

■ Sección de pósteres ■

En agosto 26 y 27 de 2010 se realizó en el Auditorio Fundadores de la Universidad CES en Medellín, el III Simposio Internacional de Zoonosis y el VIII Foro Departamental de Zoonosis, que contó con la presencia de cuatro expertos internacionales y 12 nacionales, y la asistencia de cerca de 200 personas procedentes de todo el país. Como parte de las actividades académicas de estos eventos, el comité organizador incentivó a investigadores del sector para que compartieran con el público asistente sus experiencias mediante la modalidad de pósteres. Los resúmenes de estos trabajos, de gran interés en el campo de la salud humana, son presentados a continuación.

Aplicación de las pruebas de PCR convencional simple y múltiple para la identificación de leptospira spp en Colombia

NATALÍ MORENO-ARISTIZABAL, PIEDAD AGUDELO-FLÓREZ
Grupo de Investigación Medicina Tropical; Instituto Colombiano de
Medicina Tropical-Universidad CES

Correo electrónico: nmoreno@ces.edu.co

Introducción: debido a las dificultades asociadas con la identificación serológica de aislamientos de *Leptospira ssp*, se genera gran interés en la pruebas moleculares por su poder discriminatorio, reproducibilidad y fácil interpretación (1).

Objetivo: aplicar y validar la prueba de PCR convencional, usando dos pares de iniciadores descritos previamente y dirigidos a los genes *lipL3* (2) (PCR simple) y *sec y* (3) /*flaB* (4) (PCR múltiple), con el fin de evaluar su aplicación para identificar especies patógenas y saprófitas de *Leptospira ssp*.

Materiales y métodos: Para la estandarización de las pruebas de PCR se usaron 22 cepas de referencia internacional y 12 aislados colombianos. Se determinó el nivel de detección de cada pareja de iniciadores, su especificidad frente a otros microorganismos causantes de enfermedades endémicas en Colombia y su capacidad de identificar especies dentro del grupo de *Leptospira*.

Resultados: el límite de detección de la PCR simple *lipL32* fue una dilución 1: 10 000 y para la PCR múltiple *secY/flaB* fue una dilución 1:100 para el gen *secY* y 1: 1 000 para *flaB*. La especificidad de todos los iniciadores fue de 100 %. La PCR simple *lipL32*, mostró amplificado específico para todas las cepas de referencia patógenas mientras que la PCR múltiple *secY/flaB* lo fue para 18 cepas. De los 12 aislados colombianos, siete fueron positivos por PCR *lipL32* y seis lo fueron por PCR *secY/flaB*.

Conclusiones: Los resultados más consistentes fueron obtenidos con la PCR simple *lipL32* tanto en límite de detección, especificidad y utilidad para la identificación de *Leptospira spp*. Estos resultados muestran las potencialidades de esta prueba para que se valide posteriormente su utilidad en el diagnóstico molecular de leptospirosis en muestras clínicas o ambientales (5-7).

Referencias

1. Ko A, Goarant C, Picardeau M. Leptospira: the dawn of the molecular genetics era for an emerging zoonotic pathogen. Nat Rev Microbiol 2009 Oct;7(10):736-47.
2. Levett P, Morey R, Galloway R, Turner D, Steigerwalt A, Mayer L. Detection of pathogenic leptospires by real-time quantitative PCR. J Med Microbiol 2005 Jan;54(Pt 1):45-9.
3. Gravekamp C, Van de Kemp H, Franzen M, Carrington D, Schoone G, Van Eys G, et al. Detection of seven species of pathogenic leptospires by PCR using two sets of primers. J Gen Microbiol 1993 Aug;139(8):1691-700.
4. Kawabata H, Dancel L, Villanueva S, Yanagihara Y, Koizumi N, Watanabe H. *flaB*-polymerase chain reaction (*flaB*-PCR) and its restriction fragment length polymorphism (RFLP) analysis are an efficient tool for detection and identification of *Leptospira spp*. Microbiol Immunol 2001;45(6):491-6.
5. Ahmed A, Engelberts M, Boer K, Ahmed N, Hartskeerl R. Development and validation of a real-time PCR for detection of pathogenic leptospira species in clinical materials. PLoS One 2009;4(9):e7093.
6. Victoria B, Ahmed A, Zuerner R, Ahmed N, Bulach D, Quinteiro J, et al. Conservation of the S10-*spc*-*alpha* locus within otherwise highly plastic genomes provides phylogenetic insight into the genus *Leptospira*. PLoS One 2008;3(7):e2752.

7. Zuerner R, Hartskeerl R, van de Kemp H, Bal A. Characterization of the leptospira interrogans S10-spc-alpha operon. FEMS Microbiol Lett 2000 Jan;182(2):303-8.

