



Trabajos libres
-Presentaciones orales-

OCL-12. Expresión de receptores tipo Toll 4 y 9 en lesiones preneoplásicas y cáncer de cuello uterino

Astrid M. Bedoya*, Cesar J. López-Pinto*, Roberto Jaramillo†, Armando Baena-Zapata‡, Carolina López-Urán§, Mary Luz Uribe*, Víctor Flórez*, Gloria I. Sánchez-Vásquez*

INTRODUCCIÓN

El virus del papiloma humano es el agente necesario para el desarrollo del cáncer cervical, pero solo una pequeña proporción de las mujeres que se infectan con este virus desarrollan cáncer. La respuesta inmune es muy importante en la eliminación de la infección viral y previene la progresión a cáncer. Los receptores tipo Toll (TLR, por su sigla en inglés) funcionan como sensores moleculares que detectan diferentes estructuras microbianas y que son muy importante en la respuesta inmune innata del hospedero e inician la respuesta inflamatoria contra patógenos tales como bacterias, hongos y virus. Estudios recientes demostraron que estos receptores se expresan en células tumorales y esta expresión se asocia con la progresión. Adicionalmente, se demostró que la expresión de TLR9 y TLR5 es importante en la progresión a neoplasia cervical y, por lo tanto, pueden utilizarse como marcadores de transformación maligna.

OBJETIVO GENERAL

Evaluar la expresión de TLR4 y TLR9 en biopsias de mujeres con lesiones preneoplásicas y cáncer cervical invasivo.

METODOLOGÍA

Se obtuvieron 53 bloques de parafina de casos de NIC1 (6), NIC2 (22), NIC3 (16) y cáncer escamocelular, CEC, (9), a los cuales se les realizaron cortes de 4 µm. La expresión de TLR4 y TLR9 se evaluó con inmunohistoquímica. La expresión de TLR fue determinada por un patólogo a partir de 10 campos de alto poder (5 en epitelio y 5 en el estroma). Adicionalmente, se realizó extracción de ADN de los bloques de parafina para determinar la presencia de infección por el virus del papiloma humano, utilizando la técnica GP5+/GP6+ *reverse line blot*. Se determinaron las frecuencias de expresión de TLR4 y TLR9 en las diferentes lesiones preneoplásicas y de cáncer cervical, y se realizó la prueba de Fisher para comparar la frecuencia de expresión de TLR en los diferentes estadios de la enfermedad.

RESULTADOS

Fueron evaluadas, en total, 53 biopsias. De éstas se encontró que un caso de NIC1 (1/6) fue positivo para VPH 16, 10 de 22 casos de NIC2 positivos para VPH con el genotipo 16 como el más común, seguido por los genotipos 66, 58 y 56. Tres de 16 casos de NIC3 fueron positivos para VPH, con el genotipo 16 como el más común y en cáncer invasivo se encontró que tres de 7 casos fueron positivos para VPH, nuevamente con el genotipo 16 como el más común, seguido por el genotipo 18. Se encontró además que independiente del estatus de VPH, la frecuencia de mujeres que expresaron TLR 9 en estroma fue mayor en mujeres con NIC1 o NIC2 (14/22) que en mujeres con cáncer, *in situ* e invasivo, (2/18), con un valor de la $p=0,0011$. Un resultado similar se observó para la expresión de TLR 4 en epitelio, donde 4/13 mujeres con NIC1 o NIC2 expresaron el marcador en contraste con 0/15 mujeres con cáncer, *in situ* e invasivo, con un de la valor $p=0,0349$. Al realizar los mismos análisis en mujeres VPH+ solamente, los resultados fueron similares para TLR 9 en estroma pero no fueron significativos (4/8 mujeres NIC1 o NIC2 frente a 0/2 mujeres con cáncer, valor de la $p=0,4667$).

CONCLUSIONES

La frecuencia de mujeres con cáncer cervical (*in situ* e invasivo) que expresaron TLR9 en estroma y TLR4 en epitelio fue muy baja. Por lo tanto, el bajo nivel de expresión de TLR9 en estroma y TLR4 en epitelio parece predecir la progresión hacia cáncer.

PALABRAS CLAVES

Cáncer cervical. Inmunohistoquímica. Papilomavirus humano. Receptor tipo Toll.

*Grupo Infección y Cáncer, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. †Laboratorio de Patología, Fundación Valle del Lili, Cali, Colombia. ‡Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. §Departamento de Patología, Hospital Universitario San Vicente de Paúl, Medellín, Colombia.
Contacto: astridbedoya@une.net.co

OCL-14. Evaluación de anemias en niños de la primera infancia del municipio de Sonsón, Antioquia, en el año 2007

Claudia P. Henao-Mejía*, Rocío Pérez-Escobar†, Mario A. Zapata-Tamayo‡

INTRODUCCIÓN

En la práctica clínica, la anemia suele clasificarse de acuerdo con la fisiopatología (desencadenante), pero también se tienen en cuenta las constantes corpusculares, entre ellas el volumen corpuscular medio (VCM) y la hemoglobina corpuscular media (HCM), magnitud que informa sobre el valor medio del contenido hemoglobínico de los eritrocitos circulantes. En el marco del macroproyecto de Alianza de Antioquia por la equidad, programa de la gobernación de Antioquia, como una de las estrategias para luchar contra la inequidad y el bajo desarrollo humano integral de la población, identificado como el principal problema de Antioquia, y para contribuir al mejoramiento de condiciones que propicien el sano desarrollo psicoafectivo de los niños en la familia, se desarrolló, en el municipio de Sonsón, el proyecto piloto de este programa, el cual considera como población objetivo a la primera infancia en situación de alta vulnerabilidad, niños y niñas entre 0 y 5 años pertenecientes al nivel 2 del Sisbén.

OBJETIVO GENERAL

Evaluar la frecuencia de anemia en niños de la primera infancia del Municipio de Sonsón, Antioquia, en el año 2007.

METODOLOGÍA

Estudio descriptivo, retrospectivo, transversal, en el que se estudiaron los resultados del hemograma de 400 niños con edades entre 0 y 84 meses, analizados con valores de referencia establecidos y 383 resultados analizados según puntos de corte del Centro para el Control Enfermedades (CDC, por su sigla en inglés) de Atlanta, ya que este organismo recomienda la evaluación a partir de los 6 meses de edad. Se analizó hemoglobina corregida por altura para 2.475 msnm según las recomendaciones del CDC, para ambos puntos de corte en la definición de anemia, y VCM, HCM y ADE para su clasificación morfológica. Se utilizó el programa estadístico Epi-Info® versión 3.3.2 y Epidat® 3.1, para el análisis de significación estadística mediante la prueba χ^2 .

RESULTADOS

La media de hemoglobina para el total de la población fue de 12,6 g/dL y entre los anémicos de 11,7 g/dL. Se encontró que el 40% (160) de la población presentó anemia según los valores de referencia establecidos y el 36% (141) de acuerdo a los puntos de corte del CDC de Atlanta. Hubo mayor número de hombres anémicos que mujeres con dicha condición, pero no se encontró asociación estadísticamente significativa entre sexo y anemia para ambas clasificaciones, $p=0,31$. En la clasificación por grupo etario, aplicando los puntos de corte establecidos, la mayor parte de la población está comprendida en los grupos mayores de 6 meses y hasta 24 meses, y al grupo entre 24 y 84 meses, de los cuales 40 (37,7%) y 113 (41,1%), respectivamente presentaban anemia. Entre estos dos grupos de edades no se encontró asociación estadísticamente significativa entre la edad y la frecuencia de anemia, $p=0,54$. De acuerdo con la clasificación por CDC, el mayor número de datos analizados (327) está entre los 6 y 60 meses, pero la mayor frecuencia de anemia 39,3% se encontró en el grupo de 61 a 84 meses. Con respecto a la clasificación morfológica de la anemia, la más frecuente fue la normocítica (73,1%), comparada con 22,5% de microcítica y 4,38% de macrocítica. La clasificación según los valores del ADE mostró un porcentaje de anemia homogénea del 88,1% y de anemia heterogénea del 11,9%.

CONCLUSIONES

Se encontró una alta frecuencia de anemia en la población infantil de Sonsón y una alta frecuencia de anemia normocítica, lo que sugiere realizar estudios adicionales de hierro y, desde lo administrativo, plantear estrategias que permitan mejorar las condiciones de vida de sus habitantes desde una perspectiva que permita articular lo económico, social, ambiental y educativo.

PALABRAS CLAVES

Altitud. Anemia. Malnutrición. Primera infancia.

*Bacterióloga, Especialista en Hematología. Universidad de Antioquia. †Bacterióloga, Especialista en Hematología y Docente Escuela de Microbiología. Universidad de Antioquia. ‡Bacteriólogo, Magíster en Ciencias básicas y Especialista en Epidemiología, Universidad de Antioquia.
Contacto: Claudia Henao, clao@botmail.com.

OCL-18. Análisis de receptores de citotoxicidad natural para NK en donantes sanos

Jesenia Vidal-Martínez*

INTRODUCCIÓN

Las células *natural killer* (NK) son una subpoblación de linfocitos cuyos mecanismos citotóxicos son efectores importantes del sistema inmune inespecífico, actúan como defensa frente a células neoplásicas, infecciones virales y están implicadas en la inmunidad innata contra bacterias y parásitos intracelulares. Estas acciones se complementan con la actividad de las células T citotóxicas, lo cual proporciona, de esta forma, un sólido sistema celular inmune.

Morfológicamente, son un grupo heterogéneo de linfocitos grandes granulares de médula ósea, las células NK clásicas no expresan marcadores de linaje linfocitario T, no sufren maduración en el timo, pero si expresan en la superficie celular moléculas CD16 (o FcγRIII que se unen con baja afinidad a la Fc de la IgG que se encuentra unida a epítopes localizados en la superficie de la célula diana), así como receptores CD56 útiles para su identificación fenotípica.

OBJETIVO GENERAL

Analizar la expresión de receptores de citotoxicidad natural para células NK en donantes sanos.

METODOLOGÍA

Estudio descriptivo donde se determinó la expresión de las moléculas de activación e inhibición de las células NK. Se evaluaron 157 muestras de sangre de adultos sanos con edades entre 18 y 65 años que cumplían con los requisitos para ser donantes y que, además, no tuvieran antecedente de cáncer.

RESULTADOS

El hallazgo de nuevos valores en un rango definido para los receptores de activación e inhibición en este estudio resulta un aporte de gran trascendencia, por la función que desempeñan en la regulación de la respuesta celular citotóxica de las células NK en procesos virales y tumorales. Los valores absolutos y porcentuales y las medias halladas de cada subpoblación celular analizada por citometría de flujo (CD3, CD4, CD8 Y CD20) guardan relación con las publicadas en otros estudios.

CONCLUSIONES

El hallazgo de los parámetros cuantitativos y cualitativos de estos receptores en individuos inmunocompetentes evidencian la necesidad de incluir el panel de las moléculas de activación e inhibición de las células NK (CD16, CD56) investigadas, para evaluar la respuesta funcional citotóxica de las mismas en el seguimiento a la terapéutica de pacientes inmunocomprometidos.

PALABRAS CLAVES

Células NK. Citometría de flujo. Receptores de activación. Receptores de inhibición.

