

# V Simposio en Medicina Tropical: “Epidemiología molecular aplicada a enfermedades infecciosas y tropicales”

Nora Cardona-Castro. M.D., MSc., PhD. Instituto Colombiano de Medicina Tropical – Facultad de Medicina – Escuela de Graduados - Universidad CES.

Esta es la quinta versión del Simposio en Medicina Tropical que se viene realizando desde el año 2012 y fue realizado el pasado 9 de mayo del presente año. En simposios anteriores se han tratado temas de investigación y de actualización en dermatología tropical, neuropatología tropical y síndrome febril tropical, este último replicado en la ciudad de Ibagué. Como parte de su quehacer académico, el Instituto Colombiano de Medicina Tropical ha venido liderando esta actividad y este año lo ha hecho con la Facultad de Medicina de la Universidad CES y su Escuela de Graduados.

Comparte

En este simposio se evidenció la importancia del uso de las herramientas moleculares que pueden aplicarse a algunos problemas epidemiológicos, tales como la identificación de población en riesgo, el conocimiento del origen de la enfermedad, el comportamiento de la transmisión, la detección de cambios del agente infeccioso, la resistencia a antibióticos y el aporte que estas herramientas ofrecen a los programas de salud pública para la prevención, control y tratamiento de las enfermedades de origen infeccioso y tropical.

En este número de *CES Medicina* se publican los resúmenes de las conferencias y los pósteres presentados en este simposio. Continuaremos con la labor de difundir la investigación en temas que afectan a nuestras poblaciones que viven en zonas tropicales.



# Resúmenes de ponencias

## Epidemiología molecular como herramienta para determinar las dinámicas de transmisión en tuberculosis

Jaime Robledo R.<sup>1</sup>

### Forma de citar

Robledo J. Epidemiología molecular como herramienta para determinar las dinámicas de transmisión en tuberculosis. Resumen de ponencia del V Simposio de Medicina Tropical ICMT-CES. Rev CES Med 2018; 32(2): 179.

### Sobre el autor

<sup>1</sup> MD, PhD. Corporación para Investigaciones Biológicas-Universidad Pontificia Bolivariana.

La tuberculosis es la infección con mayor mortalidad en los últimos 200 años (mil millones de muertes) y está entre las 10 primeras causas de muerte global con 1,3 millones/año. Situación que puede explicarse parcialmente por adaptación y coevolución de *M. tuberculosis* a su único hospedero humano.

Siete linajes descritos de *M. tuberculosis* se diseminaron por migración y viajes, tres de ellos "modernos" (de reciente diseminación) y dominantes como causa mundial de tuberculosis. Las herramientas de la epidemiología molecular permiten identificar su capacidad de adaptación, de causar infección-enfermedad, "fitness", transmisibilidad, y pueden ser aplicadas para entender las dinámicas de transmisión, los determinantes genómicos e identificar brotes de transmisión.

Determinamos la estructura poblacional de *M. tuberculosis* en 450 aislamientos colombianos de pacientes con tuberculosis pulmonar. El linaje 4 dominó con sus sublinajes LAM y Haarlem. Secuenciamos el genoma total de aislamientos prevalentes y no prevalentes para explicar contrastes entre aislamientos que compartían condiciones epidemiológicas (lugar, espacio). Cuando se usó el criterio de presencia y ausencia de genes y de 3523 SNPs, los árboles filogenéticos resultantes separaron aislamientos prevalentes y no prevalentes. La asociación del genoma completo con prevalencia identificó 10 genes que determinarán relación epidemiológica.

