

Parásitos intestinales

MICROBIOLOGÍA MÉDICA

Influence of age and sex in the *Malassezia* species associated with the development of seborrheic dermatitis

Y. Amado¹, A. Patiño-Uzcátegui¹, M. C. Cepero¹, D. Chaves¹, J. Tabima¹, A. Motta², M. Cárdenas¹, A. Bernal¹, S. Restrepo¹, A. Celis¹

¹ Laboratorio de Micología y Fitopatología, Departamento de Ciencias Biológicas Universidad de los Andes, Bogotá, D.C., Colombia

² Universidad El Bosque y Hospital Simón Bolívar, Bogotá, D.C., Colombia

Introduction. Scaling, inflammation and redness are the main characteristics of the widespread chronic skin pathology, seborrheic dermatitis. It occurs mainly in body areas rich in sebaceous glands such as the scalp, face and chest. The disorder is present in 3 to 5% of the immunocompetent adults, and frequently observed in patients with AIDS where prevalence ranges from 30 to 85%. The etiology of this pathology is unknown but it has been related to the influence of endogenous, exogenous and opportunistic activity of yeasts of the genus *Malassezia*, that are normally human skin commensals.

The aims of this study were determining the frequency of *Malassezia* species from seborrheic dermatitis individuals in Colombia and elucidating the relationship between age and gender with the development of this pathology.

Materials and methods. We performed a phenotypic characterization using morphological and physiological traits (Gram staining, assimilation of tween 20, 40, 60, 80 and cremophor EL, enzyme production of catalase and growth on Sabouraud and Sabouraud plus Tween 20). Additionally, we conducted a genotypic characterization by PCR amplification of 5.8S rDNA-ITS2 regions of *Malassezia* isolates from immunocompetent and HIV/AIDS individuals, both with and without active seborrheic dermatitis. To assess phylogenetic relationships, maximum-parsimony, maximum likelihood and Bayesian inference assessments were used.

Results. Our results showed that *M. restricta* (23,9%) and *M. globosa* (28,2%) are the most common species in individuals with seborrheic dermatitis while *M. furfur* (43,4%) and *M. restricta*

(34,6%) were frequently isolated from healthy individuals. We found high frequency of species associated with individuals between 20 and 40 years.

Conclusions. The development of seborrheic dermatitis was found to be dependent of age but not of gender. However, it is necessary to evaluate other factors that are directly involved in the generation of seborrheic dermatitis and to determine what role those species play in the evolution of disease.

• • •

¿Es el interferón-gamma-inducible 10 (IP-10) un biomarcador de infección aguda por virus del dengue?

Andrea Conroy¹, Margarita Gélvez², Nimerta Rajwans¹, Conrad Liles^{1,3}, Luis Villar², Kevin Kain^{1,3}

¹ Sandra A. Rotman Laboratories, McLaughlin-Rotman Centre for Global Health, University Health Network-Toronto General Hospital, University of Toronto, Toronto, Canada

² Centro de Investigaciones Epidemiológicas, Facultad de Salud, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

³ Tropical Disease Unit, Division of Infectious Diseases, Department of Medicine, University of Toronto, Toronto, Canada

Introducción. Durante el inicio de la fase febril, los hallazgos clínicos y de laboratorio convencionales no diferencian enfermedades como el dengue, la influenza y la leptospirosis, frecuentes en áreas urbanas del trópico. La IP-10 es una quimiocina involucrada en el tránsito de linfocitos Th1 a áreas de inflamación, que se asocia con infecciones virales con aumento de la respuesta inflamatoria, disfunción endotelial y permeabilidad vascular.

Objetivo. Evaluar la utilidad de determinar niveles séricos de IP-10 para establecer el diagnóstico temprano de la fiebre por dengue.

Métodos. En una cohorte prospectiva conducida en Bucaramanga (Colombia) durante un periodo no epidémico de dengue (2003- 2008), se incluyeron pacientes ambulatorios con síndrome febril agudo (48 a 96 horas) inespecífico, no complicados. En la inclusión y previo consentimiento, se obtuvieron muestras tomadas en la fase aguda, para hacer el diagnóstico y determinar los niveles séricos de IP-10.

Resultados. Se incluyeron 197 pacientes con diagnóstico confirmado (113 dengue, 47 leptospirosis y 37 influenza) y se tomó como control un grupo de individuos sanos (n=14).

