, ya que conservan las propiedades mecánicas necesarias para contener la arteria lesionada mientras se repara y, una vez cumplida su función, el stent se degrada sin alterar el sistema ni comprometer la salud del paciente. En este trabajo hemos evaluado la respuesta biológica de los productos de degradación de un biomaterial de base Mg desnudo modificado superficialmente por el método de oxidación electrolítica por plasma (PEO) sobre las células del tejido vascular, la hemocompatibilidad y la respuesta inflamatoria mediante ensayos *in vitro* y *ex vivo*. Se observó que el PEO-Mg era compatible con la sangre y los componentes inmunitarios que rodeaban el lugar de implantación, sin signos de toxicidad para las células endoteliales, los macrófagos y el tejido arterial. Además, los productos de degradación del PEO-Mg se eliminan por fagocitosis. Los resultados obtenidos son compatibles con un material bioseguro para su futuro uso como implante cardiovascular, pero es necesario continuar con ensayos *in vivo* y de propiedades mecánicas para asegurar y garantizar su uso.

Financiación: MINCIENCIAS No. 111584467110.

Palabras clave: actividad fagocítica, arteria, estrés oxidativo, magnesio, oxidación electrolítica plasmática, producto de degradación, hemocompatibilidad, respuesta inflamatoria

Antimoniato de meglumina modula proteínas de la matriz extracelular y expresiones de citocinas en la leishmaniasis cutánea murina

Fernando Almeida-Souza^{1,2}, Flávia de Oliveira Cardoso¹, Bruno Vinícius da Conceição Souza³, Tânia Zaverucha do Valle¹, Allana Freitas Barros², Wendel Frago de Freitas Moreira², Ana Lúcia Abreu-Silva², Kátia da Silva Calabrese¹

¹Laboratorio de Protozoología, Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro-Brasil

²PPGCA, Programa de Pós-graduação em Ciência Animal, Universidade Estadual do Maranhão, São Luís-Brasil

³Discovery Sciences, Astrazeneca, Gothenburg-Sweden

*Presentador: fernandoalsouza@gmail.com

Antimoniato de meglumina (AM) es el fármaco de primera línea para el tratamiento de la leishmaniasis cutánea. Si bien sus actividades antileishmania e inmunomoduladoras se han descrito

ampliamente, existen pocos datos sobre el efecto del AM sobre las proteínas de la matriz extracelular y la reparación de tejidos. El presente estudio tuvo como objetivo examinar la modulación de las proteínas de la matriz extracelular y la expresión de citocinas en ratones C57BL/6 infectados con *Leishmania amazonensis* y tratados con AM. Los experimentos con animales siguieron las directrices del Conselho Nacional de Controle de Experimentação Animal y fueron aprobados por el Comité de Ética para la Investigación Animal de la Fundação Oswaldo Cruz, licencia LW72/12. Se infectaron ratones C57BL/6 con *L. amazonensis* por vía subcutánea en la almohadilla plantar trasera. El tratamiento se inició 55 días después de la infección y se realizó con 4 grupos de 5 animales, así: grupo infectado y tratado con AM a 20 mg/kg intramuscularmente, dos veces por semana; grupo de animales infectados y no tratados; grupo con ratones no infectados y tratados con AM; y grupo con ratones no infectados y no tratados. Después de 30 días de tratamiento, los animales fueron sacrificados y se recogieron fragmentos de tejido para su análisis. El tratamiento con AM redujo la carga parasitaria, evaluado por PCR cuantitativo, en las almohadillas plantares y en los ganglios linfáticos de drenaje. El tratamiento permitió el aumento de la expresión de laminina y colágeno tipo I y III en las lesiones cutáneas, lo que llevó a una reorganización de las fibras de colágeno. Los ganglios linfáticos de los ratones tratados mostraron una sobreexpresión significativa de TNF- α , IL-10 e IFN- γ , así como una fuerte regulación positiva de IL-12 asociada con una baja carga parasitaria. Se concluyó que el AM, además de sus actividades leishmanicidas e inmunomoduladoras, modula los componentes de la matriz extracelular de la piel contribuyendo a la reparación tisular efectiva y la remisión clínica de la lesión en la leishmaniasis cutánea murina.