* * *

Estudio de vectores de tripanosomosis bovina en el bajo cauca antioqueño

GABRIEL PARRA-HENAO, GUSTAVO LÓPEZ-VALENCIA,
ERIKA ALARCÓN-PINEDA

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

Correo electrónico : gparra@ces.edu.co

Introducción: la tripanosomosis bovina es un enfermedad causada por el protozoo *Trypanosoma vivax*, afecta a bovinos, ovinos y búfalos. Esta enfermedad causa grandes pérdidas económicas debidas a abortos, disminución en la producción de leche y altos costos en tratamiento veterinario. El *T. vivax* fue introducido a Suramérica a través de animales traídos del África, donde la mosca *Glossina* es el vector biológico del hemo-parásito. En Colombia, *T. vivax* se ha adaptado a nuevas condiciones ambientales y ecológicas, causando infecciones endémicas en el ganado de zonas cálidas. Muchos aspectos epidemiológicos son aún desconocidos. El propósito del estudio fue identificar los posibles vectores de la tripanosomosis bovina y registrar la densidad y la diversidad de tábanos en la zona.

Materiales y métodos: en este estudio se colectaron tábanos (Diptera: Tabanidae) y garrapatas en cuatro haciendas ganaderas del municipio de Caucasia, Antioquia, Colombia. Los tábanos se capturaron usando como cebo a equinos, las capturas se hicieron en una zona de ecotono entre bosque secundario y potreros. Las garrapatas se colectaron de forma manual sobre bovinos. Los artrópodos recolectados en campo fueron llevados al laboratorio para su determinación taxonómica y búsqueda de protozoos en probóscide, intestino medio y glándulas

salivales de las moscas. En las garrapatas, los protozoos fueron buscados en hemolinfa.

Resultados: se capturaron 140 tábanos correspondientes a cuatro géneros y nueve especies. La especie más abundante fue *Lepiselaga crassipes* (43,6 %), con mayor densidad en julio y mayor actividad de picadura a las 14:00 h. La mayor diversidad de tábanos se registró en el mes de septiembre. Tres tábanos se encontraron infectados con flagelados compatibles con *T. vivax*. Se recolectaron 315 garrapatas de la especie *Boophilus microplus*, todas negativas a flagelados.

Discusión: estos resultados sugieren transmisión de *T. vivax* por tábanos en la zona de estudio. Sin embargo, se debe determinar el estatus específico de los parásitos hallados, por medio de técnicas moleculares y esclarecer el mecanismo de transmisión mediante estudios controlados.

* * *

Detección de serotipos de salmonella entérica de origen animal en habitantes de cuatro regiones de colombia

HERNÁN DARÍO CARVAJAL-RESTREPO, MIRYAM MARGOT
SÁNCHEZ-JIMÉNEZ, NORA MARÍA CARDONA-CASTRO

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

Correo electrónico: hcarvajal@ces.edu.co

Financiado por Colciencias Código: 3256-408-20564

Introducción: *Salmonella enterica* es un patógeno involucrado en enfermedades transmitidas por alimentos y animales. El tracto gastrointestinal de los animales sacrificados para consumo, como vacas, cerdos, pollos, entre otros, es fuente de contaminación de los productos derivados, constituyendo una de las principales fuentes de infección por *Salmonella* en humanos (1). Los humanos pueden desarrollar cuadros clínicos que varían desde gastroenteritis hasta bacteremia y sepsis, y después del cuadro clínico gastrointestinal pueden permanecer como portadores asintomáticos.

Objetivos: Detectar la presencia de serotipos de *Salmonella enterica* de origen animal, en habitantes portadores asintomáticos en cuatro regiones del país.

Metodología: Se estudiaron 667 muestras de materia fecal de población general sin síntomas gastrointestinales de Quibdó-Chocó (144 muestras), Apartadó-Antioquia (200), Guachené-Cauca (204) y Granada-Meta (119). A cada muestra se le realizó cultivo y PCR para detección del gen *hilA* de *Salmonella enterica* (2); adicionalmente a los aislamientos se les realizaron pruebas bioquímicas confirmatorias y PCR múltiple para identificación del serotipo.

Resultados: Se obtuvo aislamiento de *Salmonella* en nueve muestras (1,35 %). Por municipio, los resultados fueron: Quibdó: *S. Newport* (n=2); Apartadó: *S. Anatum* (n=2), *S. Sinstorf* (n=1) y *S. entérica* (n=1) y Granada: *S. enterica* (n=3).

Discusión: Estos resultados demuestran la presencia de *Salmonella enterica* en portadores asintomáticos en diferentes regiones de Colombia, infectados a partir de alimentos de origen animal, pues son estos los hospederos naturales de estas bacterias. En el caso de *S. Newport*, este serotipo se ha asociado con el consumo de carne de res cruda o mal cocida (3); *S. Sinstorf* se ha aislado, a su vez, de carne de pollo (4). Adicionalmente, el hallazgo de *S. Newport* y *S. Anatum* en portadores, se puede relacionar con el reporte de dichos serotipos en alimentos de consumo frecuente como lo publicado por Durango y colaboradores (5), quienes encontraron en alimentos de la costa Caribe colombiana *S. Anatum* (26 %) y *S. Newport* (13 %) en alimentos de origen animal como carne de res, chorizos, queso, carne de cerdo y pollo.

Referencias

1. Progress Report on *Salmonella* Testing of Raw Meat and Poultry Products, 1998-2009. United States Department of agriculture. Food Safety and Inspection Service. 2009. Available: http://www.fsis.usda.gov/PDF/Progress_Report_Salmonella_Testing.pdf (accessed 2010 July 21).