Los niveles de IP-10 fueron elevados en los casos de dengue, en comparación con los de influenza, leptospirosis y los controles ($p < 0,01$ frente a cada grupo). El desempeño de IP-10 para diferenciar estas tres enfermedades durante el periodo febril inicial, fue satisfactorio [ROC=0,84 (IC_{95%}: 0,77-0,89) ($p < 0,0001$) y ROC=0,84 (IC_{95%}: 0,77-0,90) ($p < 0,0001$)] para influenza y leptospira, respectivamente.

El árbol de decisiones simple donde se integraron los datos clínicos y de laboratorio con los resultados de IP-10, discriminó aceptablemente las tres causas e identificó correctamente la mayoría de los casos de dengue, en particular, cuando se consideraron variables como tos, mareo y número de leucocitos.

En comparación con la sensibilidad (81,2 %) y la especificidad (71,4 %) de los parámetros clínicos y de laboratorio, el modelo con IP-10 tuvo una sensibilidad de 80,4 % y una especificidad de 94,6 % para identificar dengue.

Conclusiones. La IP-10 podría ser un promisorio biomarcador de infección por virus del dengue.



Características biológicas e inmunológicas de la hemaglutinina del virus de la influenza A/H1N1 2009

Antonio J. Vallecillo, Cristina Parada-Colin, Lucero Ramón-Luing, Eden Rodríguez, Clara I. Espitia
Departamento de Inmunología, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, México, D.F., México

Introducción. El virión de influenza A posee en su superficie dos proteínas, la neuraminidasa, que remueve residuos de carbohidratos de todas las proteínas de la célula infectada, y la hemaglutinina (HA), cuya forma precursora (HA0) sufre un corte proteolítico por diversas proteasas, entre ellas la plasmina (Plm), generándose los fragmentos HA1 y HA2. El primero contiene la región que reconoce los receptores celulares y donde los anticuerpos generados durante la infección/vacunación se unen y bloquean la interacción virus-célula. Sin embargo, es también en donde se generan nuevas variantes antigénicas que permiten al virus no ser reconocido por los anticuerpos y, por lo tanto, volver a infectar a la misma población.

El objetivo del presente trabajo es identificar las regiones inmunológicas dominantes de

la hemaglutinina y su posible interacción con plasminógeno humano.

Materiales y métodos. La selección de las regiones inmunológicas dominantes se efectuó mediante el desplegado en fagos, para lo cual se generaron dos bibliotecas de fragmentos de genes con el ADNc de la HA0 y dos versiones del fago M13. La selección de los péptidos desplegados se hizo en fase soluble con sueros de personas afectadas por el virus de la influenza A/H1N1 2009. Para evaluar la interacción de la hemaglutinina con el plasminógeno, se empleó un ensayo de *ligand-blotting* con una proteína recombinante en *Escherichia coli*, que incluye la mayor parte de la HA1.

Resultados. Se seleccionaron varias clonas que están siendo caracterizadas con los sueros de los pacientes. Además, se logró identificar que la porción globular de la hemaglutinina es capaz de unir plasminógeno humano y este plasminógeno unido puede ser activado a plasmina por el activador de plasminógeno del huésped, el tPa.

Discusión. Las herramientas generadas permitirán realizar diagnóstico retrospectivo mediante la determinación de la presencia de anticuerpos en la población con péptidos específicos inmunodominantes, la evaluación de la inmunidad alcanzada con las campañas de vacunación, o ambas; finalmente, la interacción con plasminógeno puede aportar nuevos conocimientos sobre la patogénesis del virus de la influenza A/H1N1 2009.



Evaluación de los niveles de colesterol total como predictor de gravedad en el síndrome febril agudo por dengue

Ányela Yuliana Lozano-Parra, Luis Ángel Villar-Centeno, Diana Carolina Tiga-Loza
Centro de Investigaciones Epidemiológicas, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

Introducción. En la actualidad existe la necesidad de buscar herramientas que permitan predecir tempranamente desenlaces graves del dengue, con el fin de reducir sus posibles complicaciones. Mediante un estudio de cohorte prospectiva, se evaluaron los niveles de colesterol total tempranos como posible herramienta predictora de gravedad en la infección por dengue.