Financiación: CAPES, código 001; FAPERJ, proyecto 26/211.680/2021 y E-26/203.513/2023; CNPq proyecto 313348/2019-9 y 315225/2021-1.

Palabras clave: colágeno, citocina, laminina, *Leishmania amazonensis*, tratamiento

OTRAS TEMÁTICAS

IX Reunión Colombiana
LEISHMANIASIS
y enfermedad de **CHAGAS**

XIX SIMPOSIO
PECET Asociación en la
investigación de
enfermedades
tropicales



***Fasciola hepática*, búsqueda activa de casos en humanos en el altiplano Antioqueño**

Lina Marcela Salazar-Quintero*, Esteban de Jesus Soto¹, Susana Rios¹, Shirley Bustamante¹, Catalina Jimenez¹, Diana Colorado¹, Andrea Trujillo¹, Iván Darío Vélez²

¹Grupo de Investigación Clínica PECET (GIC PECET), Sede de Investigación Universitaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

²Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales -PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

*Presentador: linasalazar@pecet-colombia.org

Fasciola hepática es un trematodo digeneo transmitido por *Lymnaea columella* (caracol de agua dulce), causante de una zoonosis llamada fasciolosis o mariposa del hígado, esta patología afecta el hígado de los mamíferos (principalmente ganado) que consuman la metacercaria del parásito, la cual en la mayoría de los casos se adhiere en los pastos o cultivos que están en contacto con el agua donde habita el caracol. En Colombia, la enfermedad en el ganado es ampliamente conocida. En el ser humano la infección se adquiere de forma accidental, esto sumado a la inespecificidad de los síntomas en la fase aguda de la infección, a la cronicidad de la misma antes que se presenta algún signo, y al desconocimiento de la patología por parte del personal de salud, hace que el diagnóstico sea infrecuente. Desde el 2022 como parte del ensayo clínico “Estudio fase IV, multicéntrico, de etiqueta abierta, para determinar la seguridad, la tolerabilidad y los resultados clínicos después de la administración oral de EGATEN™ (Triclabendazol) en pacientes (6 años de edad o mayores) con fascioliasis” un grupo interdisciplinario nos encontramos realizando una búsqueda activa de casos en los trabajadores de hatos ganaderos que tengan contacto directo con el pasto del ganado; esto acompañado de charlas educativas con el personal de la salud de la zona lechera de Antioquia donde se han identificado casos de la enfermedad en bovinos. A junio 2024, se han realizado ELISAs para *Fasciola* a 197 personas en riesgo, de las cuales 10 fueron positivas, estos participantes fueron trasladados a la ciudad de Medellín, donde se llevaron a cabo estudios confirmatorios: parasitológicos, sanguíneos y ecográficos; estos procedimientos confirmatorios determinaron infección activa en uno de los participantes, quien recibió tratamiento con Egaten® con una óptima recuperación.

Financiación: Novartis

Palabras clave: *Fasciola hepática*, humanos, triclabendazol

Sales cuaternarias de amonio fluoradas en un modelo de cáncer colorrectal metastásico: Ensayo multiplataforma mediante metabolómica no dirigida

Adriana Milena Olarte Aponte¹, Sergio A. Pulido^{1,2}, Luz Amalia Ríos-Vásquez³, Luz Adriana Betancur Jaramillo³, Carlos Mario Muñetón Peña⁴, Rogelio Ocampo-Cardona³, Sara M. Robledo¹

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

²LifeFactors Zona Franca S.A.S, Rionegro-Colombia

³Química Teórica y Bioinformática, Departamento de Química, Universidad de Caldas. Manizales-Colombia

⁴Genética Médica, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia. Medellín-Colombia