2. Sánchez-Jiménez MM, Cardona-Castro N. Validation of a PCR for diagnosis of typhoid fever and salmonellosis by amplification of the *hilA* gene in clinical samples from Colombian patients. *J Med Microbiol* 2004; 53: 875-878.
3. Innes P. *Multi-drug resistant Salmonella Newport*. Toronto: Ontario Ministry of Agriculture and Food; 2003. Available: www.gov.on.ca/OMAFRA/english/livestock/vet/facts/info_salm.htm (accessed 2010 July 21).
4. Shu-Jen Wang, Dong-Bor Yeh, Cheng-I Wei. Specific PCR Primers for the Identification of *Salmonella enterica* Serovar Enteritidis in Chicken-Related Samples. *Journal of Food and Drug Analysis* 2009; 17:183-189.
5. Durango J, Arrieta G, Mattar S. Presencia de *Salmonella* spp. en un área del Caribe colombiano: un riesgo para la salud pública. *Biomédica* 2004; 24

* * *

Frecuencia de parásitos intestinales en fauna exótica y silvestre del Zoológico Santafe en Medellín - Colombia

Nelfi Oyola¹, Richard Zapata-Salas², Giovanni A. Torres-Lindarte³,
Leonardo A. Ríos-Osorio², Mario A. Zapata-Tamayo²

1. Laboratorio veterinario, Zoológico Santa Fe, Medellín Colombia.
2. Grupo de Investigación Microbiología Veterinaria, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia.
3. Instituto Colombiano de Medicina Tropical - Universidad CES.

Correo electrónico: mzapataudea@gmail.com

Introducción: en los últimos años la aparición de animales silvestres en lugares como zoológicos y parques ecológicos se ha hecho común. La introducción de especies salvajes incorporadas en un proceso de rehabilitación, debe contar con una evaluación microbiológica que

permita el control de especies microbianas que representen riesgo antropozoonótico para los seres humanos que trabajan o visitan estos lugares de reserva y cuidado de fauna exótica y silvestre (1,2).

Objetivo: determinar la frecuencia de parásitos intestinales en fauna exótica y silvestre del zoológico Santafé, Medellín-Colombia.

Metodología: Se realizó una investigación descriptiva-retrospectiva, en el laboratorio de veterinario del Zoológico Santafé. El período evaluado comprendió tres años (2007-2009). La evaluación parasitológica fue realizada por microscopía-óptica.

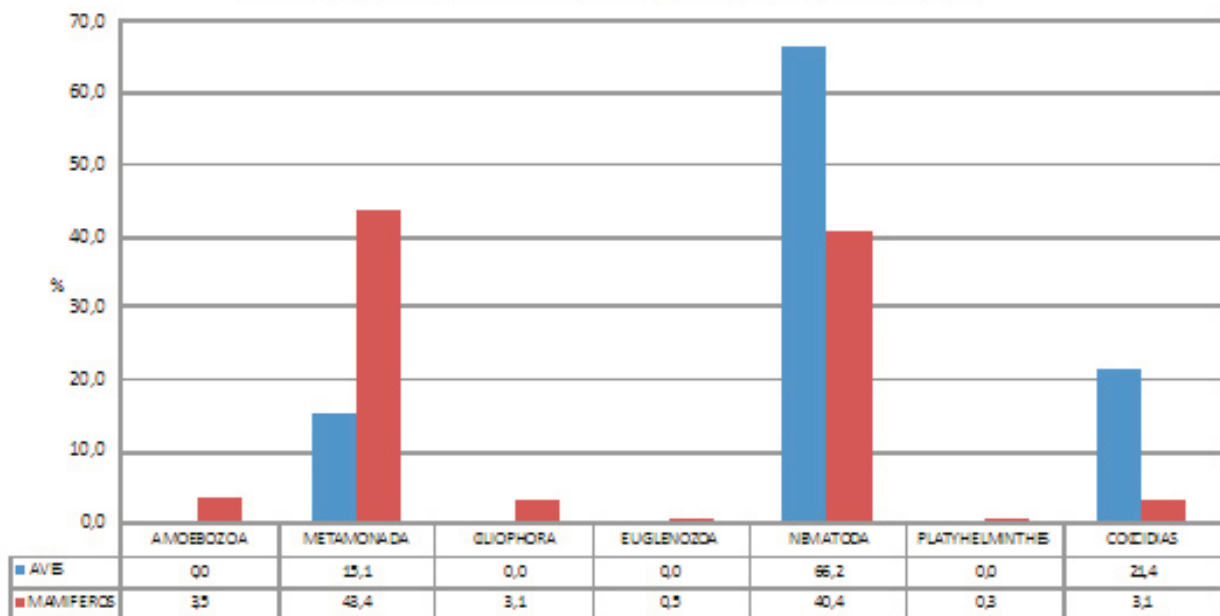
Resultados: se evaluaron 848 registros coproparasitológicos correspondientes a especies de las clases Mamalia (72,5 %), Aves (24,3 %), Amphibia (2,1) y Reptilia (1,1 %). El porcentaje más alto de positividad se halló en la clase Mamalia (22,8 %) con más de 30 especies diferentes de animales comprometidos, y en Aves (4,8 %), con aproximadamente más de cinco especies diferentes de animales comprometidas. Los géneros de especie de parásitos intestinales más comúnmente repor-

tados en la clase Mamalia fueron: *Giardia sp.*, *Trichomonas 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.*, *Ascaris sp.* y *Capilaria sp.* (gráfico 1)

Discusión: Se evidenció multiplicidad de parásitos intestinales, con una mayor frecuencia de presentación de parásitos del Filum Nematoda, en las Clases Mamalia y Aves. Esta situación evidencia la necesidad de estudios más profundos en los ejemplares animales y sus cuidadores humanos, se realicen análisis clínicos más frecuentes y mayor fortaleza técnico científica, dado que algunos de estos parásitos reportados pueden ser fuentes de posibles antropozoonosis.