Estudiamos la dinámica de transmisión de *M. tuberculosis* multi-resistentes (TB-MDR) en aislamientos de Medellín (2010-2016), usando MIRUs-VNTR (*Mycobacterial Interspersed Repetitive Units-variable number of tandem repeats*), 60 % de aislamientos se organizaron en 12 agrupamientos por similaridad y 40 % mostraron patrones de agrupamiento únicos: 32,7 % son sublinaje LAM y 50,9 % Haarlem, este último con mayor proporción de resistencia extendida. El análisis de aislamientos repetidos en un mismo paciente mostró posible evento de re-infección. Aunque el agrupamiento sugiere una transmisión activa de *M. tuberculosis* multi-resistentes, la georreferenciación de los aislamientos no mostró una cercanía entre agrupamientos similares, lo que sugiere eventos de transmisión que necesitan ser identificados para mejorar efectividad de acciones en el control de la enfermedad en Medellín.

## Aplicaciones de la epidemiología molecular para el conocimiento de ciclos de transmisión de *Trypanosoma cruzi* y focalización de acciones de control de vectores de la enfermedad de Chagas

Gabriel Jaime Parra-Henao<sup>1</sup>

**Forma de citar:** Parra-Henao GJ. Aplicaciones de la epidemiología molecular para el conocimiento de ciclos de transmisión de *Trypanosoma cruzi* y focalización de acciones de control de vectores de la enfermedad de Chagas. Resumen de ponencia del V Simposio de Medicina Tropical ICMT-CES. Rev CES Med 2018; 32(2): 180.

### Sobre el autor

<sup>1</sup>Biólogo. MSc. PhD. Investigador Director Centro de Investigación en Salud para el Trópico, Santa Marta. Escuela de Graduados Universidad CES.

*Triatoma dimidiata* existe en 14 departamentos colombianos y ocupa diferentes ecotopos naturales y artificiales. Existe poca información de su ecología, índices entomológicos, infestación domiciliaria, dinámica poblacional y capacidad vectorial. Recolectamos *T. dimidiata* en Sierra Nevada de Santa Marta, depresión momposina, Golfo de Urabá y región Andina: montañas santandereanas-boyacenses, valle medio y alto del río Magdalena.

Determinamos infestación intradomiciliaria en 8,8 % de viviendas e infestación peridomiciliaria en 6,3 %. Los índices más altos de infestación domiciliaria se hallaron en la región oriental, Magdalena medio y montañas santandereanas-boyacenses. Allí, el índice de colonización de viviendas fluctuó entre 7,5 % y 22 % y el índice de dispersión entre 75-100 %. En Huila, el índice de infestación domiciliaria fluctuó entre 9 % y 54 %, el índice de colonización fue cero. En llanuras del Caribe (Sucre y Bolívar) no se halló infestación domiciliaria, pero sí en hábitats de palmas (*Attalea butyracea*); igual situación en la vertiente occidental de Sierra Nevada de Santa Marta. Datos de geo-referenciación de 470 localidades con *T. dimidiata* se procesaron en ArcGIS 9.3. Se obtuvieron imágenes de satélite del sensor AVHRR. El análisis espacial modeló la distribución de *T. dimidiata* en función de las variables biofísicas mediante regresión logística. El modelo retuvo variables del índice de vegetación máxima, temperatura mínima y elevación digital, como las que explican la presencia de *T. dimidiata*.

Existen dos poblaciones geográficas de *T. dimidiata* en Colombia: una en las estribaciones de la cordillera oriental (población que se domicilia de importancia epidemiológica) y otra al occidente, Sabanas del Caribe y Sierra Nevada de Santa Marta (población que habita en palmas y no tiene tendencia a la domiciliación). Las acciones de control y vigilancia entomológica deben focalizarse en el oriente del país que presentan poblaciones domésticas, peridomésticas y silvestres viviendo en simpatria.

## Conocimiento del origen y dispersión de la lepra a través de la evaluación de la composición genética del humano y de *Mycobacterium leprae*

Nora Cardona-Castro<sup>1</sup>

**Forma de citar:** Cardona-Castro N. Conocimiento del origen y dispersión de la lepra a través de la evaluación de la composición genética del humano y de *Mycobacterium leprae*. Resumen de ponencia del V Simposio de Medicina Tropical ICMT-CES. Rev CES Med 2018; 32(2): 181.