El cáncer colorrectal (CCR) es el tercer cáncer más frecuente a nivel mundial y se considera un problema de salud pública. Las estrategias basadas en la metabolómica son un medio clave para identificar metabolitos celulares involucrados en el mecanismo de acción de los fármacos. Las sales de amonio cuaternario fluoradas (SCAF) han demostrado toxicidad selectiva frente a líneas celulares de cáncer colorrectal (CCR) que simulan diferentes estadios de la enfermedad: premetastásico (SW948) y metastásico *in situ* (SW48) o invasivo (SW620). En este estudio se evaluó el efecto del yoduro de N-[6,6-bis-(3-trifluorometilfenil) hex-5-en-1-il]-N-yodometil-N,N-dimetilamonio (SCAF 1) y el yoduro de N-[6,6-bis-(4-trifluorometilfenil)hex-5-en-1-il]-N-yodometil-N,N-dimetilamonio (SCAF 2) en el metabolismo de las células SW620 mediante un análisis metabolómico multiplataforma no dirigido con las técnicas RP/HILIC(-), RP-UHPLC-QTOF-MS(-) y RP-UHPLC/MS-QTOF(+). Después de obtener los metabolitos alterados con regulación positiva se realizaron los análisis de vías y de enriquecimiento de vías metabólicas. Se encontró que las dos SCAF modularon predominantemente las vías responsables del metabolismo de L-Tirosina y la biosíntesis de Pantotenato y CoA, dos vías metabólicas importantes para la supervivencia celular. Estos resultados sugieren que las SCAF 1 y 2 podrían interferir con la capacidad de las células cancerosas para obtener energía y proliferar, debilitando así su capacidad para sobrevivir y crecer. El análisis de perfiles metabólicos permitió también evaluar la fluctuación de los niveles metabólicos, proporcionando información relevante de la acción *in vitro* de los compuestos probados. Además, se proporciona información sobre la posible implementación de las SCAF como nuevos agentes terapéuticos. La información sobre las vías metabólicas objetivo y los mecanismos de acción de estas sales proporciona una base sólida para su mejora química y el diseño de estrategias para aumentar su efecto terapéutico y selectividad. Esto podría incluir la modificación estructural de las sales para mejorar su actividad anticancerígena y reducir los efectos secundarios.

Palabras clave: análisis estadístico multivariado, biosíntesis de Pantotenato y CoA, cáncer colorrectal, metabolismo de L-Tirosina, metabolómica no dirigida, sales cuaternarias de amonio fluoradas

Citotoxicidad *in vitro* y propiedades farmacológicas *in silico* de sales cuaternarias de amonio fluoradas (SCAF) en células de cáncer colorrectal

Adriana Milena Olarte Aponte¹, Victoria Ospina², Sergio A. Pulido^{1,3}, Luz Amalia Ríos-Vásquez⁴, Luz Adriana Betancur Jaramillo⁴, Carlos Mario Muñetón Peña⁵, Rogelio Ocampo-Cardona⁴, Sara M. Robledo¹

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

²Corporación de Innovación para el Desarrollo de Productos. Medellín-Colombia

³LifeFactors Zona Franca S.A.S, Rionegro-Colombia

⁴Química Teórica y Bioinformática, Departamento de Química, Universidad de Caldas. Manizales-Colombia

⁵Genética Médica, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia. Medellín-Colombia

El cáncer colorrectal (CCR) es una enfermedad multifactorial que involucra alteraciones genéticas y epigenéticas, lo que resulta en la modulación de vías metabólicas específicas. Esta patología se sitúa como el tercer tipo de cáncer más prevalente y la segunda con la mayor tasa de mortalidad en