*Programa de Bacteriología. Universidad Metropolitana de Barranquilla. Contacto: yeseniavidalm@botmail.com

OCL-28. Translocación bacteriana y análisis molecular de infecciones postoperatorias en pacientes con trauma abdominal

Luisa F. Tobón-Salamanca*‡, Arley Gómez-López‡, Manuel A. Patarroyo-Gutiérrez*‡,
Ernesto Nieves-Pinzón‡, Dora Ríos‡, Andrés Isaza‡

INTRODUCCIÓN

La translocación bacteriana (TB) se define como el paso de bacterias entéricas a través de la barrera mucosa intestinal, a los ganglios linfáticos mesentéricos (GLM, naturalmente zonas estériles) y luego a órganos distantes. Ha sido explicada anatómicamente por el hallazgo de lesiones en la barrera intestinal, que implica alteraciones en la permeabilidad de la pared y los mecanismos de defensa intestinal.

En pacientes con trauma abdominal no se ha establecido aún la asociación de bacterias que han translocado a ganglios mesentéricos con el desarrollo de sepsis. Los ensayos clínicos tradicionalmente han utilizado una amplia variedad de cultivos, métodos de tinción y pruebas bioquímicas para la identificación de especies bacterianas, pero hasta la fecha no hay reportes que establezcan una relación de causalidad por métodos moleculares que demuestren una asociación contundente entre los cultivos positivos de GLM y la de microorganismos responsables del desarrollo de infecciones postoperatorias.

OBJETIVO GENERAL

Establecer la asociación entre microorganismos aislados de ganglio linfático mesentérico, con los responsables de infecciones postoperatorias, en pacientes sometidos a laparotomía por trauma abdominal, mediante el aislamiento e identificación convencional y molecular de los agentes bacterianos.

METODOLOGÍA

Se realizó laparotomía exploratoria y extracción de 36 GLM de pacientes con trauma abdominal, estos pacientes fueron monitorizados durante su estancia hospitalaria.

En aquellos pacientes que presentaron focos infecciosos, se realizó la identificación fenotípica mediante cultivos y pruebas bioquímicas a los microorganismos aislados del GLM y a los del sitio de infección. De coincidir fenotípicamente, el ADN de ambos microorganismos era extraído para la amplificación de genes *housekeeping* (*rpoB*, *gyrA*, *gyrB*, *gapA*, *ompA*) mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Los productos fueron secuenciados y analizados para la genotipificación de cada aislado bacteriano.

RESULTADOS

De los 36 pacientes con trauma abdominal, el 33,3% presentaron TB (n=12); de ellos, el 66,6% (n=8) mostraron complicaciones infecciosas. De los ocho microorganismos causantes de infección postoperatoria, cinco coincidieron fenotípicamente con los aislados en GLM.

Los microorganismos responsables de infecciones clínicas coincidieron con los cultivos positivos de GLM en el 40% de los casos (n=2/5) y fueron confirmados por técnicas de biología molecular, mostrando identidad del 100% en las secuencias de los cinco genes entre las cepas de GLM y las causantes de infección postoperatoria.

CONCLUSIONES

Nuestros resultados son la primera evidencia de confirmación por técnicas de biología molecular de la asociación entre los microorganismos entéricos, la TB y las complicaciones sépticas. Se demostró la asociación entre TB con un incremento significativo de aparición de infección postoperatoria en pacientes con trauma abdominal.

PALABRAS CLAVES

Ganglio linfático mesentérico. Laparotomía. Sepsis. Translocación bacteriana.

*Fundación Instituto de Inmunología de Colombia, FIDIC, Bogotá, Colombia. ‡Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá, Colombia. †Universidad del Rosario, Bogotá, Colombia. Contacto: Luisa F. Tobón Salamanca, luisa.929@botmail.com

OAM-01. Caracterización bacteriana y evaluación del efecto de la asociación alga-bacteria (alga roja *Bostrychia calliptera rhod melaceae*) en el porcentaje de remoción de cromo

Ana L. Rengifo-Gallego*, Neyla Benitez-Campo†, Enrique J. Peña-Salamanca‡

INTRODUCCIÓN

La contaminación de las aguas por metales pesados constituye un grave problema ambiental en la Bahía de Buenaventura, en donde se han registrado importantes niveles de contaminación por el metal pesado cromo, como consecuencia del vertimiento directo de aguas residuales y la múltiple influencia del puerto industrial como fuente de contaminación. Este metal poco biodisponible en condiciones naturales, genera graves problemas de salud incluidas enfermedades de origen tumoral, es bioacumulado por el alga roja *Bostrychia calliptera* (Rhodomelaceae, Rhodophyta) en su estado de oxidación Cr (III) pero actualmente se desconoce la presencia de mecanismos biológicos, tales como la interacción alga-bacteria que permitan la incorporación de este metal al protoplasma del alga.

OBJETIVO GENERAL

Determinar la participación de la población bacteriana asociada al alga roja *Bostrychia calliptera* (Rhodomelaceae, Rhodophyta) en su proceso de acumulación de cromo.

METODOLOGÍA

Se realizó un seguimiento *in vitro* a las poblaciones bacterianas asociadas a la superficie del alga mediante dos eventos experimentales. Ejemplares del alga fueron obtenidos de material adherido a raíces y pneumatóforos de las especies del mangle negro *Avicennia germinans* (Verbenaceae) y el mangle rojo *Rhizophora mangle* (Rhizophoraceae) en la desembocadura del Río Dagua, Colombia. El primer ensayo se realizó empleando agua de mar sintética con dos niveles de cromo, 5 y 10 ppm en biorreactores (250 mL) con cuatro tratamientos que incluyeron material vegetal en estado natural (alga-bacteria), material vegetal con antibiótico (alga-antibiótico), sedimento con o sin material en suspensión en la superficie del alga (consorcio bacteriano natural, CNB) y el tratamiento control sin presencia de *B. calliptera* ni bacterias. El segundo evento experimental se desarrolló a partir del consorcio bacteriano seleccionado del primer experimento. Se monitorizó el crecimiento de las poblaciones bacterianas y el porcentaje de eficiencia en la reducción de la concentración de cromo mediante espectroscopia de absorción atómica (AAS) en ambos casos.

RESULTADOS

Se obtuvieron diferencias significativas tanto para la población de bacterias como para la concentración total de cromo en los sistemas alga-bacteria y CBN, siendo el alga-bacteria el sistema más eficiente en remoción de cromo a la concentración 5 ppm y más efectivo el tratamiento bacteria a 10 ppm, para el primer experimento. El máximo porcentaje de remoción de cromo correspondió al día 12 para el consorcio bacteriano seleccionado en el segundo experimento, con un valor de 89,91%.

CONCLUSIONES

Existe una posible interacción positiva entre las bacterias asociadas a la superficie del alga roja *B. calliptera* en su proceso de acumulación de cromo a niveles ambientales y una mayor eficiencia de transformación del metal del sistema bacteria a niveles superiores en condiciones *in vitro*, lo que puede implicar la exploración de esta nueva alternativa en el proceso de biorremediación de cromo, en el tratamiento de la contaminación de metales pesados en aguas costeras.

PALABRAS CLAVES

Bostrychia calliptera. Bacterias reductoras. Contaminación marina. Cromo.

*Universidad del Valle, Departamento de Biología, Grupo de Biología Vegetal Aplicada. †Universidad del Valle, Departamento de Biología, Grupo de Microbiología y Biotecnología Ambiental. Contacto: Ana Rengifo, anarengifog@gmail.com

OAM-38. Determinación de mutagenicidad en las aguas del Río Cauca en el tramo Puente El Hormiguero y desembocadura del Río Cali, por medio del Test de Ames

Julio C. Sierra-Yépez*, Neyla Benítez-Campo*, Enrique Bravo-Montaño*,
Fernando E. Lamart-González‡, Alejandro Soto-Duque‡

INTRODUCCIÓN

El Río Cauca es una fuente hídrica importante que tiene un área de influencia que abarca 183 municipios y abastece de agua a la mayor parte de los habitantes del área metropolitana de Cali. En la actualidad, el Río Cauca recibe toneladas de desperdicios provenientes de la industria, la agricultura y de los centros urbanos asentados en su cuenca hidrográfica; en estos desperdicios se encuentran complejos químicos que pueden causar toxicidad y son un riesgo para la salud humana y la biota acuática.

OBJETIVO GENERAL

Evaluar la actividad mutagénica de las aguas del Río Cauca en temporada de lluvias a su paso por la ciudad de Cali, utilizando el test de Ames con las cepas TA98 y TA100 de *Salmonella typhimurium*, con y sin extracto enzimático (S-9).

METODOLOGÍA

Las muestras de agua fueron tomadas en los siguientes sitios: puente El Hormiguero, desembocadura del canal CVC-Sur, Planta de Tratamiento de Agua Potable, puente de Juanchito y desembocadura del Río Cali. En cada punto se tomaron 200 litros de agua que fueron pasados por resina XAD 4, para retener los complejos químicos orgánicos, luego se extrajeron con una mezcla de hexano-acetona 85:15, y finalmente se sometieron a rotaevaporación, los extractos obtenidos se usaron para los ensayos de mutagenicidad mediante la prueba de Ames.

RESULTADOS

Las aguas del Río Cauca presentaron actividad mutagénica con las cepas TA98 y TA100 de *Salmonella typhimurium*, y el extracto enzimático, en los sitios: desembocadura del Canal CVC-Sur, puente de Juanchito y desembocadura del Río Cali. El mayor índice mutagénico fue de 7,1 y se encontró en el sitio de la desembocadura del canal CVC-Sur. Además, la cepa TA98 mostró mayor sensibilidad, lo que permite indicar que la mayoría de los extractos orgánicos obtenidos generan cambios en el marco de lectura en el ADN. La respuesta positiva con la activación enzimática señala que los compuestos en las muestras pueden generar un riesgo para las poblaciones que se abastecen del Río.

CONCLUSIÓN

Las aguas del Río Cauca presentaron mutagenicidad en los sitios: desembocadura del Canal CVC-Sur, puente de Juanchito y desembocadura del Río Cali, con un mayor índice en la desembocadura del canal CVC-Sur.

PALABRAS CLAVES

Contaminación acuática. Mutagenicidad. Río Cauca. Test de Ames.

*Universidad del Valle, Departamento de Biología, Grupo de Microbiología y Biotecnología Ambiental. †Universidad del Valle, Departamento de Química, Grupo de Electroquímica. ‡Universidad Autónoma de Occidente, Grupo de Estudios Ambientales para el Desarrollo Sostenible, GEADES.
Contacto: Neyla Benítez, neyla.benitez@correounivalle.edu.co

OAM-47. Caracterización biológica de aislados de *Moniliophthora* obtenidos de plantas de cacao (*Theobroma cacao*) distribuidas en San Vicente de Chucurí, Santander, Colombia

Laura V. Herrera-Sandoval*, Betty S. Lozada-Alvarado*, Darwin Martínez‡, Fabio Aranzazu‡, Patricia Escobar-Rivero*

INTRODUCCIÓN

La pudrición acuosa o moniliasis causada por *Moniliophthora roreri* (Basidiomycetes) es la enfermedad del cacao con mayor impacto en Colombia y el departamento de Santander. Algunos estudios demostraron la variabilidad genética de cepas de *Moniliophthora*, pero poco se conoce acerca de las variaciones fenotípicas de los aislados.

OBJETIVO GENERAL

Aislar, identificar y determinar *in vitro* las características de crecimiento de aislados de *Moniliophthora* obtenidos de cultivos de cacao del municipio de San Vicente de Chucurí, Santander, Colombia.