Referencias

1. Barragán F; Karol B. Enfermedades de reptiles y anfibios. Boletín GEAS 2002; III, (1-6).
2. Schumacher J. Selected infectious diseases of wild reptiles and amphibians. Journal of Exotic Pet Medicine 2006; 15(1):18-24.



Distribución de frecuencias de positividad de parásitos intestinales por Phylum en clases de especies animales evaluadas

Desarrollo de herramientas moleculares para la genotipificación de especies de *Leptospira* spp

Ronald G. Peláez Sánchez¹, Piedad Agudelo Florez¹

¹ Instituto Colombiano de Medicina Tropical – Universidad CES

Correo electrónico: latarogui@yahoo.com

Proyecto financiado por Colciencias:

Cód. 325645221265 - 352-2008

Introducción: leptospirosis es causada por especies patógenas del género *Leptospira*, el cual incluye 20 especies, entre patógenas y saprófitas. Tradicionalmente se ha usado para su tipificación el método serológico que ha definido más de 250 serovariedades (1). Por ser un método ambiguo se han propuesto alternativas de genotipificación basadas en la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Este estudio pretende realizar transferencia de metodologías moleculares disponibles sólo en laboratorios de referencia a nivel mundial, que permitan discriminar especies de *Leptospira* en forma universal y reproducible.

Objetivo: desarrollar pruebas de PCR múltiple, número variable de repeticiones en tandem (VNTRs) y tipificación por secuenciamiento de múltiples locus (MLST's) para la genotipificación de especies patógenas y saprófitas de *Leptospira* spp.

Metodología: se usaron 22 cepas de referencia, incubadas en medio líquido a 30 °C y con crecimiento igual al estándar 0,5 de MacFarland. La extracción de DNA se realizó mediante método Wizard® y se cuantificaron por Nanodrop®. Las pruebas de PCR se realizaron usando secuencias de cebadores de referencia (2,3) y fueron estandarizadas de acuerdo a la temperatura de disociación de cada cebador y tamaño del amplificado. Se desarrollaron en un termociclador

C1000 Thermal Cycler®. El revelado se realizó en geles de agarosa al 1,5 %, teñido con bromuro de etidio y revelado en transiluminador Epichemi-darkroom®.

Resultados: se desarrolló PCR múltiple para diferenciar especies patógenas y saprófitas con genes blanco rRNA universal para el género *Leptospira* y gen SecY presente en especies patógenas. Para la identificación de serovariedades por VNTRs se obtuvo un patrón de bandeo diferencial en las 22 serovariedades. Se desarrolló MLSTs con la amplificación de 13 genes de expresión constitutiva (*adk*, *icda*, *LipL41*, *rrs2*, *secY*, *LipL32*, *pntA*, *sucA*, *pfkB*, *tpiA*, *mreA*, *gluU*, *fadD*) que discriminó cada una de las 22 serovariedades de referencia.

Discusión: la implementación de herramientas moleculares para la genotipificación de especies de *Leptospira*, permitió la diferenciación hasta el nivel de serovariedad. Disponer de pruebas que caractericen la diversidad genética de *Leptospira* spp, permitirá ampliar el conocimiento de la ecoepidemiología de este problema de salud pública en Colombia.

Referencias

1. Ko AI, Goarant C y Picardeau M. *Leptospira*: the dawn of the molecular genetics era for an emerging zoonotic pathogen. *Nature Reviews* 2009; 7: 736-747.
2. Salaün L, Mérien F, Gurianova S, Baranton G, Picardeau M. Application of multilocus variable-number tandem-repeat analysis for molecular typing of the agent of leptospirosis. *J Clin Microbiol* 2006; 44:3954-62.
3. Ahmed N, Devi SM, Valverde Mde L, Vijayachari P, Machang'u RS, Ellis WA, Hartskeerl RA. Multilocus sequence typing method for identification and genotypic classification of pathogenic *Leptospira* species. *Ann Clin Microbiol Antimicrob.* 2006; 5:28.

Brote de leptospirosis en militares de la Fuerza Naval, Turbo, Antioquia, 2010

Santiago Cardona-M, Margarita Arboleda-N, Nataly Moreno-A, Piedad Agudelo-Flórez
Instituto Colombiano de Medicina Tropical, ICMT-CES

Correo electrónico: scardona@ces.edu.co
Producto del Proyecto código # 325649326207-678,
financiado por Colciencias

Introducción: Leptospirosis es una enfermedad infecciosa que afecta anualmente a diez millones de personas, con letalidad entre el 5 y el 25 % (1). Urabá es una región endémica para leptospirosis y desde el año 2006 se vienen notificando casos en forma periódica (2,3). El hombre se contamina por contacto directo con orina de animales infectados o indirectamente con suelo o aguas contaminadas (4). Su presentación clínica varía desde una enfermedad autolimitada y de naturaleza benigna, hasta formas severas de alta mortalidad. En junio de 2010 se diagnosticó leptospirosis en un canino perteneciente a la Fuerza Naval en el municipio de Turbo, y al que se le sospechó la enfermedad por presentar decaimiento, fiebre, ictericia y ascitis. Se confirmó la enfermedad mediante pruebas serológicas.