el mundo. Las alternativas terapéuticas para el tratamiento del CCR se basan en el uso de terapias sistémicas mediante la administración de quimioterapia, terapia biológica o inmunoterapia; sin embargo, estas intervenciones presentan algunas desventajas, tales como la alta toxicidad, altos costos, uso de infraestructura de alta complejidad, ocurrencia de complicaciones post operatorias y efectos secundarios adversos al uso de fármacos quimioterapéuticos. Por tanto, se necesitan urgentemente nuevas entidades químicas capaces de inducir la muerte de las células tumorales. El presente estudio tuvo como objetivo evaluar la citotoxicidad de una librería de sales fluoradas de amonio cuaternario (SCAF) en líneas celulares derivadas de CCR con fenotipos premetastásicas y metastásicas *in situ* e invasivo. También se evaluaron los antecedentes genéticos y epigenéticos de las líneas celulares de CCR y la selectividad de la citotoxicidad con respecto a las células no tumorales, pero también entre las etapas de las células de CCR. Finalmente se analizó la farmacología *in silico* de estas SCAF. Las SCAF 9-14 mostraron una alta actividad citotóxica para líneas celulares CCR premetastásicas y metastásicas, siendo los SCAF 9, 13 y 14 selectivos para líneas celulares CCR en lugar de los tejidos colorrectales de ratones BALB/c sanos (TCRM). Muchas SCAF mostraron poca idoneidad para la administración oral de fármacos, lo que indica que una vía basada en inyección, como la intramuscular o la intravenosa, probablemente sería más efectiva. En conclusión, las SCAF que contienen dentro de su estructura química grupos trifluoro metilo (CF₃) tienen potencial como moléculas antitumorales.

Palabras clave: Citotoxicidad, propiedades fisicoquímicas, análisis epigenético, antecedentes genéticos, líneas celulares de cáncer colorrectal, propiedades biofarmacéuticas

Prevalencia serológica del virus del dengue en población adulta de Medellín y su área metropolitana, estudio de cohorte, 2018 – 2022

Andrea Trujillo-Correa¹, Liesbeth Van Wesenbeeck², Lina Salazar¹, Liliana López³, Lotke Tambuyzer², Annemie Buelens², Kim De Clerck², Oliver Lenz², Leen Vijgen², Marnix Van Loock⁴, Guillermo Herrera-Taracena⁵, Iván Darío Vélez³, Freya Rasschaert⁴

¹Grupo de Investigación Clínica PECET (GIC PECET), Sede de Investigación Universitaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

²Janssen Pharmaceutica NV, a Johnson & Johnson company, Turnhoutseweg 30, 2340 Beerse, Belgium

³Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales -PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁴Global Public Health R&D, Janssen Pharmaceutica NV, a Johnson & Johnson company, Turnhoutseweg 30, 2340 Beerse, Belgium

⁵Global Public Health R&D, Janssen Research & Development LLC, a Johnson & Johnson company, Horsham, PA, USA

*Presentador: andretru@pecet-colombia.org

El dengue es una enfermedad viral transmitida por mosquitos del género *Aedes*. En Colombia, durante los últimos 10 años se ha producido un aumento significativo del número de casos, con oleadas epidémicas cada 3-4 años. Si bien, el dengue es considerado un problema de salud pública en el país, se necesita evidencia que permita determinar la real carga de la enfermedad, y con esto orientar la toma de decisiones y acciones en salud. Por lo anterior, este estudio se pretendió determinar la seroprevalencia y la incidencia de infección primaria por DENV (sintomática y asintomática) en habitantes de Medellín y su área metropolitana. Un total de 4885 participantes

distribuidos en tres cohortes fueron incluidos; 4881 fueron tamizados (estudio serológico mediante Panbio® anti-DENV IgG indirecto), de los cuales 1873 (38,4%) tenían anticuerpos IgG anti-DENV y fueron excluidos. Los 3008 participantes que no presentaron anticuerpos al inicio fueron evaluados semestralmente (toma de muestra) hasta por 2 años o cuando presentaron episodios febriles en busca de seroconversión. De estos, 2644 (87,9%) tuvieron al menos una visita de serología después del inicio y 52 (2%) de ellos tuvieron una seroconversión al DENV confirmada por laboratorio. 19 de los 2664 participantes (<1%) se presentaron en el centro con un episodio de enfermedad febril, ninguno confirmado por laboratorio como infección por DENV. DENV encontrada entre los residentes de Medellín seleccionados para participar en el estudio fue similar en las 3 cohortes. Las enfermedades febriles notificadas fueron escasas y no se confirmaron mediante pruebas de laboratorio infecciones asintomáticas, lo que indica que no hubo ningún brote de dengue en el área metropolitana de Medellín durante el periodo del estudio.