Materiales y métodos. Se incluyeron pacientes con síndrome febril por dengue de Bucaramanga y su área metropolitana, mayores de cinco años, con menos de 96 horas de evolución de la enfermedad,

en los cuales se llevó a cabo un seguimiento durante los primeros ocho días de la enfermedad, para determinar su desenlace final. En las primeras horas del ingreso, se tomó una muestra sanguínea que fue almacenada. Se determinaron los niveles de colesterol total en estas muestras. Se hizo el análisis mediante de Wilcoxon Mann-Withney y regresión binomial.

Resultados. De 199 sujetos que se incluyeron, 34 se clasificaron como dengue grave. La mediana de los niveles de colesterol total en los pacientes con dengue grave ($134,18 \pm 41,84$) fue significativamente más baja al compararla con la de aquéllos con dengue no grave ($144,52 \pm 37,01$) ($p=0,0391$). El análisis de regresión binomial ajustado por edad y sexo mostró que los sujetos con niveles de colesterol total por debajo de 130 mg/dl tienen mayor riesgo de desarrollar complicaciones de la enfermedad ($RR=1,90$; $IC_{95\%}: 1,01-3,55$; $p=0,043$).

Conclusiones. Con estos resultados se podría concluir que los niveles de colesterol total en la fase aguda podrían tener valor predictivo sobre la gravedad del dengue.



Micosis superficiales en el Laboratorio de Micología Clínica de la Universidad del Cauca

Emilce Folleco¹, Fabiola E. González²

¹ Asociación Colombiana de Estudiantes de Medicina, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

² Centro de Estudios en Microbiología y Parasitología, Departamento de Medicina Interna, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

Introducción. La alteración de los mecanismos de protección de la piel es aprovechada por hongos endógenos y exógenos para causar micosis superficial o profunda.

El objetivo de la investigación fue determinar los agentes etiológicos más frecuentes, y caracterizar la población en estudio y los factores de riesgo asociados a las micosis superficiales.

Materiales y métodos. En un estudio prospectivo a partir de año 2008, se recolectaron muestras de lesiones cutáneas y de uñas para examen con KOH y cultivo para hongos, se solicitó consentimiento informado y se aplicó una encuesta estructurada. Se analizaron 136 pacientes que cumplieron los criterios de inclusión definidos en el estudio. Los factores asociados se analizaron mediante la prueba de ji al cuadrado para variables categóricas

y se estableció como significativa una p menor de 0,05.

Resultados. Hubo 61 % de mujeres y 39 % de hombres, con promedio de edad de 36 años: estudiantes (35,3 %), amas de casa (16,9 %) y comerciantes (14,7 %). Los exámenes micológicos fueron positivos en 41,9 % de los casos. Los hongos más frecuentemente aislados fueron: *Trichophyton mentagrophytes* (32 %), *Trichophyton rubrum* (22,6 %), mohos no dermatofitos (20,7 %) y *Candida albicans* (18,8 %). Los sitios anatómicos más afectados fueron: planta de pies e interdigital (35,3 %), uña del dedo gordo (22,8 %) y miembros superiores (14 %). En 8,8 % hubo tratamiento previo con corticoesteroides y, en 35,3 %, con antifúngicos, en el último año.

En los pacientes con resultados positivos no fueron estadísticamente significativas las variables: comparten cortaúñas (47,3 %), no secan sus pies a nivel interdigital con toalla diferente (43,8 %), utilizan servicio de arreglo de uñas (22,8 %), comparten la toalla (17,5 %) comparten la ducha (100 %), utilizan el mismo calzado por más de ocho horas (84,2 %), solamente el compartir chanchas ($p<0,046$).

Conclusión. Los agentes etiológicos aislados son oportunistas y causan diversidad de manifestaciones clínicas; en los pacientes se observó deficiencia en el cuidado de su piel y compartían objetos de aseo personal y fómites que pueden ser reservorios de los hongos. Es importante que se eduque a los pacientes, quienes muchas veces suelen recibir tratamientos empíricos.



Importancia de los azúcares de la membrana celular en diversos procesos biológicos

Erika Francisca Garrido, Luis Carlos Burgos
Grupo Malaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción. La membrana celular consta de diferentes macromoléculas, como lípidos, proteínas y carbohidratos. Los carbohidratos aparecen principalmente en el extremo terminal de las demás macromoléculas y dan lugar a la formación de glucoconjugados que constituyen la capa más externa de la célula denominada glucocálix. Este participa en importantes eventos celulares, tales como diferenciación celular, mecano-transducción y remodelación del citoesqueleto, y es protagonista en las interacciones huésped-parásito en las enfermedades infecciosas.