Objetivos: Detectar infección por leptospirosis en los militares que manipularon el canino enfermo.

Metodología: Se realizó un estudio de brote mediante interrogatorio, evaluación clínica y hemocultivo para leptospira y determinación de anticuerpos por IFI, a siete militares que estuvieron en contacto con el canino infectado. Se exploraron algunos factores relacionados con el contacto.

Resultados: Fuera del canino fallecido por leptospirosis, se encontraron otros cinco caninos infectados. Cuatro de los siete militares encargados de manejar los caninos fueron asintomáticos; los otros solo refirieron sintomatología

inespecífica simulando rinofaringitis viral en los últimos 15 días. Todos manifestaron haber tenido contacto con el canino enfermo y con los caninos infectados, manipulando los desechos y bañándolos, aunque con protección. Seis de los siete (85,7 %) militares evaluados resultaron positivos para leptospira, cuatro de ellos con títulos elevados de anticuerpos IgM e IgG desde la muestra inicial, uno seroconvirtió y otro tuvo hemocultivo positivo; un militar fue negativo.

Discusión: El diagnóstico de la leptospirosis no es fácil, máxime cuando no se presentan síntomas o éstos son larvados e inespecíficos. A pesar de ser casos oligosintomáticos es importante resaltar que la infección en estos militares es reciente y probablemente se relacione con el contacto con los animales infectados; la tasa de infección fue alta, con 85,7% de positividad entre las personas expuestas. Se requieren estudios complementarios de laboratorio para documentar mejor la fuente de infección. Los animales que acompañan al hombre deben ser debidamente mantenidos e inmunizados, pues representan una fuente importante de contaminación.

Referencias

1. Leptospirosis worldwide. *Wkly Epidemiol Rec* 1999 Jul 23; 74(29): 237-42
2. Bharti AR, Nally JE, Ricaldi JN, Matthias MA, Diaz MM, Lovett MA, Levett PN, et al; Peru-United States Leptospirosis Consortium. Leptospirosis: a zoonotic disease of global importance. *Lancet Infect Dis* 2003;3:757-71
3. Dirección Seccional de Salud de Antioquia. Eventos de vigilancia epidemiológica - infecciosas, Antioquia 2007. Dirección Seccional de Salud de Antioquia 2007 [cited 2010 May 19]; Available from: URL: <http://www.dssa.gov.co/>
4. Agudelo-Flórez P, Restrepo BN, Arboleda M. Situación de la leptospirosis en el Urabá antioqueño colombiano: estudio seroepide-

miológico y factores de riesgo en población general urbana. Cad. Saúde Pública 2007; 23(9):2094-2102.

* * *

Caracterización biológica de dos aislados de *Leptospira* spp procedentes de pacientes colombianos con síndrome de Weil

Harold Durango G¹, Juan David Rodas G², Bruno L Travi³,
Piedad Agudelo-Flórez⁴

- 1 Escuela de Microbiología y Bioanálisis Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.
- 2 Grupo Centauro, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.
- 3 Universidad de Texas, San Antonio-USA.
- 4 Instituto Colombiano de Medicina Tropical - Universidad CES.

Proyecto financiado por Colciencias: 325645221265 - 352-2008

Introducción: leptospirosis en el humano o síndrome de Weil se caracteriza por ictericia progresiva, hemorragias de curso variable, insuficiencia renal o compromiso pulmonar (1). A pesar de los estudios realizados en algunos modelos animales sobre patogenicidad y virulencia de aislados de *Leptospira*, procedentes de casos humanos (2,3), se desconoce la virulencia y patogenicidad de aislados procedentes de pacientes colombianos.

Objetivo: caracterizar la virulencia y patogenicidad de aislados de *Leptospira* spp, recuperados de humanos con síndrome de Weil.

Metodología: se utilizaron cepas de *Leptospira* aislados a partir de pacientes colombianos con síndrome de Weil. Los aislados se tipificaron por la prueba de PCR que amplifica el gen LipL32 que codifica para la lipoproteína del mismo nombre. Posteriormente, la proteína se secuenció por métodos estándares. La caracterización de la virulencia se llevó a cabo en un modelo experimental de infección, usando como reactivos

biológicos ejemplares de hámster (*M. aureatus*) de 55 a 70 g de peso. Los hámsteres se infectaron intraperitonealmente y fueron monitorizados diariamente para evaluar signos clínicos de enfermedad, parámetros bioquímicos e histopatológicos. Los experimentos en los animales fueron aprobados por el Comité de Ética Animal de la Universidad de Antioquia.