Financiación: Janssen Pharmaceutica, NV (Johnson & Johnson).

Palabras clave: anticuerpos, dengue virus, seroestatus, seroprevalencia

Primera aproximación a la expresión del factor de crecimiento epidérmico humano recombinante

Ana Lucia Sanchez-Lopera¹, Paula Katerine Quintero-Marulanda¹, L. L. Corrales-Garcia²

¹Facultad de Ciencias Farmacéuticas y Alimentarias, Universidad de Antioquia, Medellín-Colombia

²Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales -PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

*Presentador: ana.sanchez8@udea.edu.co katerine.quintero1@udea.edu.co

El Factor de Crecimiento Epidérmico humano (hEGF) es una molécula de naturaleza proteica (57 residuos de aminoácidos) sintetizada por las células de la piel. Sus propiedades físicas, químicas y biológicas están bien definidas, convirtiéndolo en una herramienta esencial en medicina y biología. Sus funciones biológicas incluyen: estimular la proliferación celular, reparar tejidos, participar en la diferenciación de epidermis y epitelios, influir en la carcinogénesis y secreción de ácido gástrico, promover la multiplicación celular, mejorar la síntesis de proteínas y ARN, entre otras. Es interesante como el hEGF tópico ha demostrado tener efectos benéficos en el tratamiento de quemaduras, estimulando la granulación del tejido y acelerando la curación. Sin embargo, su uso se ve limitado por la baja cantidad de hEGF con el que se puede contar, ya que la fuente primaria de obtención es la orina humana, donde se encuentra en concentraciones trazas, siendo de dispendiosa purificación. Una posible solución a esta limitación es la tecnología del ADN recombinante, que permite obtener proteínas usando bacterias o levaduras como sistemas de expresión. Objetivo: Realizar una aproximación a la expresión del Factor de Crecimiento Epidérmico Humano (rhEGF) por medio de técnicas recombinantes. Metodología: el plásmido pET32a-hEGF se usó para transformar la bacteria *Escherichia coli* BL21(DE3) y expresar el hEGF bajo condiciones controladas. Se usó cromatografías de afinidad e intercambio aniónico para su purificación. La expresión y purificación se evaluaron por SDS-PAGE y western blot. Resultados: se expresó en *E. coli*-BL21(DE3) la proteína TrxA-hEGF con un peso molecular aparente de ~23 kDa, y que fue reconocida en el western blot por el anticuerpo Anti-His-HRP.

Se demostró la actividad biológica del hEGF mediante ensayos de proliferación celular (wound healing). Conclusión: Es posible obtener en fracción soluble el hEGF recombinante. Se demostró que después de los procesos de purificación el factor tiene la capacidad de estimular la proliferación de tejidos a bajas dosis. Aún es necesario optimizar los procesos de expresión y purificación de la proteína, sin embargo, contar con una proteína recombinante con actividad biológica es un logro prometedor que respalda la continuación y el avance de esta investigación.

Financiación: Centro de Innovación e Investigación Farmacéutica y Alimentaria – CENQFAL, Facultad de Ciencias Farmacéuticas y Alimentarias, Universidad de Antioquia.