### Sobre el autor

<sup>1</sup>M.D., MSc., PhD. Instituto Colombiano de Medicina Tropical – Facultad de Medicina – Escuela de Graduados – Universidad CES.

La secuenciación completa del genoma de *M. leprae*, lograda en el año 2000, estableció que, evolutivamente, *M. leprae* perdió el 40 % del genoma con respecto a *M. tuberculosis*. Se comparó información genética en aislados de varias regiones del mundo, se dilucidó el origen africano de la enfermedad y qué migraciones humanas la expandieron a Asia y Europa. Hasta hoy se cree que la lepra no existía en América antes de la llegada de europeos y africanos.

Usando marcadores genéticos de *M. leprae* variables con origen geográfico, encontramos que Colombia tiene *M. leprae* de origen africano distribuida en la región Atlántica y de origen europeo en pacientes de la región Andina. Estos datos concuerdan con la composición genética ancestral de las poblaciones de la región Atlántica (mayor componente africano) y de la región Andina (mayor componente europeo),  $p < 0,005$ . Los datos genéticos de bacterias y humanos, corresponden a las características de colonización de Colombia.

Los casos nuevos en Colombia (300-500 por año) y los reportados en el mundo (232 000 en 2017) evidencian transmisión activa. Determinar reservorios de la bacteria que pueden estar relacionados con la transmisión es de importancia para lograr la erradicación. Las herramientas moleculares han ayudado a establecer reservorios de *M. leprae*, pacientes bacilíferos no diagnosticados y convivientes asintomáticos portadores. Comprobamos, a través de la genotipificación bacteriana, que existe transmisión de la misma bacteria entre grupos familiares. El armadillo de nueve bandas (*Dasypus novemcinctus*) puede ser portador de la misma bacteria que causa la enfermedad en humanos.

La lepra es una enfermedad compleja, gobernada por una herencia poligénica o un efecto aditivo de múltiples genes, cada uno con un modesto efecto en el fenotipo infeccioso, de ahí que del 5 al 10 % de las personas infectadas con la bacteria desarrollará la enfermedad.

## Importancia de la epidemiología molecular en la evaluación de la severidad del dengue

Bertha Nelly Restrepo<sup>1</sup>

**Forma de citar:** Restrepo BN. Importancia de la epidemiología molecular en la evaluación de la severidad del dengue. Resumen de ponencia del V Simposio de Medicina Tropical ICMT-CES. Rev CES Med 2018; 32(2): 182.

### Sobre el autor

<sup>1</sup>Médica. Especialista y Magíster en Epidemiología. Investigadora Instituto Colombiano de Medicina Tropical.

El espectro clínico del dengue varía desde formas indiferenciadas a severas caracterizada por presencia de choque, derrames serosos, hemorragias y daño a órganos que pueden ser letales. Se propusieron varios mecanismos para explicar las formas severas, relacionados con el huésped. Realizamos un estudio para comparar características clínicas y niveles en suero de TNF-alfa, IL-6 e IFN-gama entre pacientes con dengue, mestizos y afro-descendientes. El grupo étnico se definió mediante características morfológicas. Se observó mayor severidad clínica en mestizos que en afro-descendientes. Los niveles de TNF-alfa fueron más elevados en afro-colombianos en dengue y dengue hemorrágico. Los niveles de IL-6 fueron más elevados en mestizos que en afro-colombianos en casos de dengue y más elevados en afro-colombianos con dengue hemorrágico. IFN-gama fue similar en ambos grupos. Comparamos la evolución clínica del dengue entre los mismos grupos, pero definidos mediante marcadores de ancestría, el cual mostró que el componente genético africano confiere protección para dengue hemorrágico (OR=0,496; ICI95 %= 0,27-0,90).