Por lo anterior, los glucoconjugados son usados por diversos microorganismos para ingresar, sobrevivir, proliferar y evadir la respuesta inmunitaria del huésped. En el caso particular de la malaria, los glucosaminoglicanos sulfatados juegan un papel crítico en la invasión, adhesión, maduración en el mosquito, migración en el hepatocito y cambio de un fenotipo adhesivo de *Plasmodium* a uno invasivo.

Materiales y métodos. Se hizo una revisión sistemática de la literatura científica relacionada con el tema y publicada en libros especializados, artículos de revisión y derivados de investigación encontrados en las bases de datos del NCBI, Science Direct y Springerlink.

Los criterios de inclusión se basaron en artículos y libros publicados entre 1975 y 2010. Las palabras clave en la búsqueda de la información fueron: glucocálix, carbohidratos complejos, glucanos e infección, glucanos y malaria.

Finalmente, se hicieron la recopilación, el análisis y la síntesis de la información de interés.

Resultados. Se observó la importante participación de los carbohidratos complejos en diferentes procesos biológicos gracias a su naturaleza de moléculas informativas (comunicación y señalización celular), al tiempo que se constituyen en importantes factores de virulencia que facilitan la aparición de enfermedades infecciosas en humanos. Queda también manifiesto que los glucosaminoglicanos son moléculas clave en la fisiopatología de la malaria y, finalmente, se postulan estas moléculas como posibles blancos terapéuticos.

• • •

Esporotricosis en el departamento del Cauca

Fabiola E. González

Centro de Estudios en Microbiología y Parasitología, Departamento de Medicina Interna, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Colombia

Introducción. De la esporotricosis se desconoce su verdadera frecuencia en el Cauca y en Colombia; suele presentar cuadros clínicos subagudos a crónicos polimorfos, muchas veces de difícil diagnóstico clínico.

El objetivo del estudio fue describir las características clínicas y epidemiológicas de los pacientes con diagnóstico por cultivo en el laboratorio de microbiología de la Facultad Ciencias de la Salud de la Universidad del Cauca.

Materiales y métodos. Se llevó a cabo un estudio retrospectivo (2002-2010) de 20 pacientes en cuyas

muestras clínicas se aisló e identificó *Sporothrix schenckii*. Para el análisis de las variables se utilizó el paquete estadístico SPSS v. 18.

Resultados. El estudio indicó que igual porcentaje de hombres y mujeres la padecieron, observándose que 40 % eran mayores de 51 años; el 40 % pertenecía al área rural del municipio El Tambo (Cauca), con dedicación a tareas del campo, agricultura en los hombres y recolección de madera en las mujeres amas de casa; 25 % pertenecía al municipio de Popayán, con diversas actividades laborales, amas de casa, chofer, ebanista o agricultor. El 35 % recordaba trauma cutáneo al cargar madera y un 20 % por picadura por insectos, pero 30 % no recordaba ningún tipo de trauma; se afectaron los miembros superiores en 55% y los inferiores en 25 %. La esporotricosis cutánea fija se presentó en 55 % y la linfangítica en 45 %. El tiempo de evolución fue de uno a seis meses en 85 %. El 70 % de los pacientes había recibido tratamiento con antibacterianos y, 5 %, para leishmaniasis.

Conclusión. Este estudio demuestra que la esporotricosis es subdiagnosticada en el Cauca. Un gran porcentaje de pacientes recordaba algún trauma cutáneo en su actividad laboral. El diagnóstico clínico de una piodermatitis subaguda o crónica es difícil, por lo que es importante realizar los estudios microbiológicos correspondientes, antes de iniciar un tratamiento antimicrobiano.

• • •

Caracterização da infectividade e resposta imune humoral em *Mus musculus* inoculados com o triatoma vírus

Jailson Fernando Brito Querido¹, Diego M. A. Guérin², Jon Agirre², Gerardo A. Marti³, Marcelo Sousa Silva¹

¹ Unidade de Ensino e Investigação de Clínica Tropical, Centro de Malária e Outras Doenças Tropicais, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Lisboa, Portugal

² Universidad del País Vasco (CSIC-UPV/EHU), Leioa, Espanha

³ Centro de Estudos Parasitológicos y de Vectores, La Plata, Argentina,

Introdução. O *Triatoma Virus* (TrV) é um patógeno de *Triatoma infestans*, o mais importante agente responsável pela transmissão do protozoário *Trypanosoma cruzi*, agente etiológico da doença de Chagas. Não existe nenhuma vacina eficaz na prevenção da doença de Chagas, por isso o controlo vectorial tem sido a única forma eficaz no controlo da transmissão vectorial. A possibilidade

de desenvolvimento de resistência a insecticidas por triatomíneos e os custos associados ao controlo físico, tem impulsionado o desenvolvimento de novas técnicas de controlo vectorial. O TrV é o único inimigo natural do *T. infestans*, por isso a sua utilização como ferramenta no controlo biológica tem sido equacionado.