Palabras clave: hEGF, expresión recombinante, ingeniería genética, reepitelialización

Evaluación del efecto de estímulos musicales creados a partir de vocalizaciones murinas, sobre el comportamiento del ratón (*Mus musculus*)

Natalia Arbeláez^{1,2}, Berardo de Jesús Rodríguez¹, Juliana Zapata¹, Hoover Pantoja³

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

²QUIRÓN, Grupo de investigación en Patobiología y salud, Universidad de Antioquia, Medellín-Colombia

³Instituto Alexander Von Humboldt, Bogotá D.C, Colombia

*Presentador: natalia.arbelaez@udea.edu.co

La música se define como un estímulo complejo organizado espectro temporalmente. Los humanos, otros mamíferos y las aves, comparten estructuras anatómicas y procesos funcionales que les permiten hacer un procesamiento neurocognitivo de la música. En los roedores, se han reportado efectos benéficos de la música como aumentar las habilidades de aprendizaje y reducir ansiedad y estrés. Aun con estas respuestas positivas, no se ha empleado como un tipo de enriquecimiento ambiental para mejorar el bienestar animal en los bioterios. El bienestar de los roedores empleados en experimentación incide directamente en la validez de los resultados; por lo tanto, debe ser una prioridad implementarlo y así garantizar los principios éticos y científicos en la investigación *in vivo*. En las estimulaciones musicales previas de ratones, se han usado piezas preconcebidas para humanos y en su rango auditivo, sin considerar que ambas especies difieren en su percepción acústica. En los murinos su comunicación social se da principalmente en el rango ultrasónico (>20 Khz), el cual es inaudible para nosotros. Además, en sus contextos de cortejo emiten cantos a altas frecuencias con frases que se repiten y diversidad de sílabas. Esto resalta la musicalidad que poseen. Además, se evidencia la falta de homogeneidad en los protocolos limitando la replicabilidad. Teniendo en cuenta lo anterior y como un enfoque novedoso y no reportado, este trabajo buscó emplear cantos de cortejo ultrasónicos de dos cepas de ratones ampliamente usadas, con el propósito de diseñar música digital original para la especie. Estos cantos fueron grabados contextualizados al comportamiento y previamente caracterizados en sus parámetros bioacústicos. Se estableció un programa de enriquecimiento ambiental con música con piezas cambiantes por semana, dosificadas considerando su ritmo circadiano y con la videograbación simultánea del comportamiento. La evaluación de las respuestas comportamentales al programa se realizó aplicando las pruebas de laberinto en cruz elevado, la prueba de campo abierto y etogramas. Los resultados de las pruebas mostraron que el programa no tuvo un efecto ansiogénico en el grupo enriquecido comparado con el grupo control. Las etogramas evidenciaron un aumento del comportamiento exploratorio de la

cepa BALB/c durante la reproducción del estímulo musical. No se registraron comportamientos negativos en respuesta a la música.

Financiación: Proyecto Minciencias, contrato 923-2019, código 129984467289.

Palabras clave: bienestar, comportamiento, música, ratones, ultrasonidos

Estrategias de implementación para la adopción de la ETMI-Plus en un entorno de bajos recursos en Colombia

Lyda Pilar Salamanca-Cardozo^{1,*}, Gloria Inés Sánchez^{1,2}, Gabriel Parra-Henao³

¹Facultad Nacional de Salud Pública, Universidad de Antioquia, Colombia

²Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Colombia

³Centro de Investigación en Salud para el Trópico, Universidad Cooperativa de Colombia