Otro estudio se hizo para evaluar la asociación de las variantes en los genes TNFA, IL6 e IFNG con la severidad del dengue. Se observó que el alelo "A" en la región del SNPs rs2069843 del gen IL6 tuvo una frecuencia elevada en dengue hemorrágico. También se observó asociación del genotipo G/A a dengue hemorrágico, independiente del componente ancestral. En conclusión, la ancestría africana confiere protección frente a las formas severas del dengue, pero hay otras variables genéticas que están determinando la respuesta diferencial a la infección por dengue independiente de la ancestría que requieren ser estudiadas.

## Microbioma y proteoma como herramientas epidemiológicas en cáncer de páncreas

Ariel Arteta-Cueto<sup>1</sup>

**Forma de citar:** Arteta-Cueto A. Microbioma y proteoma como herramientas epidemiológicas en cáncer de páncreas. Resumen de ponencia del V Simposio de Medicina Tropical ICMT-CES. Rev CES Med 2018; 32(2): 183.

### Sobre el autor

<sup>1</sup>Médico Patólogo. Estudiante de Doctorado en Ciencias de la Salud – Escuela de Graduados - Universidad CES.

Sobre la piel y las superficies mucosas de los seres humanos conviven millones de microorganismos agrupados en complejas comunidades biológicas (microbiota), que en número y en genes funcionales representan más que todas las células humanas. La mayoría de estos microorganismos son bacterias y cerca del 95 % se localizan en el tracto gastrointestinal. La fisiopatología de la interacción bacteria-epitelio en el tracto gastrointestinal, ha asociado el adenocarcinoma gástrico de tipo intestinal y *Helicobacter pylori*. El microambiente del tracto biliar es un campo promisorio de investigación en busca de factores proteómicos (proteoma) o bacterianos (microbiota) que expliquen la carcinogénesis o permitan detectar poblaciones en alto riesgo de desarrollo de esta enfermedad.

Las neoplasias malignas son la segunda causa de muerte en el mundo, por lo que es fundamental el desarrollo de intervenciones que reduzcan la carga de esta enfermedad. Una de las más exitosas intervenciones ha sido la erradicación del *Helicobacter pylori* en poblaciones de alto riesgo y la disminución en la incidencia de carcinomas gástricos, por lo que la identificación de agentes infecciosos relacionados con neoplasia es una forma potencial de prevención.

Las bacterias como carcinógenos estimulan un microambiente inflamatorio. En este ambiente, la excesiva producción de citoquinas y quimioquinas que dañan el DNA, favorece la proliferación autónoma y la producción de toxinas con demostrada actividad genotóxica, constituyen la tormenta de péptidos y proteínas que explicarían su participación en la carcinogénesis. El adenocarcinoma ductal de páncreas es una neoplasia agresiva con mala respuesta a la quimioterapia y mortalidad 70-80 % en el primer año; no existen pruebas de tamizaje para este tipo de cáncer. Los factores de riesgo hasta ahora descritos no tiene una fuerte asociación etiológica con la enfermedad.

## Ecoepidemiología de la leptospirosis en Apartadó

Janeth Pérez<sup>1</sup>, Piedad Agudelo-Florez<sup>2</sup>

**Forma de citar:** Pérez J, Agudelo-Florez P. Ecoepidemiología de la leptospirosis en Apartadó. Resumen de ponencia del V Simposio de Medicina Tropical ICMT-CES. Rev CES Med 2018; 32(2): 184.

### Sobre los autores

<sup>1</sup>Médica Veterinaria. Estudiante de Doctorado en Epidemiología - Escuela de Graduados - Universidad CES.

<sup>2</sup>PhD. Escuela de graduados. Universidad CES.