METODOLOGÍA

Se estudiaron cinco aislados de *Moniliophthora* obtenidos de frutos de cacao enfermos. Los aislados fueron cultivados en PDA (Papa Dextrosa Agar) y MEA (Malta Extracto Agar) e identificados por género según las características macro y microscópicas de las colonias. Se determinaron, además, características de crecimiento en medio sólido y germinación. Los resultados fueron expresados como diámetro del crecimiento micelial y porcentaje (%) de germinación.

RESULTADOS

Los aislamientos mostraron colonias de aspecto pulverulento en colores del beige al marrón, microscópicamente hifas hialinas septadas, conidias catenuladas ovoides o redondas. El crecimiento micelial de los aislados después de 21 días en MEA y PDA fue de 4,2 a 5,0 cm y 3,7 a 4,5 cm, respectivamente. Diferencias significativas en los patrones de crecimiento micelial en los dos medios de cultivo así como en el porcentaje de germinación se establecieron ($p < 0,05$). Los aislados mostraron mecanismos alternos de crecimiento fúngico, las cepas M1 y M2 mejor por germinación y las cepas M4 y M5 mejor por crecimiento micelial.

CONCLUSIONES

Se evidenció heterogeneidad en los patrones de crecimiento *in vitro* para los aislados de *Moniliophthora* estudiados. Así mismo, se encontró una relación inversamente proporcional entre crecimiento micelial y germinación, demostrándose el mecanismo de “compensación natural” de crecimiento fúngico que garantiza la supervivencia del microorganismo en diversos sustratos. Las diferencias fenotípicas de los aislados podrían estar relacionadas con los clones de cacao de los que fueron obtenidos y las condiciones medio ambientales de origen. El medio de cultivo MEA permitió un mejor crecimiento micelial de los aislados con respecto al PDA; sin embargo, se requieren ensayos complementarios para establecer su efecto en la germinación. Se presume que los aislamientos corresponden a cepas diferentes, por tanto, son necesarios estudios moleculares para establecer la variación genética y su posible relación con las características biológicas.

PALABRAS CLAVES

Cacao. Moniliasis. *Moniliophthora roreri*.

*Centro de Investigaciones en enfermedades tropicales, CINTROP-UIS, Laboratorio de Quimioterapia, Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Salud, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia. ‡Departamento de investigación, Federación Nacional de Cacaoteros, FEDECACAO, <http://www.fedecacao.com.co>
Contacto: Patricia Escobar Rivero, pescobarwww@yahoo.co.uk

OAM-55. Levantamiento de línea base portuaria y caracterización del agua de lastre de buques de tráfico internacional en El Puerto de San Andrés de Tumaco, Costa Pacífica Colombiana

Oladier Hoyos-Bastidas*, Diana E. Rodríguez-Cuitiva†

INTRODUCCIÓN

Actualmente las invasiones biológicas son causantes de la pérdida de biodiversidad en el mundo, ejemplo de ello son los organismos foráneos que se desplazan a través de los océanos utilizando el agua de lastre de los buques como medio de transporte, lo cual crea importantes problemas para el medio marino, las instalaciones públicas y la salud humana. A diferencia de los derrames de hidrocarburos y otras contaminaciones marinas causadas por el tráfico marítimo, los organismos y especies marinas exóticas no pueden depurarse ni absorberse por los océanos. Una vez introducidos son casi imposibles de eliminar y pueden causar desequilibrios irreversibles a los ecosistemas marinos. Es por esta razón que el agua de lastre se ha identificado como una de las cuatro amenazas de contaminación al medio marino; las otras tres, son fuentes de contaminación marina provenientes de la tierra, la sobre explotación de recursos marinos y la alteración, destrucción física del hábitat marino, o ambas.

OBJETIVO GENERAL

Establecer la línea base del componente microbiológico del agua de lastre de buques de tráfico internacional que arriban en el puerto de Tumaco, Nariño.

METODOLOGÍA

Para llevar a cabo la caracterización de los microorganismos presentes en las aguas de lastre, la capitania de puerto de San Andrés de Tumaco proporcionó los permisos necesarios para llevar a cabo los muestreos, en los buques que arriban al puerto. Mensualmente se muestrearon tres tanques de agua de lastre, en cada uno de los buques que arribaron al Puerto de Tumaco. Para la determinación de los microorganismos: coliformes totales, *Escherichia coli*, *Pseudomonas* sp. y *Enterococcus* sp. se empleó la técnica de filtración por membrana según la Asociación Americana de Salud Pública (APHA, por su sigla en inglés) -*Standar Methods, 2005*- y se determinaron mohos y levaduras por recuento en placa, el reporte final de estos microorganismos se realizó en unidades formadoras de colonias (UFC); para *Salmonella*, *Shigella* y *Vibrio* sp. se utilizó el método de ausencia-presencia. Finalmente, después del período de incubación y lectura, a las colonias presuntivas se les realizó tinción de Gram y pruebas bioquímicas específicas para cada microorganismo.

RESULTADOS

En la evaluación de los tanques de agua de lastre de los buques que arriban en el puerto de Tumaco, se obtuvo, en promedio, un recuento incontable para coliformes totales; 16 UFC/100 mL de *Escherichia coli*; 13 UFC/100 mL de *Enterococcus*, presencia/100 mL de *Vibrio cholerae*, 68 UFC para levaduras y ausencia/100 mL de *Salmonella* y *Shigella*.

CONCLUSIONES

Los datos obtenidos en los tanques de lastre, muestran que las embarcaciones analizadas hasta el momento, cumplen con los valores máximos permitidos, establecidos por la Organización Marítima Internacional (OMI) para *Escherichia coli* y *Enterococcus* (valor máximo permitido 250 UFC/100 mL y 100 UFC/100 mL, respectivamente), pero no para *Vibrio* (valor máximo permitido 1 UFC/100 mL).

Esta información servirá para llevar a cabo el levantamiento de la línea base portuaria de la bahía de Tumaco, para implementar normas legales que definirán el adecuado deslastre de los buques de tráfico internacional.

PALABRAS CLAVES

Aguas de lastre. Biodiversidad. Invasiones biológicas. Microorganismos.

*Estudiante de Microbiología Industrial y Ambiental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Practicante, Centro de Investigaciones Oceanográficas e Hidrográficas del Pacífico, CCCP-DIMAR, Tumaco, Colombia. †Microbióloga Industrial, Centro de Investigaciones Oceanográficas e Hidrográficas del Pacífico, CCCP-DIMAR, Tumaco, Colombia. Contacto: Oladier Hoyos Bastidas, olacbo777@gmail.com

OIN-04. Aislamientos bacterianos en superficies inertes de baños públicos de Medellín, Colombia

Andrés F. Ledesma-Tobón*, Judy N. Jiménez‡, Mario A. Zapata-Tamayo‡, Auxilio Ramírez-Pérez§

INTRODUCCIÓN

Las manos pueden ser portadoras de dos tipos de microbiota, una de ellas se denomina habitual y se encuentra de forma persistente en la mayoría de las personas; además, suele ser patógena. El otro tipo de microbiota se denomina transitoria, se obtiene por el contacto de las manos con superficies contaminadas y se asocia con la transmisión de enfermedades. Se estima que más del 80% de las infecciones se transmiten por las manos. El buen uso de los baños públicos y las buenas prácticas de higiene de sus usuarios, al igual que el cuidado que se dé a estas instalaciones, hace que estos sean considerados inocuos o potenciales transmisores de infecciones de origen fecal. La afluencia de público en los diferentes momentos del día y la frecuencia de aseo de los servicios sanitarios han sido identificados como factores que pueden limitar o aumentar el riesgo de infección de los usuarios, debido a que la utilización de un servicio sanitario por diferentes personas incrementa el riesgo de infección por el intercambio de fluidos corporales, la contaminación de chapas, puertas y grifos. La probabilidad de esta contaminación fue demostrada, incluso en servicios sanitarios cuya apariencia es impecable.

OBJETIVO GENERAL

Identificar la población bacteriana de superficies inertes de baños públicos de la ciudad de Medellín, Colombia.

METODOLOGÍA

Se aplicó un diseño experimental comparativo observacional en baños de uso público de 12 empresas y 10 centros comerciales de la ciudad de Medellín; se analizaron 10 superficies en cada servicio sanitario, para un total de 584 muestras. Al medio día, se hizo un hisopado completo de la superficie objeto de análisis con un hisopo de alginato, el cual se depositó en 3 mL de agua peptonada, las muestras se mantuvieron bajo refrigeración hasta el momento del análisis. Cada muestra se sembró en una batería de medios cromogénicos específicos, seguida de incubación a 37°C durante 24 a 48 horas, luego de lo cual se realizó el recuento de colonias.

RESULTADOS

En las diferentes superficies de baños públicos en centros comerciales se aislaron coliformes no fecales (8,6%), *Salmonella* sp. (1,5%) y *Staphylococcus* sp. coagulasa negativa (1,2%). Por su parte, en las empresas se aislaron coliformes no fecales (8,6%), *Salmonella* sp. (1,9%), *Staphylococcus* sp. coagulasa negativa (5,3%); *Streptococcus* sp. (1,1%), coliformes fecales (2,4%) y *Enterococcus* sp. (0,8%).

En el borde de la tasa sanitaria se encontraron seis grupos bacterianos, la superficie fue donde se aisló la mayor diversidad de bacterias, seguida de la chapa de la puerta del baño, la manija sanitaria, el grifo del lavamanos y la palanca de la toalla (tres tipos de bacterias); las superficies con menor frecuencia de aislamientos fueron la palanca dispensadora de jabón (dos tipos de bacterias), el dispensador del papel higiénico y la boca de secador eléctrico (un tipo de bacteria).

CONCLUSIONES

Los resultados sobre la cantidad y especies bacterianas encontradas en superficies de los baños públicos en estudio, están en relación con lo referido para este tipo de ambientes. Es importante resaltar el aislamiento de coliformes fecales, *Salmonella* sp. y *Enterococcus* sp., debido a su enteropatogenicidad.

PALABRAS CLAVES

Bacterias. Baños públicos. Medellín.

*Estudiante, Microbiología Industrial y Ambiental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Colombia. †Bacterióloga y Laboratorista Clínica, Magister en Ciencias Básicas Biomédicas, aspirante a PhD. en Ciencias Básicas Biomédicas, Grupo de investigación Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Colombia. ‡Bacteriólogo y Laboratorista Clínico, Epidemiólogo, Magister en Ciencias Básicas Biomédicas, Grupo de investigación Microbiología Veterinaria, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. §Bacterióloga y Laboratorista Clínica, Grupo de investigación Microbiología Ambiental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Colombia. Contacto: Mario Zapata Tamayo, mzapataudea@gmail.com

OIN-19. Evaluación de las buenas prácticas de manufactura en las medianas y pequeñas empresas de alimentos mediante la aplicación del perfil sanitario en la ciudad de Barranquilla del 2006 al 2009

Heidi Posso-Mendoza*

INTRODUCCIÓN

El programa de Bacteriología de la Universidad Metropolitana, consecuente con su compromiso social, determinó en su Plan de Desarrollo apoyar, desde la extensión de la educación superior, el mejoramiento de la calidad de los productos alimenticios, incluyendo las Pequeñas y Medianas Industrias de alimentos (Mypimes), como una estrategia para el fomento del desarrollo de los bienes y servicios, y de vinculación con el sector productivo de la región. En la primera fase de este programa se evaluó la implementación del sistema de aseguramiento de la calidad que establece el decreto 3075 de 1997, el cual define los principios básicos y las prácticas generales de higiene en la manipulación, preparación, elaboración, envasado, almacenamiento, transporte y distribución de los alimentos para el consumo humano, con el objeto de disminuir los riesgos inherentes a la producción; en esta primera fase se desarrolló este proyecto.