*Presentador: pilar.salamanca@udea.edu.co

Este estudio evaluó el grado de adopción de la iniciativa ETMI-PLUS (Eliminación de la Transmisión Materno-Infantil de Hepatitis B, HIV, Sífilis y Enfermedad de Chagas) en una red de atención compuesta por 5 centros de atención primaria y el hospital de segundo nivel de Soatá, Boyacá, Colombia, e identificó estrategias para mejorar su implementación. Se llevó a cabo un estudio de métodos mixtos (cuantitativo-cualitativo) con 108 participantes (tomadores de decisiones, administradores y proveedores de atención médica) de diferentes niveles (Ministerio y secretarías de Salud departamental y municipal y centros de atención clínica). Se utilizó una encuesta para medir la adopción de ETMI-PLUS en los 108 participantes y una guía de preguntas para identificar las barreras y facilitadores mediante 3 grupos focales, uno de auxiliares de enfermería (n=6), otro de enfermeras (n=10) y el tercero de médicos generales, ginecólogos, obstetras y perinatólogos (n=5) muestreados por conveniencia hasta conseguir la máxima variación de los niveles de adopción en cada grupo. Los instrumentos para recolectar la información se basaron en los marcos conceptuales IOF (Implementation Outcomes Framework) y el CFIR (Consolidated Framework for Implementation Research). El promedio del nivel de adopción de ETMI-PLUS fue de 3.7 (en una escala de 1 a 5), con los puntajes más altos entre médicos especialistas y directores de programa. Las principales barreras para la adopción o implementación adecuada de ETMI-PLUS fueron: Poco reconocimiento de la solidez de la evidencia sobre la iniciativa, pocos incentivos para adoptarla, poco acceso a información y conocimiento externo, falta de estímulos organizacionales y recursos estructurales y baja percepción de autoeficacia para lograr su implementación. Las estrategias recomendadas fueron: Preparar campeones que promuevan la intervención, promover la adaptabilidad de la iniciativa, acceder a nuevos fondos, modificar la estructura de incentivos/subvenciones, implementar estrategias de educación (reuniones y materiales educativos) y realizar pruebas cíclicas de adopción. En conclusión, la adopción de la iniciativa ETMI-PLUS en la red de atención estudiada es moderada. Se sugiere usar las estrategias para abordar las barreras identificadas y mejorar la implementación de la iniciativa, con el fin de alcanzar la eliminación de la transmisión materno-infantil de estas enfermedades en la región.

Financiación: TDR, Programa Especial de Investigación y Capacitación en Enfermedades Tropicales, de la OMS (Número de subvención TDR B40323).

Palabras clave: Colombia, eliminación de la transmisión materno-infantil, enfermedad de Chagas, ETMI-PLUS, Hepatitis B

Biodiversidad del Urabá: fuente de potenciales bioinsumos para el manejo de marchitez vascular en musáceas

Karen Herrera Gómez², Gloria Blandón Torres², Karen Usuga Cuesta², Cindy Pineda Aristizabal¹, Harold Alexander Vargas-Hoyos¹

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

²Escuela de Microbiología, estudiante Microbiología Industrial y Ambiental, Universidad de Antioquia) Apartadó, Colombia

*Presentador: karen.herrera@udea.edu.co

La enfermedad ocasionada por *Fusarium oxysporum* (marchitez vascular) genera pérdidas económicas en el sector agrícola de la región de Urabá, por su alto impacto destructivo en los cultivos de plátano y banano. Hasta ahora, el único tratamiento en campo es la aplicación de productos químicos que afectan el medio ambiente y la salud humana. En este estudio, se evaluó el efecto antagónico *in vitro* de 138 aislamientos de actinobacterias contra *F. oxysporum* obtenidas a partir de muestras de suelo, raíz y rizosfera de cultivos localizados en los municipios de Carepa, Apartadó, Turbo y Necoclí. Se encontraron 20 aislamientos con actividad biológica contra *F. oxysporum* y se seleccionaron cinco con destacada actividad antifúngica. Se obtuvieron extractos orgánicos de los aislamientos seleccionados, que conservaron su actividad antagónica y finalmente, se seleccionó un aislamiento para llevar a cabo un proceso de formulación líquida y sólida, obteniendo un prototipo de actinobacteria funcional como potencial candidato para su uso contra este importante hongo fitopatógeno. Los resultados obtenidos proporcionan información importante acerca de la diversidad bacteriana que poseen los suelos de la región del Urabá antioqueño y de su gran capacidad antagónica frente a fitopatógenos que afectan los cultivos de importancia económica en la zona, de igual forma, se constituyen en el primer prototipo a base de actinobacteria como herramienta alternativa para el manejo de la marchitez vascular en Colombia.