Resultados: la tipificación molecular amplificando el gen LipL32 reveló que los aislados corresponden a cepas patógenas de *Leptospira* spp. En la infección experimental, ninguno de los animales presentó signos clínicos aparentes de enfermedad, ni se presentó mortalidad durante los 28 días de seguimiento. En la necropsia, el hígado, riñones y pulmones no presentaron signos anormales; sin embargo en la histopatología por coloración de hematoxilina eosina se evidenció neumonía intersticial, nefritis intersticial y congestión hepática, demostrando la bacteria por coloración de Warthin Starry en riñón y pulmón. Esto fue corroborado por la recuperación de la bacteria en cultivos de órganos. Cinco días después de la infección se encontró leve aumento de la proteína C reactiva con disminución significativa al día 18. Los perfiles hepático y renal mostraron variabilidad en valores por fuera de los de referencia, sin expresar tendencia significativa. La virulencia de los aislados colombianos permite explicar las alteraciones poco marcadas en las pruebas hematológicas.

Conclusiones: se confirma en territorio colombiano la circulación de *Leptospira* patógena de virulencia intermedia y con capacidad de invadir órganos blanco. Este conocimiento es un aporte a la caracterización de la enfermedad en Colombia.

REFERENCIAS

1. Ko AI, Goarant C y Picardeau M. Leptospira: the dawn of the molecular genetics era for an emerging zoonotic pathogen. Nature Reviews 2009; 7: 736-747.
2. Silva EF, Santos CS, Athanzio DA, Seyffert N, Seixas FK, Cerqueira GM, et al. Characteri-

zation of virulence of *Leptospira* isolates in a hamster model. *Vaccine* 2008; 26: 3892-3896.

3. Pereira MM, Pereira JJ, Alves M, Da Silva MF, Pelajo M, Lenzi HL, et al. Experimental leptospirosis in Marmoset Monkeys (*Callithrix jacchus*): a new model for studies of severe pulmonary leptospirosis. *Am J Trop Med Hyg* 2005; 72: 13-20.

* * *

Descripción epidemiológica de la infección con agentes del género *Rickettsia* en roedores, ectoparásitos y humanos en el Urabá antioqueño

Juan C. Quintero V¹, Javier Díaz, Andrés² F. Londoño¹, Piedad Agudelo-Flórez², Margarita Arboleda², Juan D. Rodas¹

- 1 Grupo de Investigación en Ciencias Veterinarias, "Centaurus", Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Colombia.
- 2 Grupo de Inmunovirología, Sede de Investigación Universitaria, SIU, Universidad de Antioquia
- 3 Grupo de Investigación Medicina Tropical, Instituto Colombiano de Medicina Tropical – Universidad CES. Colombia.

Introducción: *Rickettsia* es un género de bacterias transmitidas por ectoparásitos hematófagos. El primer reporte de *Rickettsiosis* en Colombia data de la década de los años 30, cuando se describió una enfermedad febril con brote eruptivo en piel, en la población de Tobia Cundinamarca. Los últimos brotes fueron diagnosticados en los municipios de Necoclí (Antioquia), Los Córdoba (Córdoba) y Turbo (Antioquia), en los años 2006, 2007 y 2008 respectivamente (1-3). El presente estudio pretendió realizar una descripción epidemiológica de la infección con bacterias del género *Rickettsia* en roedores, ectoparásitos y humanos en el Urabá antioqueño.

Metodología y resultados: se capturaron 354 roedores en los municipios de Apartadó, Turbo

y Necoclí, que fueron clasificados como *Rattus rattus*, *Rattus norvegicus*, *Mus musculus*, *Zygodontomys cherrei*, *Proechimys semispinosus* y *Heteromys anomalus*. 23 roedores fueron positivos por PCR para el gen *gltA* (citrato sintetasa, prevalencia 6,8 %), y algunas de sus secuencias mostraron una similitud del 98 % con la especie *Rickettsia prowazekii*, aunque formando una clada independiente (análisis filogenético). Igualmente se colectaron 839 ectoparásitos entre garrapatas de las familias Argasidae (*Ornithodoros alectorobius puertoricensis*), Ixodidae (*Amblyomma* sp), pulgas de las familias Rophalopsillydae (*Polygenis* sp) y Pulicidae (*Xenopsylla cheopis*), piojos de los géneros *Gyropus* sp y *Hoplopleura* sp y ácaros de los géneros *Laelaps* sp y *Ornithonyssus* sp, sobre 94 de los roedores capturados. Una sola muestra (dos individuos) de larvas de *Amblyomma* sp fue positiva por PCR para los genes *gltA* y *OmpA* (Outer membrana protein B). La secuencia del gen *gltA* de estos productos muestra una alta similitud (99 %) con *Rickettsias* asiáticas del grupo de las fiebres manchadas (*R. tamurae* y *monasensis*). Finalmente, a partir de 220 sueros humanos obtenidos de pacientes con síndrome febril negativo a malaria por gota gruesa, 53 fueron positivos por IFI en una dilución 1:64, indicando una seroprevalencia de 24 %.

Conclusión: Los resultados de este trabajo demuestran circulación de *Rickettsias* tanto en roedores, como en vectores y humanos de las áreas de estudio; aunque la determinación de las especies más prevalentes, requiere estudios adicionales.