*Leptospira* se ubica en los túbulos renales de mamíferos y es excretada al ambiente a través de la orina, contaminando fuentes de agua. La enfermedad es endémica en el municipio de Apartadó cuya incidencia en 2016 fue 10,3 por cada 100 000 habitantes. El objetivo fue explorar la ecoepidemiología molecular de leptospirosis, abordada desde el humano, los animales y fuentes de agua en sus viviendas. Estudio transversal de 100 casos de pacientes diagnosticados por reacción en cadena de polimerasa. Se realizó visita domiciliaria y se tomaron muestras de animales y agua. Se ejecutaron pruebas de  $X^2$ , análisis espacial de buffer y clúster para determinar significancia estadística (valor  $p < 0,05$ ). La positividad en humanos fue del 37 %, y una letalidad del 3,1 %. Estos fueron en mayor proporción hombres (54,1 %) y en mayores de 19 años (56,8 %). La enfermedad fue más frecuente en personas sin vínculo laboral formal (RP= 1,5; IC95 %= 1,08-1,96); también, en quienes no disponen de agua potable dentro de la vivienda (RP= 1,65; IC95 %= 1,05-2,59) y con agua de consumo no de acueducto (RP= 1,65; IC95 %= 1,07-2,55). La positividad en animales fue 40,5 % (roedores 40,7 %, caninos 24,7 %, felinos 19,8 % y murciélagos 12,3 %); y la proporción de agua positiva fue 55,81 %. Mediante análisis espacial se identificaron zonas potenciales de inundación y clúster de casos en humanos y animales ( $p < 0,05$ ). Las genoespecies identificadas en humanos correspondieron con *L. santarosai*; en roedores *L. interrogans* y en quirópteros *L. interrogans*, *L. noguchi* y *L. borgpeterseni*.

Es necesario focalizar poblaciones no laborales formalmente, en las fuentes de agua intradomiciliarias, y el estudio de potenciales reservorios animales no clásicos en Colombia, como felinos y murciélagos. Las genoespecies circulantes sugieren fuentes de infección no exploradas y la necesidad de continuar usando herramientas moleculares.

# Pósteres

## Características sociodemográficas, ambientales y estado de parasitosis intestinal en niños del corregimiento el Cedro-Ayapel, Colombia, 2017

Daniel Vásquez-Botero<sup>1</sup>, Sara Atehortúa-Salazar<sup>1</sup>, Simón Correa-Sierra<sup>1</sup>, David Alejandro Gaviria<sup>1</sup>, Pedro Juan Saldarriaga-Muñoz<sup>1</sup>, Katherine Drews-Elger<sup>1</sup>, Nora Cardona-Castro<sup>2</sup>; Marcela Valencia-Franco<sup>3</sup>

**Forma de citar:** Vásquez-Botero D, Atehortúa-Salazar S, Correa-Sierra S, Gaviria DA, Saldarriaga Muñoz PJ, Drews-Elger K, et al. Características sociodemográficas, ambientales y estado de parasitosis intestinal en niños del corregimiento el Cedro-Ayapel, Colombia, 2017. Póster del V Simposio de Medicina Tropical ICMT-CES. Rev CES Med 2018; 32(2): 185.

### Sobre los autores

<sup>1</sup>Estudiante pregrado de Medicina; Universidad CES, Medellín, Colombia.

<sup>2</sup>Investigadora Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Facultad de Medicina, Escuela de Graduados – Universidad CES, Medellín, Colombia.

<sup>3</sup>Docente Facultad de Medicina Universidad CES, Medellín, Colombia.