OBJETIVO GENERAL

Evaluar el grado de cumplimiento de las buenas prácticas de manufactura (BPM) mediante la aplicación del instrumento que evalúa las condiciones higiénicas sanitarias de Mypimes de la ciudad de Barranquilla durante el período de 2006 a 2009.

METODOLOGÍA

Estudio descriptivo de corte transversal, para el cual se utilizó como instrumento de evaluación el Acta de visita de inspección de condiciones higiénicas y sanitarias del Instituto Nacional de Vigilancia de Medicamentos y Alimentos (INVIMA), que incluye los aspectos definidos en el decreto 3075/97. En total se evaluaron, a partir del año 2006 hasta el 2009, 26 Mypimes. Se siguieron los pasos descritos a continuación. a) Detección de los puntos débiles de los programas de BPM, mediante un diagnóstico visual, consignando en el formato de evaluación, adaptado por el grupo, las variables a estudiar. b) Realización del perfil sanitario y representación gráfica del cumplimiento de las BPM, para identificar los puntos críticos. c) Los resultados de la evaluación se clasificaron de acuerdo al grado de cumplimiento, con base en esto se diseñó un Programa conducente a mejorar e implementar las condiciones de la empresa.

RESULTADOS

De acuerdo al producto alimenticio, de las 26 empresas evaluadas, el 45% esta dedicada cárnicos, el 25% a lácteos, el 20% a harinas, cereales y productos de panificación, el 5% a aceites y grasas y el 5% a productos de la pesca. Con relación a los resultados de la evaluación de las variables definidas en el decreto 3075 se encontró lo siguiente:

- Instalaciones físicas y sanitarias: el 70% de las empresas evaluadas cumplen con lo exigido.
- Personal manipulador: 60% cumplen con la norma.
- Condiciones de saneamiento (programas prerrequisito): 80% no lo cumplen como un programa operativo estandarizado (POE).
- Condiciones de proceso y fabricación: el 75% cumple con esta condición.
- Aseguramiento y control de calidad: 90% no tiene manuales ni laboratorios para la garantía de la calidad.
- Almacenamiento, distribución, transporte y comercialización: el 80% cumple con este parámetro.

CONCLUSIONES

De las medianas y pequeñas empresas de alimentos evaluadas, el 80% no tienen documentados sus procesos. El 80% no cumplen con los programas prerrequisitos y las condiciones de proceso y fabricación que son los que garantizan la inocuidad alimentaria. Teniendo en cuenta los resultados, se deduce que existe un alto riesgo para que sus productos sean fuente de contagio y contaminación y, por consiguiente, pueden crear serios problemas de salud pública.

PALABRAS CLAVES

Buenas prácticas. Inocuidad. Manufacturas.

*Programa de Bacteriología, Universidad Metropolitana de Barranquilla, Colombia. Contacto: heidiposson@gmail.com

OIN-25. Detección de *Salmonella* sp., *Listeria monocytogenes*, enterotoxina estafilocócica mediante el método elfa y verificación de la calidad microbiológica en tres tipos de quesos frescos colombianos de producción artesanal e industrial consumidos en tres localidades de Bogotá D.C., Colombia

Liz N. Cely-Rodríguez*, Melissa A. Pulido-Tique*, Katherine Rincón-Tovar*†, Andrea S. Rocha-Cortés*

INTRODUCCIÓN

Debido a la gran producción lechera en los municipios aledaños a la ciudad de Bogotá, se ha ido incrementando el desarrollo de pequeñas y medianas empresas productoras de queso en forma artesanal y, por ende, el consumo de estos alimentos en la ciudad. Con esto se ha evidenciado el aumento en las enfermedades transmitidas por alimentos (ETA), debido a las inadecuadas prácticas de elaboración que se llevan en algunos establecimientos productores; en este estudio se pretende hacer una comparación entre la calidad microbiológica e inocuidad de tres tipos de quesos frescos colombianos pera, doble crema y campesino, elaborados de forma artesanal e industrial.

OBJETIVO GENERAL

La finalidad de la investigación fue analizar y determinar la presencia de las enterotoxinas que producen los estafilococos, así como la posible contaminación con *Listeria monocytogenes* y *Salmonella* sp. y la verificación de la calidad en los quesos que se distribuyen, venden y consumen en tres localidades de la ciudad.

METODOLOGÍA

Se realizó una identificación cualitativa automatizada en el sistema miniVidas® Biomérieux, con el kit VIDAS® Staph enterotoxin II (SET2), VIDAS® *Listeria monocytogenes* II (LMO2) y VIDAS® *Salmonella* (SLM), que permiten la detección de estos microorganismos mediante la técnica ELFA (Auto analizador de enzimas por inmunoanálisis fluorogénico); obteniendo resultados en 80 minutos aproximadamente.

Por otro lado, para la verificación de la calidad microbiológica, se llevaron a cabo los cuatro parámetros establecidos por la legislación colombiana, que son recuento de microorganismos aerobios mesófilos, recuento de mohos y levaduras, determinación de coliformes en alimentos (NMP) Prueba Presuntiva (PP) y Prueba Confirmativa (PC) y determinación de coliformes de origen fecal (NMP); obteniendo resultados en 1 semana. Con esto se pretendía determinar el hallazgo de microorganismos que no estén permitidos según las normas establecidas, en quesos campesino, pera y doble crema, de producción artesanal e industrial, que son los de mayor consumo en la ciudad de Bogotá D.C, verificando de esta manera la producción de los mismos.

RESULTADOS

Se evidenció la presencia de *Listeria monocytogenes* en 9 de 54 muestras correspondientes a cinco quesos de fabricación artesanal y 4 a quesos industriales. En cuanto al tipo de queso, se observó que *L. monocytogenes* estuvo presente en cinco quesos tipo pera, tres tipo doble crema y un tipo campesino. En el caso del tipo de producción, se evidenció presencia del microorganismo tanto en los quesos elaborados artesanal como industrialmente, con un 16,6% de incidencia en el total de las muestras analizadas. Ninguna de las muestras analizadas presentó enterotoxina y *Salmonella* sp.

CONCLUSIONES

En la verificación de calidad se evidenció que el 46,3% de las muestras analizadas sobrepasaron los límites de coliformes totales. En cuanto a los coliformes fecales, el 77,8% de los quesos artesanales fueron positivos, aunque algunos quesos industriales también presentaron considerable carga.

PALABRAS CLAVES

Listeria monocytogenes. MiniVidas®. *Salmonella* sp. *Staphylococcus aureus*. Toxina.

*Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Colombia. †Estudiante, X Semestre de Bacteriología y Laboratorio Clínico, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Contacto: Katherine Rincón Tovar, flakita0129@hotmail.com

OIN-40. Caracterización microbiológica y fisicoquímica de la cachaza proveniente de un trapiche panelero del Departamento de Risaralda

Paula A. Henao-Carmona*

INTRODUCCIÓN

El sector panelero genera diferentes subproductos como la cachaza, este es uno de los residuos de mayor importancia dentro del proceso, debido a que representa un contaminante de considerable magnitud para la industria panelera, y dado que las alternativas para su disposición final no están completamente estudiadas, se hace necesario investigar sus posibles usos, para disminuir el impacto ambiental y generar un valor agregado en la industria.

OBJETIVO GENERAL

Caracterizar microbiológica y fisicoquímicamente la cachaza producida por el proceso de elaboración de panela proveniente de un trapiche panelero del departamento de Risaralda.

METODOLOGÍA

El presente fue un estudio de carácter descriptivo, debido a que se buscaba caracterizar un residuo, como base para discernir sobre sus potencialidades como alimento animal y explorar su condición de inocuidad.

Se realizaron análisis microbiológicos y fisicoquímicos que permitieron caracterizar específicamente la cachaza de un Trapiche Panelero ubicado en el Departamento de Risaralda, a través de dos protocolos de exploración tanto en la cachaza fresca como la deshidratada. El primero, dirigido a un recuento clásico de microorganismos que incluía el análisis de mesófilos, coliformes totales y fecales, mohos y levaduras, *Bacillus cereus*, *Pseudomonas*, *Clostridium*, *Salmonella* y *Listeria*.

RESULTADOS

Los resultados proporcionaron información acerca de la carga microbiana presente en la cachaza fresca y la ausencia de la misma en la cachaza deshidratada. De los análisis fisicoquímicos se obtuvieron resultados sorprendentes con respecto a la cantidad de proteína presente en este desecho. El segundo protocolo se enfocó a la identificación de los microorganismos hallados en la cachaza fresca y se corroboraron los resultados fisicoquímicos.

CONCLUSIONES

El residuo analizado es susceptible de utilizarse para la alimentación animal, ya que ofrece una suplementación de macro nutrientes apropiada para los animales. Se pretende que los microorganismos identificados (en su mayoría levaduras) puedan ser objeto de estudio en cuanto a los productos de importancia industrial que a partir de la degradación del sustrato se puedan generar.

PALABRAS CLAVES

Alimentación animal. Cachaza. Caracterización. Residuo panelero.

*Ingeniera de Alimentos de la Universidad de Caldas, Especialista en Microbiología Industrial, Universidad Católica de Manizales, UCM; Líder del Grupo de Investigación y Desarrollo Tecnológico para el Sector Agroindustrial y Agroalimentario, INDE TSA - UCM. Contacto: paulaben2@botmail.com

OIF-03. Predicción y análisis topológico de la red de interacción de proteínas en leishmania mayor como herramienta para la detección de nuevos blancos moleculares

Andrés F. Flórez-Amaya*, Daeui Park†, Jong Bhak‡, Byoung-Chul Kim‡, Allan Kuchinsky‡, John H. Morris§, Jairo J. Espinosa-Oviedo||, Carlos E. Muskus-López*

INTRODUCCIÓN

La leishmaniasis es una enfermedad parasitaria que genera una alta morbilidad en muchos países en el mundo. La mayoría de los tratamientos generan efectos tóxicos y su eficacia ha disminuido debido a la emergencia de cepas resistentes. El panorama se ve aún más oscuro por el limitado conocimiento de algunos procesos biológicos en el parásito y, por ende, la ausencia de blancos moleculares efectivos. En este trabajo desarrollamos una aproximación computacional para detectar nuevos blancos moleculares en leishmania mayor, la cual puede convertirse en una estrategia eficiente para el descubrimiento de nuevos medicamentos para esta enfermedad tropical.

OBJETIVO GENERAL

Identificar nuevos blancos de medicamentos en leishmania mayor mediante la reconstrucción y análisis de la red de interacción de proteínas.