Referencias

1. Acosta J, Díaz, A, Urquijo, L, Rey, G, Sepúlveda, C, Herrera, D, Zuluaga, W. Brote de *Rickettsia Rickettsii* en Necoclí, Antioquia, Colombia, 2006. *Inf Quinc Epidemiol Nac* 2006; 11:161-76.
2. Miranda A, Flores, S, Máttar, S. Alta seroprevalencia de *rickettsiosis* en trabajadores del campo en el municipio de Ciénaga de Oro, Córdoba. *Inf Quinc Epidemiol Nac* 2002;7:65-80.

3. Pacheco O, Giraldo, R, Martínez, M, Hidalgo, M, Galeano, A, Echeverri, I, et al. Estudio de brote febril hemorrágico en el corregimiento de Alto de Mulatos - Distrito Especial Portuario de Turbo, Antioquia, enero de 2008. *Inf Quinc Epidemiol Nac* 2008;13:145-60.
4. INS. Manual de procedimientos. Proyecto "Las rickettsias como agentes etiológicos de entidades febriles no diagnosticadas en Colombia". 2006.

* * *

Prevalencia de infección por micobacterias en primates en cautiverio y en los trabajadores de centros de atención de fauna silvestre y zoológicos en el departamento de Antioquia, 2009.

Janeth Pérez García-J¹, Martha Cecilia Ocampo-Mejía², Juan Pablo Gómez-Cardona², Jesús Ernesto Ochoa-Acosta³

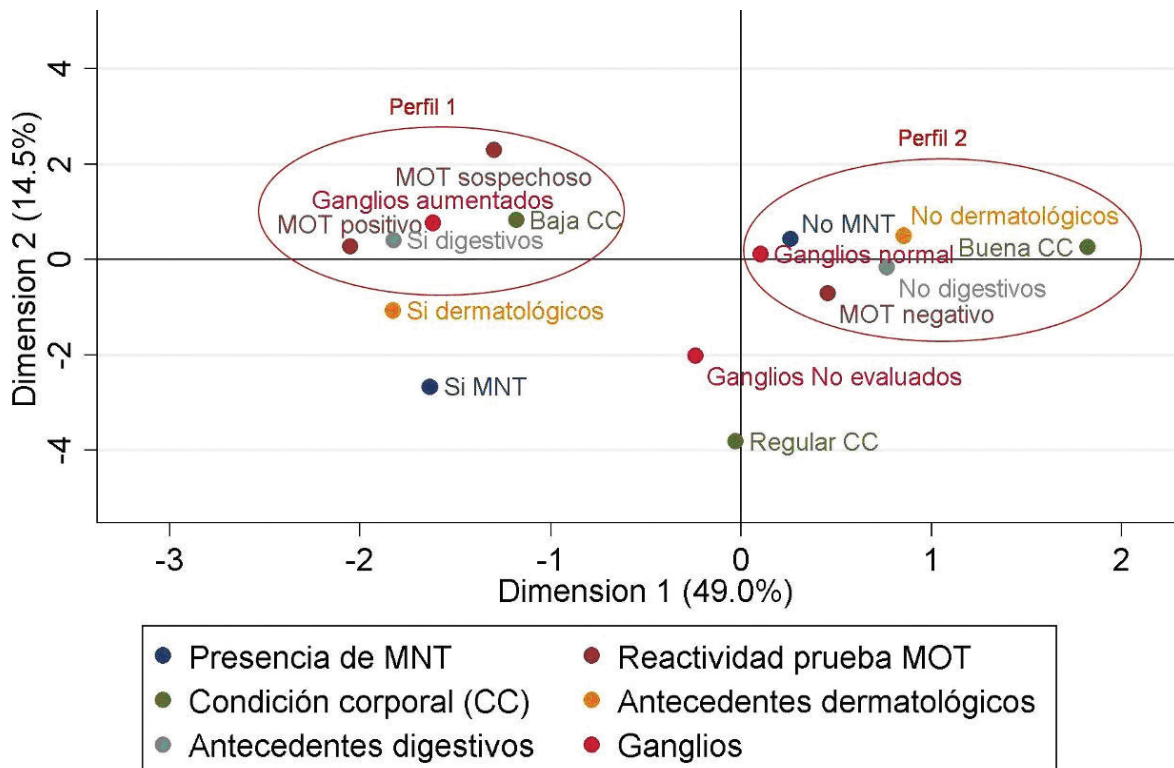
- 1 Grupo INCA-CES. Facultad Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad CES. jperez@ces.edu.co
- 2 Centro de Investigación Biológicas y Ambientales. Parque Zoológico Santa Fe.
- 3 Grupo Epidemiología. Facultad Nacional de Salud Pública. Universidad de Antioquia

Objetivo: determinar la prevalencia de infección y/o enfermedad por micobacterias en primates cautivos y en personal que trabaja en centros de atención de fauna silvestre y zoológicos en Antioquia.

Métodos: estudio de corte exploratorio con dos poblaciones de estudio; 97 primates en cautiverio y 40 trabajadores en contacto directo con estas especies. A los primates se les realizaron dos pruebas intradérmicas: tuberculina estándar humana (PPD-S) y Mammalian Old Tuberculin (MOT), para detectar infección tuberculosa y se obtuvieron muestras de contenido gástrico para determinar presencia de micobacterias tuberculosas y no tuberculosas (MNT) mediante cultivo. En los empleados fue aplicada PPD-S para detección de infección luego de responder dos encuestas sobre información personal, clínica y conocimientos sobre tuberculosis. Se realizaron análisis descriptivos frente al evento: infección en empleados y en primates, definido por la reactividad a las pruebas intradérmicas, y aislamiento de micobacterias en estos últimos. Se creó un perfil de ambas poblaciones por análisis de correspondencias múltiples.