**Introducción:** un porcentaje significativo de la población colombiana está infectada con algún parásito intestinal. Las comunidades con mayor riesgo son las que habitan zonas rurales, en las que no son adecuadas las condiciones del agua y la disposición de excretas. La incidencia y gravedad de la infección están asociadas a pobres hábitos de higiene personal y colectiva, y son, además, causa importante de morbilidad y mortalidad. **Objetivo:** determinar el perfil parasitológico intestinal en menores de 10 años del corregimiento El Cedro (departamento de Córdoba) y describir sus condiciones sociodemográficas, para hacer intervención y seguimiento a los niños y sus familias. **Metodología:** estudio descriptivo transversal, cuantitativo, con autorización del comité de ética de la Universidad CES, con una muestra a conveniencia tomada en familias voluntarias con niños menores de 10 años y sus cuidadores. Se aplicó la *Encuesta nacional de parasitismo intestinal en población escolar* del Ministerio de Salud y Protección Social de Colombia y se recolectaron muestras coprológicas de uno de los niños de cada grupo familiar. Los datos fueron tabulados y analizados en Excel. **Resultados:** participaron 52 menores, de los cuales 59,6 % eran hombres. De las 52 viviendas, el 48,1 % tenían suelo de tierra, 50 % tenían cerca un basurero y 88 % presentaban insectos o roedores. De las 52 familias, el 73,1 % tenían ingresos mensuales menores a \$85 USD, 54 % convivía con cerdos y 51,9 % tomaban el agua para cocinar de un pozo con bomba. En 59,6 % de las muestras coprológicas se identificó al menos un parásito y el 57 % de estas presentó infección multiparasitaria, siendo en orden de prevalencia: *T. Trichura*, *G. Intestinalis*, *A. lumbricoides*, *B. Hominis*, *E. Nana* y quistes de entamoeba y uncinarias. **Discusión:** las características socioeconómicas y ambientales a las cuales están expuestos los niños de El Cedro se asocian a condiciones de riesgo de parasitosis intestinal. Aunque la desparasitación farmacológica y educación para mejorar hábitos de higiene son procesos en marcha, un impacto mayor y duradero se lograría con cambios sustantivos en sus determinantes sociales.

**Palabras clave:** Enfermedades parasitarias; Pobreza; Helmintiasis; Infección por protozoos.

## Integration between bioinformatics and quantum mechanics for understanding the type I nitro reductase of *Trypanosome cruzi* and its resistance to nitro type antiparasitic drugs

Pedronel Araque-Marín<sup>1</sup>, Alejandro Soto-Ospina<sup>2</sup>

**Forma de citar:** Araque-Marín P, Soto-Ospina A. Integration between bioinformatics and quantum mechanics for understanding the type I nitro reductase of *Trypanosome cruzi* and its resistance to nitro type antiparasitic drugs. Póster del V Simposio de Medicina Tropical ICMT-CES. Rev CES Med 2018; 32(2): 186.

### Sobre los autores

<sup>1</sup>Group Research and Innovation in Chemical Formulations, Basic Sciences Department, University EIA, Envigado, Colombia.

<sup>2</sup>Group Neuroscience of Antioquia, Faculty of Medicine, University of Antioquia, Medellín, Colombia.

**Introduction:** Chagas disease is an endemic infectious found in a large part of Latin America. The disease is characterized for being originated from the parasite *Trypanosome cruzi*. The standard treatment method consists of in taking drugs such as; benzimidazole and nifurtimox, targeting the type I nitroreductase (NTR) responsible to docks the coenzyme flavin mononucleotide (FMN). **Objective:** The type I NTR does not have a crystallized structure for *T.cruzi* and for this reason a hypothetical model was constructed based on homology and a template of NTR *E.coli* for the wildtype. **Methodology:** In the case of mutations Pro45Leu, the structure predictor's software for bioinformatics were implemented. Furthermore, the site of the mutation and the catalytic region of the enzyme were characterized by quantum mechanics and compared with bioinformatics results. The structural prediction model was made on the basis of the I-TASSER and Phyre2 software's and the best model of the two files was refined from Modrefiner and Fragment guided molecular dynamic (FG-MD). The alignments between the two enzymes were obtained by utilizing the software Jalview with the tool T-Coffee 2.0, Clustal X and Chimera U.C.S.F. Through this alignment, the mutation in the strains was evaluate. Quantum mechanical calculations were made through semi-empirical method AustinModel 1 with a Spartan 14 software. **Results:** Preliminary alignment the *E. coli* NTR with the *T. cruzi* NTR was made with a good grade of similarity for the functional domains that share equivalent FMN cofactor anchored. The alignments of the mutations Pro45Leu on *T. cruzi* NTR did not exhibit differences regarding the tertiary structure of the protein. However, the analysis of this mutation performed with quantum mechanics presented conformational differences regarding changes on angle and distances between the amino acids that anchored to the active site of the FMN coenzyme and NTR enzyme. **Discussion:** The integration between bioinformatics for the alignment and search of tertiary structures of a protein and quantum mechanics to analyze point changes of amino acids considering electronic densities and conformational changes, has become a very promising tool to provide deeper understanding of the resistance of some microorganisms to some antibiotics and as a fast and accurate alternative to generate more effective antibiotics derivatives.