METODOLOGÍA

La red de interacción de proteínas se construyó mediante el uso de las secuencias de las proteínas de leishmania mayor y con el empleo de los métodos PEIMAP, PSIMAP e iPfam, los cuales se basan en las interacciones de dominios mediante homología y estructuras de las proteínas. Utilizamos el método de puntaje combinado para evaluar la confiabilidad de las interacciones. Se realizó el ajuste de los grados del nodo a la distribución de probabilidad ley potencial usando Network Analyzer v.2.6.1. El análisis topológico para la detección de proteínas esenciales mediante las métricas de conectividad y grado de intermediación se calculó con la herramienta Hubba, filtrando adicionalmente los homólogos con el proteoma humano. El análisis de agrupamiento y enriquecimiento con Gene Ontology para la predicción de función de las proteínas dentro de la red (no conocidas mediante los métodos frecuentes de anotación) se realizó con las herramientas NeAT y BinGO.

RESULTADOS

La red de interacción de proteínas en leishmania mayor se calculó mediante el uso de los tres métodos validados PSIMAP, PEIMAP e iPfam. Se combinaron los resultados de estos métodos y, teniendo en cuenta la confiabilidad de cada método, obtuvimos 33,861 interacciones de alta confiabilidad (<0,70) con 1,366 proteínas involucradas. Adicionalmente fue posible mediante los análisis de agrupamiento predecir el posible proceso biológico de 263 proteínas hipotéticas. Analizando la topología de la red con las métricas de conectividad y grado de intermediación pudimos detectar 142 posibles nuevos blancos moleculares después de filtrar por homología con el proteoma humano. Experimentos futuros comprobarán la validez de estas predicciones.

CONCLUSIONES

Se ha realizado la reconstrucción de la primera red de interacción de proteínas en leishmania mayor mediante el uso de una aproximación computacional. El análisis topológico de la red nos permitió identificar un grupo de proteínas candidatas que podrían ser esenciales y exclusivas para el parásito. Estas proteínas podrían ser blancos promisorios para futuras tamizaciones de medicamentos inhibidores. La estrategia desarrollada en este trabajo podría ser útil para acelerar el proceso de descubrimiento de nuevos medicamentos, reduciendo la inversión de tiempo y recursos, y adicionalmente podría aplicarse a otras enfermedades infecciosas.

PALABRAS CLAVES

Bioinformática. Blancos moleculares. Leishmaniasis. Redes de interacción de proteínas.

*Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. †Korean BioInformation Center, KOBIC, KRIBB, Daejeon, 305-806, Korea. ‡Agilent Technologies, Santa Clara, California, USA. §Department of Pharmaceutical Chemistry, University of California San Francisco, San Francisco, California, USA. ||Grupo de Automática, GAUNAL, Universidad Nacional Sede Medellín, Colombia.
Contacto: Carlos Muskus, carmusk@yahoo.com

OIF-11. Determinantes sociales de la mortalidad por cáncer cervical en Antioquia, Colombia

Armando Baena-Zapata*†, Maribel Almonte‡, Liliana Acevedo§, Marta L. Valencia§, Santiago Martínez-Jaramillo*, Katherine Quintero-Martínez*, Gloria I. Sánchez-Vásquez*

INTRODUCCIÓN

El cáncer cervical es la segunda causa de muerte por cáncer en las mujeres en todo el mundo. En Latinoamérica y el Caribe, el cáncer de cuello uterino contribuye con más años de vida perdidos que la tuberculosis, la mortalidad materna o el sida. En Colombia se diagnostican 20 nuevos casos y mueren nueve mujeres cada día por esta causa. Las tasas de mortalidad por cáncer constituyen un importante indicador del impacto de programas y estrategias de prevención del cáncer.

OBJETIVO GENERAL

Estimar las tasas estandarizadas por edad (TEE) de mortalidad por cáncer cervical entre 2000 y 2006, y explorar variables sociales que puedan explicar la variabilidad de las tasas en las subregiones de Antioquia, Colombia.

METODOLOGÍA

Los datos de las poblaciones y las defunciones se obtuvieron de las estadísticas vitales del Departamento Administrativo Nacional de Estadística (DANE) para el período comprendido entre los años 2000 y 2006. La codificación de las causas de muerte correspondió a la versión 10 de la Codificación Internacional de Enfermedades (CIE-10). Los casos de muerte por cáncer sin especificar, del sistema genitourinario (CIE-10 C55), fueron reasignados proporcionalmente a muertes por cáncer de cuello uterino (CIE-10 C53) o cuerpo del útero (CIE-10 C54). Se estimaron tasas estandarizadas por edad (TEE), con sus respectivos intervalos de confianza, utilizando la población estándar mundial de la Organización Mundial de la Salud. Un análisis de regresión lineal múltiple se utilizó para evaluar la relación entre las tasas estandarizadas de mortalidad y los indicadores sociales (tasa de analfabetismo, porcentaje de población con necesidades básicas insatisfechas, y porcentaje de población en miseria). Valores de p menores a 0,05 se consideraron significativos. Para el análisis de los datos se empleó el paquete estadístico R® versión 2.9.2, R Development Core Team (2009).

RESULTADOS

La TEE global de mortalidad por cáncer de cuello uterino en Antioquia para el período 2000 a 2006 fue de 9,4 casos por 100 mil mujeres (IC 95% 9,2-9,5). Las TEE de mortalidad en Medellín y en el resto del departamento fueron, respectivamente, 7,1 (IC 95% 7,0-7,3) y 11,7 (IC 95% 11,4-11,9). Se identificó que las subregiones pueden ser clasificadas en tres niveles de tasas de mortalidad por cáncer cervical: alta (>17), intermedia (10-17) y baja (<10). Durante este período, las tasas de mortalidad más elevadas se observaron en las subregiones con los niveles más altos de miseria ($p < 0,001$) como Urabá, Bajo Cauca y Magdalena Medio. En Medellín se observó una disminución significativa de la mortalidad por cáncer cervical de 8,4 casos por 100 mil mujeres (IC 95% 7,9-8,9) en 2000 a 5,1 (IC 95% 4,7-5,4) en 2006 ($p = 0,03$). En contraste, las tasas de mortalidad en el resto del departamento se han mantenido constantes en la última década (rango: 11,5-12,8).

CONCLUSIONES

Existe una amplia variación de las tasas de mortalidad por cáncer de cuello uterino entre las subregiones de Antioquia. El determinante social más importante es la miseria. Se justifica la realización de estudios que comparen la eficacia en la prevención del cáncer cervical en subregiones con tasas de mortalidad altas y bajas.

PALABRAS CLAVES

Antioquia. Cáncer cervical. Miseria. Tasas de mortalidad.

*Grupo Infección y Cáncer, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. †Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. ‡Cancer Research UK Centre for Epidemiology, Mathematics & Statistics, Wolfson Institute of Preventive Medicine, Queen Mary University of London, Londres, Inglaterra. §Secretaría de Salud Municipio de Medellín, Medellín, Colombia. Contacto: Santiago Martínez, mdsanty@botmail.com

OIF-20. Calidad de vida relacionada con la salud en personas con VIH/Sida, pertenecientes a una organización no gubernamental, Medellín, 2009

Jaiberth A. Cardona-Arias*, Felipe Higueta-Gutiérrez†

INTRODUCCIÓN

El VIH/Sida afecta el sistema socioeconómico y de salud por el aumento de gastos en atención médica, disminución del número de personas económicamente activas y aislamiento social. En Colombia son pocos los estudios que abordan la calidad de vida (CV) en los infectados con VIH. La CV es la manera en que el individuo percibe su vida, el lugar que ocupa en su contexto cultural y la relación con sus objetivos, expectativas y normas; la calidad de vida relacionada con la salud (CVRS) es el valor asignado al tiempo de vida y los cambios que se producen en el estado funcional, las percepciones y las oportunidades sociales de las personas debido a la enfermedad, los tratamientos, las lesiones o las discapacidades. En las personas con VIH/Sida, dado el deterioro del bienestar físico, psicológico, social y emocional, abordar las diferentes dimensiones de la CVRS es relevante, ya que éstas condicionan la adherencia al tratamiento, la forma de percibir la enfermedad y la progresión de la infección.

El *Medical Outcomes Study Short Form* (MOSSF-36) analiza ocho dimensiones de la CVRS: dolor corporal, desempeño emocional, desempeño físico, función física, función social, salud general, salud mental y vitalidad. Es el instrumento con mejor estructura conceptual, confiabilidad, validez y adaptaciones de lenguaje para evaluar CVRS, es el único adaptado culturalmente para Medellín y es el más apropiado para población hispana infectada con VIH. No obstante, el abordaje de la CVRS con base en dimensiones preestablecidas resulta limitado dado que no se nutren de ideas valorativas, conocimientos y experiencias de los sujetos, desvirtúa los determinantes histórico-culturales, ideológico-políticos y socioeconómicos, y olvidan que “los actores que se estudian son portadores de perspectivas e interpretaciones de sí mismos y de sus acciones sociales”.

OBJETIVO GENERAL

Describir la CVRS en un grupo de personas con VIH/Sida de una Organización no Gubernamental (ONG) de Medellín, según las dimensiones del MOSSF-36 y los significados que tienen los actores sociales de esta temática.

METODOLOGÍA

Estudio mixto en la totalidad de sujetos con VIH/Sida pertenecientes a una (ONG) de Medellín (19 participantes). Se describe la CVRS y su relación con aspectos socio-demográficos y de salud con base en proporciones, medidas de resumen y pruebas no paramétricas. Se describen los significados de CV desde la perspectiva del actor social, con base en los postulados del interaccionismo simbólico y la teoría fundada.

RESULTADOS

Según el MOSSF-36 el grupo presenta buena calidad de vida dado que en la mayoría de dimensiones se encontraron puntajes superiores a los de la población estándar. Los significados de la calidad de vida en las personas que viven con VIH/Sida están determinados por aspectos macroculturales como vivienda, empleo y alimentación; microculturales como apoyo social y espiritual e individuales como hábitos saludables.

CONCLUSIONES

Según el MOSSF-36 se presentó buena calidad de vida; no obstante, el relato de los participantes evidencia la necesidad de mejorar el soporte social y el dominio de espiritualidad o trascendencia a través del aumento de autoeficacia, responsabilidad personal, autoayuda, apoyo familiar y redes sociales.

PALABRAS CLAVES

Calidad de vida. Métodos mixtos. VIH/Sida.

*Docente, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Colombia. †Estudiante, Microbiología y Bioanálisis, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Colombia. Contacto: Jaiberth Cardona, mjaca462@gmail.com

OIF-27. Estudio de la variabilidad genética del complejo protéico de bajo peso molecular de las *Roptrias de Plasmodium vivax* en la población colombiana

Diego E. Garzón-Ospina*, Liza M. Romero-Murillo*‡, Manuel A. Patarroyo-Gutiérrez*†

INTRODUCCIÓN

Plasmodium vivax es el parásito causante de la malaria con mayor distribución en el mundo, afecta más de 75 millones de personas por año (principalmente en Suramérica y Asia). Factores como el surgimiento de parásitos resistentes a medicamentos antimaláricos, el incremento en la distribución global del parásito y las deficientes condiciones socioeconómicas de las poblaciones afectadas, hacen necesario el diseño de una vacuna efectiva contra esta enfermedad. Las proteínas involucradas en la adhesión e invasión al eritrocito son consideradas como los mejores candidatos para el desarrollo de una vacuna contra el estadio sanguíneo. Estos candidatos deben ser accesibles al sistema inmune y tener una baja variabilidad genética. Entre estos candidatos a vacuna se encuentran las proteínas asociadas a roptrias, las cuales han demostrado ser capaces de estimular el sistema inmune y generar protección en modelos animales.