Resultados: en primates la reactividad al PPD-S fue del 3,1 % (n=3), al MOT del 28 % (n= 15), se detectó la presencia de MNT mediante cultivo en el 20,4 % (n=19). En el personal, se obtuvo un porcentaje de reactividad del 13 % (n=12). Se encontró correspondencia entre el deficiente uso de medidas de protección personal y la reactividad a la prueba (Figura 1). Los empleados presentaron pocos conocimientos sobre la transmisión y fortalezas en la importancia del control de la enfermedad en sus condiciones de trabajo.

Conclusiones: sugerir la implementación de protocolos de cuarentena en el Departamento, que incluya el uso de la prueba MOT en primates. Es necesario el seguimiento de la infección en trabajadores debido al potencial riesgo de transmisión de la enfermedad en ambas poblaciones.



coordinates in standard normalization

Figura 1. Perfiles de la reactividad a la prueba MOT en primates en cautiverio del departamento de Antioquia.

Primera evidencia genética de hantavirus en roedores capturados en Colombia y correlación serológica en humanos

Andrés Londoño¹, Esteban Arroyave¹, Javier Díaz², Piedad Agudelo³, Margarita Arboleda³, Silvana Levis⁴, Juan D. Rodas¹

- 1 Grupo de Investigación en Ciencias Veterinarias, Centauro, Universidad de Antioquia
- 2 Grupo de Inmunovirología, Universidad de Antioquia.
- 3 Instituto Colombiano de Medicina Tropical – CES, Medellín.
- 4 Instituto Nacional de Enfermedades Virales Humanas (INEVH), Pergamino, Argentina.

Correo electrónico estebanarro_83@yahoo.es

Introducción: desde mayo de 1993 se reconoció el primer hantavirus en el continente ameri-

cano, asociado con la presentación del síndrome cardiopulmonar por hantavirus, en la región conocida como Four Corners en Norte América (1,2). Desde entonces, se han identificado virus similares circulando en roedores de la subfamilia *Sigmodontinae*, a lo largo de Sur y Centro América. En el año 2004, Mattar et al (3), publicaron la primera evidencia serológica demostrando la circulación de hantavirus en trabajadores rurales sanos del norte de Colombia, y dos años más tarde Alemán et al (4), reportaron la primera evidencia serológica en roedores capturados en Córdoba y Sucre.

Objetivo: búsqueda de evidencia serológica y genética de hantavirus en roedores capturados en tres municipios del Urabá Antioqueño, y en personas con síndrome febril procedentes de la misma zona.

Metodología: entre agosto de 2007 y agosto de 2008 se capturaron roedores en los mu-

nicipios de Apartadó, Turbo y Necoclí. Fueron capturas 354 especies entre murinos [n= 219], sigmodontinos [n= 109], echimidos [n=22] y heteromydos [n= 4]. Simultáneamente, se recolectaron sueros humanos en fase aguda y convaleciente, de 220 pacientes febriles negativos por extendido a malaria.

Resultados: el 4,2 % de los roedores capturados fueron seropositivos a las pruebas de ELISA para antígenos del virus Sin Nombre y del virus Maciel, todos pertenecían a las especies *Zygodontomys cherriei* (ratas de caña Cherrie). En 11 de los 15 roedores seropositivos se encontraron secuencias de hantavirus, a partir de tejido pulmonar, por medio de la prueba RT-PCR. Dichas secuencias fueron analizadas filogenéticamente, mostrando el mayor porcentaje de identidad con el hantavirus panameño Calabazo. El 0,9 % de pacientes que ingresaron al estudio fueron seropositivos, pero no se presentó diferencia entre la muestra de fase aguda y la convaleciente.

Discusión: este es el primer reporte genético de hantavirus en roedores de Colombia y suscita interés en la caracterización del agente detectado

y su posible implicación en la salud pública humana. Hasta la fecha, ni este ni otros estudios en Colombia han podido relacionar la circulación de hantavirus con la presentación clínica en humanos.

Referencias

1. CDC. Hantavirus pulmonary syndrome--United States, 1993. MMWR Morb Mortal Wkly Rep 1994 Jan 28;43(3):45-8.
2. Khan AS, Khabbaz RF, Armstrong LR, Holman RC, Bauer SP, Graber J, et al. Hantavirus pulmonary syndrome: the first 100 US cases. J Infect Dis 1996 Jun;173(6):1297-303.
3. Mattar S, Parra M. Serologic evidence of hantavirus infection in humans, Colombia. Emerg Infect Dis 2004 Dec;10(12):2263-4.
4. Aleman A, Iguaran H, Puerta H, Cantillo C, Mills J, Ariz W, et al. [First serological evidence of Hantavirus infection in rodents in Colombia]. Rev Salud Pública (Bogota). 2006 May;8 Suppl 1:1-12.