**Keywords:** *Trypanosome cruzi*; Mutation; Flavin mononucleotide.

## Factores asociados a infestación intradomiciliaria por *Triatoma venosa* en el Valle de Tenza, Boyacá, Colombia

Oscar Quirós-Gómez<sup>1</sup>, Jaime Alberto Martínez-Gallego<sup>2</sup>, Diana Carolina Betancur-Meneses<sup>2</sup>, Laureth Vanessa Palacios-López<sup>2</sup>, Manuel Medina<sup>3</sup>, Gabriel Jaime Parra-Henao<sup>4</sup>

**Forma de citar:** Quirós-Gómez O, Martínez-Gallego JA, Betancur-Meneses DC, Palacios-López LV, Medina M, Parra-Henao GJ. Factores asociados a infestación intradomiciliaria por *Triatoma venosa* en el valle de Tenza, Boyacá, Colombia. Póster del V Simposio de Medicina Tropical ICMT-CES. Rev CES Med 2018; 32(2): 187.

### Sobre los autores

<sup>1</sup>Facultad de Medicina, Escuela de Graduados, Universidad CES, Medellín, Colombia

<sup>2</sup>Microbiólogo y Bioanalista. Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia, Colombia.

<sup>3</sup>Unidad de Entomología, Secretaría de Salud. Departamento de Boyacá.

<sup>4</sup>Universidad Cooperativa de Colombia, Santa Marta.

**Introducción:** *Triatoma venosa* es uno de los principales vectores de la enfermedad de Chagas en Colombia. Conocer aspectos básicos de su ecoepidemiología es primordial para establecer medidas de control; sin embargo, son escasos los reportes de la especie y nulos sobre la caracterización de viviendas, el peridomicilio y factores asociados a su presencia. **Objetivo:** describir características del domicilio y peridomicilio de viviendas infestadas por *T. venosa* en la región del Valle de Tenza, Boyacá, y explorar factores asociados a infestación intradomiciliaria. **Metodología:** estudio analítico de corte transversal, donde se seleccionaron por conveniencia 93 viviendas de los municipios La Capilla, Garagoa, Chinavita y Guateque. Se identificaron variables relacionadas con las condiciones de calidad de los materiales de la vivienda y las características del peridomicilio. Se obtuvieron frecuencias relativas de las variables cualitativas. Para determinar asociación de las variables registradas con infestación en el intradomicilio se utilizó Chi-cuadrado. La prueba U de Mann Whitney se utilizó para evaluar la asociación con variables cuantitativas. **Resultados:** todos los municipios presentaron infestación. Variables como el conocer los insectos (100 %), tener materiales deficientes en la construcción de las viviendas (90,7 %), tener gallinas y perros (66,7 %, 83,3 %, respectivamente), anexos como gallineros y arbustos (50 % y 76,5, respectivamente) se hallaron relacionados con altos porcentajes de infestación. Se encontró asociación con las variables *conoce los insectos* ( $p: 0,009$ ), *presencia de faras* ( $p:0,007$ ), *presencia de anexos* ( $p: 0,004$ ), y *revoque deficiente* ( $p:0,009$ ). **Conclusiones:** se recomienda realizar vigilancia activa del vector, no visitar solo las viviendas donde se reporta conocer el vector, además hacer limpieza y fumigación periódica de las estructuras anexas a la vivienda.

**Palabras clave:** *Triatoma*; Reduviidae; *Trypanosoma cruzi*; Enfermedad de Chagas; Vigilancia epidemiológica; Factores epidemiológicos.