Financiación: Centro Regional para la Investigación, Innovación y Emprendimiento CRIIE – Urabá, Proyecto 003-2022.

Palabras clave: actinobacterias, antagonismo *in vitro*, biocontrol, *Fusarium oxysporum*, marchitez vascular, metabolitos secundarios

Estudios *in vitro* e *in vivo* de la actividad antitumoral de extractos derivados de *Plukenetia volubilis* y *Moringa oleifera* en tumor gástrico

Sara M. Robledo¹, José David Vargas, Eyson Quiceno¹, Victoria Ospina¹, Natalia Arbelaez^{1,2}, Javier Murillo^{1,2}, Denny Cárdenas³, Javier A. Soto^{3,*}

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

²Grupo de Estudios Preclínicos, Corporación de Innovación CIDEPRO, Medellín, Colombia

³Grupo BIOGEN, Universidad de Santander, Cúcuta, Colombia

*Presentador: jav.soto@mail.udes.edu.co

El cáncer gástrico es el quinto cáncer más común y la tercera causa de muerte por cáncer a nivel mundial. La quimioterapia perioperatoria o adyuvante mejora la supervivencia en pacientes con cánceres en estadio 1B o superior. Se ha reportado que *Moringa oleifera* y *Plukenetia volubilis* potencian una amplia gama de funciones biológicas, incluyendo la actividad antitumoral y antiproliferativa. Con el fin de evaluar el potencial antitumoral de extractos crudos (obtenidos con diferentes disolventes) de las hojas de *Moringa oleifera* y *Plukenetia volubilis* y el aceite de semilla de *P. volubilis*, se evaluó según el efecto de los extractos y el aceite en la citotoxicidad, proliferación y viabilidad celular, ciclo celular, apoptosis, potencial de membrana y migración celular de la línea celular gástrica tumoral AGS (CRL-1739). También se evaluó el efecto del aceite de *P. volubilis* en la progresión del tumor gástrico en un modelo de ratón de cáncer gástrico en ratones C57Bl/6. Todos los extractos evaluados fueron citotóxicos a concentraciones (CC50) entre 90 y 160 µg/ml. El aceite de semilla de *P. volubilis* mostró un 95% de mortalidad a una concentración del 1% (CC50 = 0,86%). La proliferación celular se inhibió en un 30%. A la dosis citotóxica, todos los extractos afectaron al ciclo celular, observándose una acumulación de células AGS en la fase G0/G1 e induciendo la fragmentación del ADN como mecanismo de muerte celular. El extracto etanólico de hoja de *M. oleifera* también inhibe la migración celular. Se evidenció un efecto protector en la progresión de tumores en ratones C57BL/6 tratados con el aceite de semilla de *P. volubilis*. Los resultados sugieren que tanto los extractos de hojas de *M. oleifera* y *P. volubilis* como el aceite de semillas de *P. volubilis* tienen potencial como productos antitumorales. Es necesario continuar con las validaciones del modelo murino de cáncer gástrico para ahondar en el potencial antitumoral de estos extractos y continuar el desarrollo de productos herbales que puedan ayudar en el manejo de este tipo de tumores.

Financiación: Proyecto Minciencias, contrato 923-2019, código 129984467289.

Palabras clave: apoptosis, ciclo celular, citotoxicidad, proliferación celular, fragmentación del ADN



Vol. 46

IX Reunión Colombiana
LEISHMANIASIS
y enfermedad de **CHAGAS**

XIX SIMPOSIO
PECET Avances en la
investigación de
enfermedades
tropicales

Agosto 14, 15 y 16

2024

Medellín, Colombia

Unidos contra las enfermedades olvidadas



Centro de Investigaciones en
Microbiología y Parasitología
Tropical
CIMPAT
Universidad de los Andes



PECET
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales



**UNIVERSIDAD
DE ANTIOQUIA**

Facultad de Medicina