OBJETIVO GENERAL

Evaluar la variabilidad genética de los genes rap-1 y rap-2 de *P. vivax* en aislados clínicos colombianos.

METODOLOGÍA

La amplificación, clonación y secuenciación de fragmentos génicos de Pvrap-1 y Pvrap-2 se realizó con 29 y 32 muestras de pacientes infectados con *P. vivax* provenientes de áreas endémicas de Colombia, respectivamente. Las secuencias obtenidas fueron alineadas y posteriormente se realizó la evaluación de la selección natural, mediante el software MEGA v4. El número de haplotipos, sitios segregantes, sitios singleton, sitios parsimoniosos, y la diversidad nucleotídica y haplotípica, se calcularon con el software DnaSP® v.5.

RESULTADOS

El complejo mostró tener un bajo polimorfismo, posiblemente como resultado de una restricción funcional/estructural. La presencia de varios haplotipos en frecuencias relativamente bajas y el exceso de mutaciones singletons sugieren que un proceso demográfico podría estar afectando estos *loci*.

CONCLUSIÓN

Nuestros resultados soportan la inclusión de PvRAP-1 y PvRAP-2 en el diseño de una vacuna antimalárica basada en subunidades contra *P. vivax*, lo cual podría evitar la inducción de inmunidad alelo-específica.

PALABRAS CLAVES

Candidatos a vacuna. *Plasmodium vivax*. Polimorfismo genético. Proteínas asociadas a roptrias.

*Fundación Instituto de Inmunología de Colombia, FIDIC, Bogotá, Colombia. †Universidad del Rosario, Bogotá, Colombia. ‡Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá, Colombia. Contacto: Lisa María Romero, liza0526@gmail.com

OIF-30. Evaluación de la actividad citotóxica y antiviral *in vitro* de extractos naturales provenientes de la Región Caribe colombiana contra el virus dengue

Andrea I. Trujillo-Correa*, Freddy Díaz-Castillo†, Sara M. Robledo‡, Marlén Martínez-Gutiérrez§

INTRODUCCIÓN

El dengue es hoy la más importante enfermedad viral transmitida por artrópodos. La Organización Mundial de la Salud (OMS) calcula que cada año pueden haber 50 millones de casos de dengue en todo el mundo y cerca de 2,5 millones de personas en más de cien países están en riesgo de contraer la enfermedad. Esta es causada por el virus dengue (DENV), un flavivirus que se transmite al ser humano por mosquitos del género *Aedes* infectados con cualquiera de los cuatro serotipos del virus, que comparten analogías estructurales y patogénicas, por lo que cualquiera puede producir un síndrome febril autolimitado o las formas graves de la enfermedad. Para ninguna de las manifestaciones clínicas existe un tratamiento específico. Los pacientes que padecen la enfermedad son sometidos a terapia de soporte (líquidos y antipiréticos) para el manejo de los síntomas. Adicionalmente, no existe una vacuna licenciada con protección efectiva. Es por esto que se hace necesario explorar las propiedades químicas y biológicas de productos naturales provenientes de la gran diversidad de la flora colombiana, con el fin de evaluar la posible actividad antiviral al DENV.

OBJETIVO GENERAL

Evaluar el efecto antiviral de extractos de plantas de la región Caribe colombiana sobre la infección por DENV en un modelo *in vitro*.

METODOLOGÍA

Se realizó una evaluación preliminar con 15 extractos provenientes de plantas de la costa Caribe colombiana con el fin de determinar la actividad biológica *in vitro* (citotóxica y antiviral) en cultivos de células VERO infectadas con DENV Serotipo 2 (Cepa hemorrágica, 16681). Para cada extracto se determinó la citotoxicidad a través de la técnica colorimétrica por el ensayo de MTT. Posteriormente, se realizó una tamización general mediante el uso de diferentes concentraciones de los extractos, a través de un Cell-ELISA para evaluar la inhibición de la replicación viral, determinando los niveles de expresión de proteína viral en las células tratadas 48 h antes, durante y después de la infección.

RESULTADOS

Se evaluó la citotoxicidad de 15 extractos por la técnica cuantitativa de MTT para definir las concentraciones citotóxicas 50 (CC50) y poder evaluar la actividad antiviral en concentraciones no tóxicas para las células. En la evaluación antiviral se encontró que 5 de los 15 extractos tienen un porcentaje de inhibición de la infección mayor del 50% en la expresión de proteína viral por el método de Cell-ELISA, cuando fue adicionado antes de la infección, sugiriendo su acción en los procesos de entrada. A diferencia de cuando el tratamiento se hace posterior a la infección donde se encontró actividad antiviral en seis de los 15 extractos evaluados, esto sugiere mecanismos de acción que pueden estar relacionados con algún paso del ciclo de replicación intracelular.

CONCLUSIONES

Los extractos que se evaluaron demostraron una inhibición en la expresión de proteína viral en diferente medida y en diferentes pasos del ciclo de replicación, lo cual indica que existen diferencias en el mecanismo de acción de los diferentes extractos. Estudios en curso nos permitirán evaluar el efecto de estos extractos sobre la producción de partículas virales infecciosas, para continuar con un fraccionamiento biodirigido, en un intento por identificar sustancias bioactivas con efecto antiviral contra DENV.

PALABRAS CLAVES

Antivirales. Productos naturales. Virus dengue.

*Estudiante de Doctorado, Posgrado de Biología, Universidad de Antioquia, Colombia. †Investigador, Laboratorio de Investigaciones Fotoquímicas y Farmacológicas, IFFUC. Docente, Universidad de Cartagena. ‡Coordinadora, Unidad Ensayos Biológicos, Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Docente Facultad de Medicina Universidad de Antioquia, Colombia. §Coordinadora, Unidad de Virosis Tropicales Emergentes. Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales. PECET, Universidad de Antioquia. Docente cátedra Universidad de Antioquia.
Contacto: Marlén Martínez-Gutiérrez, mmartinezg@pecet-colombia.org

OIF-32. Comparación de la infección por virus dengue en líneas celulares de diferentes orígenes

Carolina Hernández-Castro*, Andrea I. Trujillo-Correa†, Marlén Martínez-Gutiérrez‡

INTRODUCCIÓN

El dengue es uno de los problemas de salud pública más importantes en el mundo, con una amplia distribución en países de zonas tropicales y subtropicales de Asia, Oceanía, África y las Américas. Esta enfermedad la produce el virus dengue (DENV) y se clasifica como forma leve (dengue clásico) y forma severa (dengue hemorrágico). Las investigaciones y estudios con fines diagnósticos y búsqueda de nuevas alternativas para el tratamiento de la infección con DENV involucran la utilización de un modelo celular adecuado que permita la cuantificación de la infección viral. Por tal razón, es importante comparar en líneas celulares de diferentes orígenes el grado de infección, por diferentes métodos de cuantificación viral, como genoma, proteína y partículas virales infecciosas liberadas para identificar el mejor modelo de infección; es decir, aquel en el que el virus se replique más eficientemente, pero en donde la muerte celular sea menor.

OBJETIVO GENERAL

Identificar el modelo celular más adecuado para la infección con dos cepas de DENV serotipo 2: cepa Nueva Guinea (NGC, dengue clásico) y cepa 16681 (dengue hemorrágico).

METODOLOGÍA

Cultivos celulares de las líneas VERO (fibroblastos), EA-hy926 (endoteliales), SH-SY5Y (neuronales), U937 (monocitos/macrófagos), HEP-G2 (hepáticas) y C6/36 (*Aedes albopictus*), fueron infectadas con dos cepas de referencia de DENV; una cepa derivada de un paciente con dengue clásico (Nueva Guinea, NGC) y una cepa derivada de una paciente con dengue hemorrágico (1668) a una multiplicidad de infección de 10. Después de 48 horas postinfección se procedió a recolectar los sobrenadantes para la cuantificación de genoma viral por RT-PCR en tiempo real y cuantificación de partículas virales infecciosas por plaqueo. Adicionalmente, sobre las monocapas infectadas, se realizó una técnica de viabilidad celular (MTT), se cuantificó proteína y se hizo inmunofluorescencia indirecta para cuantificar el porcentaje de células infectadas.

RESULTADOS

Al analizar la viabilidad en las líneas celulares infectadas con las dos cepas de DENV, encontramos que el virus no induce la muerte celular a las 48 horas de infección. Tampoco afectó la cantidad de proteínas totales en dichos cultivos. Al observar la proteína viral por inmunofluorescencia, encontramos que en las líneas celulares VERO, HEP-G2 y U937 la expresión de antígeno viral fue mayor. Al comparar la intensidad del marcaje, encontramos una mayor intensidad de marcaje en las células infectadas con la cepa de origen hemorrágico que con las infectadas con la cepa derivada de dengue clásico. Cuando se comparó la producción de partículas virales infecciosas y genoma viral, los resultados son similares, con mayor producción de estos en las líneas celulares infectadas con la cepa hemorrágica que con la cepa clásica.

CONCLUSIONES

Con este trabajo identificamos que los mejores modelos celulares de infección por DENV son, en su orden, VERO, HEP-G2 y U937. Estas tres líneas de diferente origen muestran un alto porcentaje de infección y un bajo porcentaje de muerte celular. Además, se muestra una mejor infección con la cepa 16681 que corresponde a una cepa de dengue hemorrágico con respecto a lo observado con la cepa NG de dengue clásico.

PALABRAS CLAVES

Líneas celulares. Replicación viral. Viabilidad celular. Virus dengue.

*Estudiante de Maestría. Posgrado de Biología. Universidad de Antioquia. Docente de cátedra Universidad de Antioquia. †Estudiante de Doctorado. Posgrado de Biología. Universidad de Antioquia. ‡Coordinadora Unidad de Virosis Tropicales Emergentes. Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia. Docente cátedra Universidad de Antioquia. Contacto; Marlén Martínez Gutiérrez, mmartinezg@pecet-colombia.org

OIF-34. Cuantificación de carga viral en sueros de pacientes infectados con virus dengue por PCR en tiempo real

Carolina Quintero-Gil*, Luis Ángel-Villar‡, Marlén Martínez-Gutiérrez‡

INTRODUCCIÓN

La incidencia de las enfermedades producidas por cualquiera de los cuatro serotipos del virus dengue (DENV) se incrementa año tras año en regiones tropicales y subtropicales. Debido a que no existe una vacuna licenciada o una terapia específica para controlar la enfermedad, el diagnóstico temprano y específico es una herramienta de vital importancia para el paciente. El diagnóstico presuntivo se basa en el cuadro clínico y el confirmatorio en pruebas celulares o serológicas. Recientemente, se empezaron a usar técnicas moleculares, entre ellas la PCR convencional y la PCR en tiempo real (RT-qPCR). Esta técnica permitiría agilizar el diagnóstico y podría ayudar a pronosticar la evolución de la enfermedad. En nuestro grupo previamente adecuamos una técnica de RT-qPCR, la cual resultó ser muy sensible y específica en sobrenadantes y células de cultivos infectados con virus de referencia.

OBJETIVO GENERAL

Validar una técnica de PCR en tiempo real para la cuantificación de DENV en sueros de pacientes infectados.