## Detección de *Rickettsia rickettsii* en garrapatas aisladas de animales domésticos de la región norte del departamento de Caldas

Yuliana Zapata-Serna<sup>1</sup>, Héctor Jaime Aricapa-Giraldo<sup>2</sup>, Jorge Enrique Pérez-Cárdenas<sup>3</sup>, Marilyn Hidalgo-Díaz<sup>4</sup>

**Forma de citar:** Zapata-Serna Y, Aricapa-Giraldo HJ, Pérez-Cárdenas JE, Hidalgo-Díaz M. Detección de *Rickettsia rickettsii* en garrapatas aisladas de animales domésticos de la región norte del departamento de Caldas. Póster del V Simposio de Medicina Tropical ICMT-CES. Rev CES Med 2018; 32(2): 188.

### Sobre los autores

<sup>1</sup>Profesora, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Católica de Manizales, Grupo de Investigación GINEI. [yzapata@uclm.edu.co](mailto:yzapata@uclm.edu.co)

<sup>2</sup>Profesor, Facultad de Ciencias agropecuarias, Grupo de Investigación Biosalud, Universidad de Caldas.

<sup>3</sup>Profesor, Facultad de Ciencias para la Salud, Grupo de Investigación Biosalud, Universidad de Caldas.

<sup>4</sup>Profesora, Facultad de Ciencias, Grupo de Investigación en enfermedades Infecciosas, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá.

**Introducción:** la región norte del departamento de Caldas ha sido considerada como una zona endémica de tifo murino en Colombia. Recientes estudios realizados en dicha región en pacientes con enfermedad febril aguda demuestran la infección con *Rickettsia rickettsii* por la variación en el título de IgG en sueros pareados.

**Objetivos:** identificar las garrapatas más frecuentemente encontradas en animales domésticos en la región norte de Caldas y establecer la frecuencia de infección por *Rickettsia rickettsii* en las garrapatas obtenidas.

**Materiales y métodos:** de diferentes veredas de siete municipios del norte de Caldas se recolectaron garrapatas de bovinos, equinos y caninos. Las garrapatas se almacenaron en etanol al 90 % hasta su procesamiento, se identificaron utilizando claves taxonómicas, se extrajo el ADN utilizando técnicas comerciales, se amplificó por reacción en cadena de polimerasa convencional el gen *gltA*. El segmento génico amplificado se detectó por electroforesis en geles de agarosa.

**Resultados:** se obtuvieron 713 garrapatas de 596 animales infestados. Los bovinos (91,6 %) fueron los más frecuentemente infestados, seguidos de los caninos (13 %) y equinos (11,6 %). Las garrapatas más frecuentemente encontradas fueron *Rhipicephalus microplus* (80,6 %), *Dermacentor nitens* (7,7 %), *Amblyomma* spp (6,5 %) y *R. sanguineus* (4,9 %). En ninguna de las muestras de ADN obtenidas hubo amplificación del gen *gltA*. **Discusión:** la transmisión de *R. rickettsii* en Suramérica se ha asociado principalmente con *A. cajennense*, *A. ovale*, *A. triste*, *A. variegatum*, *A. aureolatum*, *A. oblongoguttatum*, *A. parvum*, *Dermacentor* spp. y *Rhipicephalus sanguineus*. Algunos reportes han mostrado la presencia de rickettsia en *R. microplus*. De acuerdo a los hallazgos obtenidos puede inferirse que el riesgo de adquisición de *R. rickettsii* en la población del norte de Caldas es probable pero baja, debido a la reducida frecuencia de garrapatas vectores y a la ausencia del gen *gltA* en las garrapatas obtenidas. Se requiere hacer estudios de la fauna silvestre para establecer su papel en la transmisión de *Rickettsia rickettsii* a las personas en dicha región del departamento.

**Palabras claves:** Garrapatas; *Rickettsia rickettsii*; Reacción en cadena de la polimerasa; Infección rickettsial.