

Variabilidad genética de seis poblaciones de *Aedes aegypti* de Medellín (Antioquia), Colombia

Jorge Mario Cadavid¹, Winston Rojas²

¹ Estudiante de Maestría Ciencias Básicas Biomédica

² Profesor, Grupo GEnMol, Universidad de Antioquia. Medellín (Antioquia), Colombia.

Financiación: Este proyecto es financiado por el Grupo de Entomología Médica de la Universidad de Antioquia. Medellín (Antioquia), Colombia.

La dispersión de una población de mosquitos implica el movimiento de sus individuos, así también su reproducción en un sitio diferente al de su origen. Si el transporte pasivo influye en la dispersión de *Aedes aegypti*, puede estar haciéndolo a través de diferentes estados de desarrollo y en forma uni o bidireccional entre dos sitios. Conocer la variación genética intra e inter poblacional en esta especie permite entender la dinámica de dispersión de sus poblaciones y el impacto sobre la epidemiología de la enfermedad que transmite. Esta variabilidad puede ser a escala micro y macrogeográfica para evaluar la estructura genética y el flujo génico, información que es interpretada en términos de la distancia, dirección y tasa de dispersión. Con este trabajo se propuso comparar la variación genética intra e inter grupal por medio de secuencias que codifican para el gen COI mitocondrial (**COI mtDNA**) entre subpoblaciones microgeográficas de *Ae. aegypti* de la ciudad de Medellín (Antioquia), Colombia: Belén Rincón (n = 12), Caicedo (n = 30), El Poblado (n = 16), El Velódromo (n = 35), Santa Cruz (n = 19), Tejelo (n = 16) y una muestra de Urabá (n = 46). En una región COI mtDNA de 902 pb se definieron 26 haplotipos; tres haplotipos de alta frecuencia (73% del total) y dispersos en todos los grupos sugieren alto flujo génico entre las subpoblaciones. Una alta diferenciación entre haplotipos (12,9 diferencias \pm 65,8) sumada a la coexistencia de tres haplogrupos divergentes en simpatria sugiere un área de contacto secundario entre poblaciones previamente divergentes.

Estandarización y validación de una PCR multiplex para el diagnóstico de *Mycoplasma pneumoniae*, *Chlamydomphila pneumoniae* y *Legionella pneumophila* en pacientes con neumonía adquirida en la comunidad (NAC) que requiere hospitalización

Mariana Herrera-Díaz^{1,3}, Yudy Aguilar-Pérez¹, Zulma Rueda-Vallejo¹, Lázaro A Vélez-G^{1,2}

¹ Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas (GRIFE), Universidad de Antioquia. Medellín (Antioquia), Colombia.

² Sesión de Enfermedades Infecciosas, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia. Medellín (Antioquia), Colombia.

³ Correo electrónico: <marianah8@hotmail.com>.

Financiación: Fundación Rodrigo Arroyave y Fundación Investigando en Salud y Enfermedades Infecciosas.

Un estudio previo en Medellín (Antioquia), Colombia, demostró evidencia de infección reciente por bacterias atípicas en aproximadamente 24% de los pacientes adultos hospitalizados con neumonía adquirida en la comunidad (NAC) (*Legionella pneumophila* 1,9%, *Chlamydia pneumoniae* 8,7% y *Mycoplasma pneumoniae* 13,8%). Esta investigación buscó estandarizar localmente una PCR casera para el diagnóstico de la NAC causada por una cualquiera de estas bacterias atípicas, en una sola reacción, con el fin de proporcionar un diagnóstico confiable y oportuno que facilite el tratamiento específico del germen involucrado. Para estandarizar la PCR se utilizó ADN de las bacterias y cebadores previamente registrados en la literatura, los cuales amplifican el gen de la citoadhesina *p1* de *M. pneumoniae*, el gen potencializador de la infección de macrófagos (*mip1*) de *L. pneumophila* y el gen *PstI* de *C. pneumoniae*. Se estandarizaron la temperatura de alineamiento, tipo de buffer utilizado, concentración de cebadores y de Taq polimerasa. La reacción final de la PCR multiplex contiene 2 µl de ADN, y una concentración final 2,5 mM de MgCl₂, 1 µM de cada uno de los cebadores y 0,05 U/µl de Taq polimerasa en un volumen total de 25 µl. Se utilizó un control negativo en cada reacción de PCR. El revelado de los productos de la PCR se efectuó por electroforesis en gel de agarosa al 2% corridos a 70 V/1h, teñidos con EZ-VISION®. Se realizaron pruebas de sensibilidad analítica utilizando diluciones seriadas de plásmidos conteniendo el inserto de interés, y pruebas de especificidad analítica utilizando ADN de 11 patógenos respiratorios (8 especies bacterianas y 3 hongos). Para la validación de la prueba, se utilizarán 80 muestras de aspirado nasofaríngeo conservadas a -80 °C, y 100 muestras de hisopado nasofaríngeo recolectadas prospectivamente en personas con y sin diagnóstico de NAC, evaluadas conjuntamente con serología pareada para cada una de las bacterias estudiadas, y antígeno urinario para *L. pneumophila* serogrupo 1.

Equivalencia farmacéutica, eficacia in vitro e in vivo y desarrollo de resistencia del innovador y cinco productos genéricos de ciprofloxacina frente a *Pseudomonas aeruginosa*

Carlos A Rodríguez J^{1, 2, 3}, María Agudelo^{1, 2}, Omar Vesga^{1, 3, 4}

¹ Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas (GRIPE).

² Estudiante de doctorado en Ciencias Básicas Biomédicas (CCBB), Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia. Medellín (Antioquia), Colombia.

³ Departamento de Farmacología y Toxicología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia. Medellín (Antioquia), Colombia.

⁴ Departamento de Medicina Interna, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia. Medellín (Antioquia), Colombia.

Financiación: Proyecto financiado por el CODI, la Facultad de Medicina de la Universidad de Antioquia y la Fundación Científica Rodrigo Vesga Meneses. Los experimentos de fibra hueca (*hollow fiber*) fueron realizados en el laboratorio del Dr. George Drusano en *Ordway Research Institute* (Albany, NY).

Introducción. Estudios previos de Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas (GRIPE, UdeA) han demostrado que la equivalencia farmacéutica de los antibióticos genéricos no garantiza la equivalencia terapéutica de los mismos y en el caso de vancomicina, productos