METODOLOGÍA

Las muestras se recolectaron en la ciudad de Bucaramanga, bajo consentimiento informado. Se realizó una extracción de RNA utilizando isotiocianato de guanidina. El RNA se cuantificó y, posteriormente, se llevó a cabo una retrotranscripción usando 0,5 µg de RNA como molde. Con el cDNA obtenido se realizó la RT-qPCR, utilizando *primers* específicos para cada uno de los serotipos en un equipo SmartCycler (Cepheid). Los amplificadores obtenidos se corrieron en un gel de agarosa para evidenciar las bandas específicas para cada uno de los serotipos. En paralelo se amplificaron plásmidos que contenían las regiones específicas de cada serotipo, para poder interpolar los resultados, de esta manera se obtuvo la carga viral. En todos los casos se utilizaron sobrenadantes de cultivos infectados con cada uno de los serotipos como control positivo.

RESULTADOS

Los sueros empleados para la validación de la técnica eran sueros que habían demostrado ser positivos por técnicas celulares (aislamiento viral) o inmunológicas (detección de IgM/IgG). El 90% de estos sueros fueron positivos para DENV por la técnica de PCR en tiempo real. Debido a que esta técnica no solo nos permite cuantificar la carga, sino que, adicionalmente, nos permite serotipificar la muestra, logramos identificar de manera específica los cuatro serotipos del DENV en los sueros evaluados, lo que indica la circulación constante de los cuatro serotipos en el área de Bucaramanga; y en algunos casos encontramos sueros positivos para dos serotipos simultáneamente, lo que podría indicar una coinfección, en esos pacientes, por dos serotipos virales diferentes durante una misma infección. Adicionalmente, en todos los sueros se logró cuantificar la carga viral que va desde $6,5 \times 10^3$ copias genómicas a $6,5 \times 10^9$ copias genómicas

CONCLUSIONES

La PCR cuantitativa mediante el uso de *primers* reportados previamente, es específica para cada uno de los 4 serotipos virales, lo que la convierte en una herramienta útil en el diagnóstico y la serotipificación viral. Adicionalmente, permite la cuantificación de la carga viral en sueros de pacientes infectados, lo cual constituye una herramienta que posiblemente pueda usarse como marcador pronóstico de la severidad de la enfermedad.

PALABRAS CLAVES

Carga viral. PCR en tiempo real. Serotipificación. Virus dengue.

*Estudiante de Maestría, Instituto de Biología, Universidad de Antioquia. Becaria Programa Jóvenes Investigadores, COLCIENCIAS. †Docente facultad de Salud, Universidad Industrial de Santander. ‡Coordinadora Unidad de Virusos Tropicales Emergentes, Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia. Docente cátedra Universidad de Antioquia. Contacto, Marlén Martínez Gutiérrez, mmartinezg@pecet-colombia.org

OIF-50. *Leishmania tarentolae*: utilidad como un modelo *in vitro* para la evaluación de agentes con actividad *Leishmanicida*

Viviana M. Taylor-Orozco*, David L. Cedeño†, Diana L. Muñoz-Herrera*,
Marjorie A. Jones†, Iván D. Vélez-Bernal*, Sara M. Robledo-Restrepo*

INTRODUCCIÓN

La tamización de compuestos en especies patógenas de *Leishmania* debe realizarse bajo condiciones de bioseguridad, éstas no están garantizadas por todos los laboratorios. *L. tarentolae*, parásito aislado del gecko *Tarentolae annularis*, no se considera patógeno en el humano. Los promastigotes de *L. tarentolae* han sido usados como sistemas de expresión eucariota para producción de proteínas recombinantes y amplificación de genes involucrados en resistencia a medicamentos con actividad leishmanicida. Utilizar esta especie como un modelo *in vitro* en tamización de medicamentos es importante para el trabajo de laboratorios que no cuentan con el nivel de bioseguridad requerido para trabajar con leishmanias patógenas.

OBJETIVO GENERAL

Validar el uso de *L. tarentolae* para la evaluación de medicamentos con actividad leishmanicida.

METODOLOGÍA

Se evaluaron cinco cepas de *Leishmania*: *L. panamensis*, *L. braziliensis*, *L. amazonensis*, *L. infantum* y *L. tarentolae*. Los amastigotes axénicos y promastigotes se obtuvieron por procedimientos previamente establecidos. La cinética de crecimiento se evaluó con curvas de crecimiento por recuento de parásitos durante 10 a 20 días. La capacidad infectiva en células mamíferas *in vitro* se evaluó en células U937, macrófagos peritoneales de hámster y macrófagos derivados de monocitos humanos por el método convencional de tinción con Giemsa; la concentración infectiva 50 (CI50) se calculó con el Probit. La supervivencia y replicación intracelular de *L. tarentolae* en células U937 se evaluó también con Giemsa. La sensibilidad *in vitro* a glucantime y anfotericina B de amastigotes axénicos e intracelulares de *L. panamensis*, *L. braziliensis* y *L. tarentolae* se evaluó por el método enzimático-calorimétrico MTT y Giemsa, respectivamente. Las concentraciones efectivas 50 (CE50) se calcularon por el Probit. Se evaluó, además, la capacidad de infectar hámsteres y ratones.

RESULTADOS

Las curvas de crecimiento de promastigotes y amastigotes axénicos de *L. tarentolae* difieren a las observadas para las otras especies de *Leishmania*, con una tasa de proliferación más elevada para *L. tarentolae*. La obtención de amastigotes axénicos de *L. tarentolae* fue posible, con variaciones de temperatura y pH. Se evidenció la capacidad de *L. tarentolae* para infectar la línea celular U937 y cultivos primarios de macrófagos humanos y peritoneales de hámster, con una CI50 similar para todas las especies, excepto para las U937 que mostraron una CI50 más baja; esto sugiere mayor susceptibilidad de estas células a la infección. Se observó que el número de U937 infectadas con *L. tarentolae* incrementa en función del tiempo postinfección. La sensibilidad a medicamentos de amastigotes axénicos e intracelulares de *L. tarentolae* fue similar a la que se observó en especies patógenas. No se observó, en animales infectados con *L. tarentolae*, sintomatología que se correlacionara con las manifestaciones comunes de la enfermedad.

CONCLUSIONES

Los resultados sugieren que *L. tarentolae* es un buen modelo *in vitro* para evaluaciones de actividad leishmanicida. Puesto que no produce patología en humanos, es posible utilizar esta especie en laboratorios sin el nivel de bioseguridad requerido para trabajar con *Leishmania* patógena y evaluar *in vitro* nuevos candidatos con actividad leishmanicida para luego validarlos en especies patógenas.

PALABRAS CLAVES

Actividad leishmanicida. Amastigotes axénicos. *Leishmania tarentolae*. Sensibilidad a medicamentos.

*Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. †Departamento de Química, Illinois State University, Normal, Illinois. Contacto: Sara Robledo, srobledo@guajiros.udea.edu.co

OVE-42. Valores de referencia del hemograma en caninos sanos entre 1 y 6 años de edad, Hospital Veterinario, Universidad de Antioquia, 2002-2009

*María A. Bossa-Miranda**, *Verónica Valencia-Celis**,
*Bibiana A. Carvajal-Giraldo**, *Leonardo A. Ríos-Osorio†*

INTRODUCCIÓN

Para apreciar el estado fisiológico de un animal son necesarias pruebas diagnósticas comparables con valores de referencia; estos valores varían por diversos factores y se definen con base a las características de la población. Una de estas pruebas es el hemograma; en el Hospital Veterinario de la Universidad de Antioquia, utilizan valores de referencia universales para el hemograma, lo cual constituye un problema al momento de interpretarlo, ya que los factores ambientales locales difieren de los internacionales.

OBJETIVO GENERAL

Determinar valores de referencia del hemograma en caninos sanos entre 1 y 6 años de edad, que fueron llevados a cirugía ambulatoria, revisión general, vacunación y control anual, al consultorio de Medicina Veterinaria de la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad de Antioquia, mediante la revisión de las historias clínicas de los caninos que acudieron entre los años 2002 y 2009.

METODOLOGÍA

Se utilizó el archivo de historias clínicas de caninos sanos que asistieron a cirugía ambulatoria, revisión general, vacunación, y control anual, entre los años 2002 y 2009. La información contenida en las historias clínicas se recopiló mediante el uso de una encuesta. Para el análisis se utilizó estadística paramétrica y no paramétrica.

RESULTADOS

Se establecieron intervalos de referencia para el hemograma en caninos sanos entre 1 y 6 años de edad, mediante estadística paramétrica y no paramétrica, y se encontraron diferencias estadísticamente significativas en algunos parámetros del hemograma, teniendo en cuenta variables como edad y raza de los caninos.

CONCLUSIONES

Los parámetros del hemograma se ven influenciados por condiciones fisiológicas como edad y raza de los caninos, así como por condiciones medioambientales y de nutrición, por lo que es necesario tener intervalos de referencia que concuerden con las características propias de los animales y del medio.

PALABRAS CLAVES

Caninos. Fisiológicamente sanos. Hemogramas. Medellín. Valores de referencia.

*Estudiante de Microbiología y Bioanálisis, Universidad de Antioquia. †Profesor Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Grupo de Investigación en Microbiología Veterinaria, Universidad de Antioquia. Contacto: Leonardo A. Ríos, mleonardo@udea.edu.co

OVE-45. Seroprevalencia de babesiosis bovina en La Hacienda Vegas de la Clara, Gómez Plata, Antioquia, 2008

Richard Zapata-Salas^{*†}, Natasha Lara-Ramírez[‡], Sebastián Hernández-Rendón[§], Juan D. Montoya-Giraldo[§], Armando Baena-Zapata^{||}, Julián Reyes-Vélez^{†**}, Leonardo A. Ríos-Osorio^{†||}

INTRODUCCIÓN

La babesiosis es una enfermedad hemoparasitaria causada en Suramérica por los protozoos *Babesia bovis* y *Babesia bigemina*, que son transmitidos por la garrapata *Boophilus microplus*. La epidemiología de la babesiosis se desarrolla desde el concepto de estabilidad enzoótica, un estado epidemiológico dinámico en el que se establece una relación entre la transmisión y la inmunidad. Las condiciones ambientales (temperatura, humedad y precipitación) y los factores abióticos (el manejo de tratamientos garrapaticidas) son determinantes en el ciclo del vector. Una zona se considera epidemiológicamente estable para la babesiosis bovina cuando el 75% de los bovinos entre las edades de 3 a 9 meses son serorreactivos (IgG) frente a *Babesia bovis*, *Babesia bigemina*, o ambas, y no hay evidencia de signos clínicos.

OBJETIVO GENERAL

Determinar la seroprevalencia de *Babesia bovis* y *Babesia bigemina* en ganado bovino de la hacienda Vegas de la Clara de la Universidad de Antioquia, Gómez Plata, Antioquia, a través de inmunofluorescencia indirecta.

METODOLOGÍA

Estudio descriptivo prospectivo con análisis de corte transversal. Se evaluó, en su totalidad, la población bovina de la hacienda Vegas de la Clara (n = 118). La serorreactividad en bovinos se determinó por inmunofluorescencia indirecta para la detección de anticuerpos tipo IgG específicos contra *Babesia bovis* y *Babesia bigemina*; adicionalmente, se realizó evaluación médico veterinaria. Se estimaron las prevalencias de *B. bovis* y *B. bigemina*, y la distribución de la frecuencia de las características de la muestra. La relación entre las características del ganado y la serorreactividad para *B. bovis* y *B. bigemina* se analizó mediante modelos de regresión logística, de donde se obtuvieron las razones de *odds* y valores de *p* para cada relación. Se utilizó 0,05 como nivel de significancia en todas las pruebas.

RESULTADOS

La serorreactividad para al menos una babesia fue del 89,8%, para *B. bovis* del 83,8%, mientras que para *B. bigemina* del 61%. El análisis de regresión logística reveló que no existe una relación estadísticamente significativa entre el sexo o la edad y la serorreactividad para las especies de babesia estudiadas. Se obtuvo una relación estadísticamente significativa (0,0367) entre la serorreactividad para *B. bigemina* y la frecuencia del tratamiento garrapaticida.

CONCLUSIONES

Gómez Plata es una zona endémica para la babesiosis bovina. Los niveles de serorreactividad para *B. bovis* en los tres grupos etarios indican un comportamiento epidemiológico compatible con una zona en estabilidad enzoótica para esta especie parasita. No obstante, para *B. bigemina* se encontraron unos niveles de serorreactividad en los bovinos de los tres grupos etarios indicadores de una zona inestable, resultados que se asocian con la frecuencia de baños garrapaticidas utilizados en el hato. El uso de tratamiento acaricida (amitraz al 12%), cada 37 días, interfiere con el ciclo de transmisión de *B. bigemina* y el consecuente desarrollo de inmunidad protectora en los bovinos.

PALABRAS CLAVES

Babesiosis. Baños garrapaticidas. Estabilidad enzoótica. Inmunofluorescencia indirecta.

^{*}Estudiante de Maestría en Microbiología y Bioanálisis, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. [†]Grupo de Investigación en Microbiología Veterinaria, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. [‡]Estudiante de Pregrado en Microbiología y Bioanálisis, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. [§]Microbiólogo y Bioanalista, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. ^{||}Profesor Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. ^{**}Profesor Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. Contacto: Richard Zapata-Salas, microbiolorich@gmail.com

OVE-46. Resultados preliminares de la estandarización de las técnicas papanicolau y tricromica para la coloración de protozoos ciliados en muestras de fluido ruminal

Richard Zapata-Salas*‡, Sandra L. Alzate-Uribe*‡, Paola A. Bedoya*§, Diana M. Osorno-Caro*‡, Isabel C. Martínez-Albanés*‡, Leonardo A. Ríos-Osorio*||, Lina A. Gutiérrez-Builes*||**, Diana Y. Polanco-Echeverry*||

INTRODUCCIÓN

El rumen es un ecosistema compuesto por bacterias, arqueas, bacteriófagos, hongos y protozoos. Estos últimos, representan aproximadamente el 50% de la biomasa microbiana y se encuentran constituidos por ciliados y flagelados; el grupo de los ciliados es más representativo. Los protozoos ciliados participan en el metabolismo de nutrientes presentes en la dieta de rumiantes; lo que establece, para el estudio del metabolismo ruminal, la necesidad de la caracterización de esta microbiota. Debido a la gran diversidad protozoaria, las metodologías para la caracterización son de gran importancia, ya que a través de los años el estudio de los protozoos ha mostrado características metabólicas propias de géneros y en asociación con otros protozoarios, bacterias, hongos y arqueas. Las claves taxonómicas disponibles actualmente permiten la diferenciación morfológica de géneros y de algunas especies, basadas en la morfología de estructuras como el macronúcleo, micronúcleo, zonas ciliares y placas esqueléticas. No obstante, no hay una caracterización por morfometría que permita la discriminación detallada para la caracterización de algunas especies y la identificación de variaciones morfológicas entre una misma especie. Estas condiciones limitan el análisis sobre la relación entre los protozoos y el metabolismo ruminal. Estas dificultades pueden estar relacionadas con las técnicas de coloración utilizadas comúnmente (lugol, verde brillante y azul de metileno), ya que son coloraciones monocromáticas en fresco que pueden generar dificultades en la diferenciación y descripción de las estructuras internas en la misma placa, dando lugar a sesgos en la caracterización. Por tal motivo, las coloraciones de Papanicolaou y Tricrómica de Gomori, por sus características policromáticas, podrían permitir una caracterización más detallada.

OBJETIVO GENERAL

Estandarizar las coloraciones de Papanicolaou y tricrómica de Gomori modificada para muestras de fluido ruminal de bovinos

METODOLOGÍA

Estudio observacional descriptivo. Se evaluaron muestras de fluido ruminal sin conservar y conservadas con formaldehído. Se organizaron tratamientos de la muestra, estableciendo tiempos variables para la exposición a colorantes, alcoholes, fijado e hidratación. Como procesos nuevos dentro de la coloración de Papanicolaou se ensayó la exposición a lugol y a alcohol ácido.

RESULTADOS

En los resultados preliminares del estudio se observaron diferencias entre los tratamientos en muestras preservadas y sin preservar con formaldehído y muestras preservadas con formalina. Cuando se utilizaron altas concentraciones de alcoholes y tiempos prolongados en los lavados de colorantes, los cilios no se observaron. La afinidad tintorial difiere entre los órdenes vestibuliferida y entodionomorphida; además, hay variación entre la coloración obtenida en algunos protozoarios del orden Vestibuliferida. La inclusión de lugol en la coloración de Papanicolaou permite la caracterización de las placas esqueléticas. Las muestras tratadas con formalina al 10% no presentan células crenadas, independientemente de la coloración utilizada, mientras que en las muestras preservadas con formaldehído se observan células crenadas o con estructuras, tales como las placas esqueléticas lisadas.

CONCLUSIONES

La conservación con formalina permite la mejor conservación de estructuras; sin embargo, es necesario realizar ensayos adicionales. La inclusión de lugol es de gran utilidad para diferenciar las placas esqueléticas, estructuras importantes en la caracterización de entodionomorfos. Son necesarios más tratamientos para encontrar los tiempos en los que se obtenga una coloración homogénea de las estructuras protozoarias.

PALABRAS CLAVES

Caracterización morfométrica. Coloración de Papanicolaou. Coloración tricrómica. Protozoos ruminales.

*Grupo de Investigación en Microbiología Veterinaria, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. †Estudiante de Maestría en Microbiología y Bioanálisis, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. ‡Estudiante de Pregrado en Microbiología Industrial y Ambiental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. §Estudiante de Pregrado en Microbiología y Bioanálisis, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. ||Profesor Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. **Coordinadora Grupo de Investigación en Microbiología Veterinaria, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia.
Contacto: Richard Zapata Salas, microbiolorich@gmail.com

OVE-52. Frecuencia de parásitos intestinales en fauna exótica y silvestre del zoológico Santa Fe, Medellín, Colombia

Nelfi Oyola*, Richard Zapata-Salas†, Giovanni A. Torres-Lindarte‡,
Leonardo A. Ríos-Osorio§, Mario A. Zapata-Tamayo ||

INTRODUCCIÓN

En los últimos años, la aparición de animales silvestres en lugares como zoológicos y parques ecológicos se ha hecho común. Estas condiciones de cautiverio pueden contribuir a la aparición de enfermedades infecciosas en la fauna silvestre, en donde los parásitos generan un gran impacto en el bienestar de tortugas, serpientes, cocodrilos, caimanes e iguanas, entre otros animales. La susceptibilidad a la infección por parásitos y el desarrollo de signos clínicos se asocia con el estado nutricional del hospedero, la edad, la carga parasitaria y la disponibilidad de hospederos intermediarios. En animales en cautiverio, el estrés, los cambios bruscos de temperatura y las condiciones de higiene del medio, son los principales factores predisponentes, más aún, la introducción de especies salvajes incorporadas sin un proceso de cuarentena y evaluación microbiológica pueden desencadenar brotes, al igual que animales del zoológico enfermos, que pueden representar un factor de riesgo para los demás animales, con potencial zoonótico.

OBJETIVO GENERAL

Determinar la frecuencia de parásitos intestinales en fauna exótica y silvestre del zoológico Santa Fe, Medellín, Colombia.

METODOLOGÍA

Se realizó una investigación descriptiva retrospectiva de los datos de los libros de archivo del laboratorio de veterinaria del Zoológico Santa Fe de la ciudad de Medellín, el período evaluado comprendió tres años (2007, 2008 y 2009), las muestras de materia fecal provenían de ejemplares individuales o de *pool* de materia fecal de varios ejemplares de una sola especie. La evaluación parasitológica se realizó por microscopía óptica.

RESULTADOS

En total, durante los tres años analizados, fueron procesadas 848 muestras de materia fecal correspondientes a especies de las clases *mamalia* (72,5%), aves (24,3%), *amphibia* (2,1) y *reptilia* (1,1%); el porcentaje más alto de positividad se halló en la clase *mamalia* (22,8%) con más de 30 especies diferentes de animales comprometidas; en aves (4,8%) con más de cinco especies diferentes de animales comprometidas. La tendencia de positividad en las diferentes especies de animales fue constante durante los tres años evaluados. La positividad en materias fecales de especies de la clase *mamalia* estuvo representada principalmente por parásitos intestinales de los *filum metamonada* (43,4%) y *nematoda* (40,4%); en una menor frecuencia se presentaron parásitos intestinales de los *filum amoebozoa*, *ciliophora*, *coccidias* y *plathelminthe*. En las Aves, la positividad fue mayor por parásitos intestinales de los *filum nematoda* (66,2%), *coccidias* (21,4%) y *metamonada* (15,1%).

En la clase *mamalia* los géneros de especie de parásitos intestinales más comúnmente reportados fueron: *Giardia* sp., *Trichomona* sp., *Balantidium* sp., *Ancylostoma* sp., *Strongyloides* sp., *Toxocara* sp., *Trichostrongylus* sp. y *Uncinaria* sp. En la clase aves los géneros de especie de parásitos intestinales más comúnmente reportados fueron: *Trichomonas* sp., *Ascaridia* sp. y *Capilaria* sp. En el estudio se evidenciaron reportes genéricos de parásitos intestinales en las clases *mamalia*, aves y *amphibia*, donde la evidencia morfológica por microscopía óptica no permitía determinar claramente el género de los parásitos intestinales encontrados en las muestras de materia fecal.

CONCLUSIONES

El estudio parasitológico de los diversos ejemplares de animales evaluados en el laboratorio veterinario del Zoológico Santa Fe, evidencia la presencia de una multiplicidad de parásitos intestinales, con una mayor frecuencia de presentación de parásitos del *filum nematoda* en las clases *mamalia* y Aves; esta situación de diagnóstico evidenciada en este estudio, muestra la necesidad de estudios más profundos en los ejemplares del Zoológico, donde se realicen análisis clínicos más frecuentes y de mayor fortaleza técnica y científica, dado que algunos de estos parásitos reportados pueden ser fuentes de posibles zoonosis

PALABRAS CLAVES

Fauna. Parásitos intestinales. Zoológico.

*Bacterióloga y Laboratorista Clínica, Laboratorio Veterinario Zoológico Santa Fe, Medellín, Antioquia. †Bacteriólogo y Laboratorista Clínico, Estudiante de Maestría en Microbiología. Grupo de Investigación Microbiología Veterinaria, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. ‡Bacteriólogo y Laboratorista Clínico, Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Estudiante de Maestría en Microbiología, Universidad de Antioquia. §Bacteriólogo y Laboratorista Clínico, Especialista Ciencias Básicas Biomédicas. PhD en Sostenibilidad. Grupo de Investigación Microbiología Veterinaria, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. ||Bacteriólogo y Laboratorista Clínico, Epidemiólogo, MSc. Ciencias Básicas Biomédicas. Contacto: Mario Zapata Tamayo, mzapataudea@gmail.com