Neste trabalho pretende-se contribuir para um melhor entendimento do papel do TrV durante a relação parasita-vector-hospedeiro.

Materiais e métodos. O TrV e as partículas vazias de TrV utilizadas neste trabalho foram purificados a partir de amostras de fezes de triatomíneos. 5 grupos de ratinhos *Mus musculus* foram inoculados com PBS (grupo 1), 3.000 µg de partículas vazias de TrV (grupo 2) e três diferentes doses do vírus TrV: 3.000 µg (grupo 3), 300 µg (grupo 4) e 30 µg (grupo 5). 45 dias após a inoculação os animais foram sacrificados. Na análise serológica utilizouse o método ELISA indirecto para a pesquisa anticorpos anti-TrV. Fez-se a pesquisa de IgG total, IgG1, IgG2a, IgG3 e IgM. Para a pesquisa de TrV no sangue dos animais, utilizou-se a técnica de RT-PCR.

Resultados. O perfil da produção de anticorpos anti-TrV nos animais inoculados com as partículas vazias de TrV ou com TrV parece ser semelhante entre os grupos de animais, sugerindo assim a não infectividade do TrV em *M. musculus*. Adicionalmente, há uma diminuição da resposta humoral em função da diminuição da concentração de TrV administrado.

Conclusão. Parece que o TrV não infecta *M. musculus* nas concentrações utilizadas, contudo estes resultados precisam ser confrontados com a pesquisa do TrV no sangue dos animais.

Agradecimentos. Este trabalho realiza-se no âmbito da RedTrV - CYTED (Ação 209RT0364).

• • •

Deleción del gen R-cognina y evaluación de su papel en la adhesión de *Candida albicans* a diferentes líneas celulares

Jorge Enrique Gómez, Mónica Liliana Rincón
Grupo de Estudios en Parasitología y Micología
Molecular, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío

Introducción. *Candida albicans* es un parásito oportunista emergente, frecuentemente asociado a pacientes inmunocomprometidos. La prevalencia de infecciones causadas por *C. albicans* va en aumento, comprometiendo frecuentemente diferentes órganos. Se desconocen los mecanismos que le confieren a

C. albicans la capacidad de infectar el tejido ocular u otros tejidos. La identificación y caracterización de una PDI R-cognina, como factor que medie o facilite la infección de diferentes órganos, puede ampliar y mejorar las posibilidades para la prevención y el tratamiento de infecciones causadas por esta levadura.

El objetivo del estudio es evaluar el papel del gen R-cognina en la adhesión de células de *C. albicans* a diferentes líneas celulares, desarrollar cepas mutantes y evaluar el fenotipo resultante.

Materiales y métodos. Se hizo un análisis bioinformático para la identificación del gen, además del diseño de cebadores específicos para la amplificación por PCR y se secuenciará el amplificado. Posteriormente, se cuantificará la expresión del gen por RT-PCR, evaluando la adhesión de la levadura a diferentes líneas celulares de manera conjunta. La disrupción del gen se realizará en la cepa BWP17 mediante la técnica de marcación del gen de interés con Sat1, se transformarán las cepas y al seleccionar las mutantes, estas se usarán para realizar nuevamente el ensayo de adhesión en las diferentes líneas celulares.

Resultados preliminares. En la base de datos de *Candida*, se encontró una proteína homóloga a R-cognina; esta proteína pertenece a la familia de las proteínas disulfuro isomerasa. Se amplificó una región de 870 pb correspondiente a una región catalítica de la proteína. Los ensayos preliminares de adhesión a la línea celular THP1 mostraron un 25 % de adhesión.

Conclusiones. Hasta ahora no se han reportado amplificados pertenecientes a esta proteína en *C. albicans* y este es el primer reporte.

• • •

Alteraciones morfológicas en tejido pulmonar asociadas a la infección por influenza A H1N1/v09 en casos de autopsia del territorio colombiano en 2009

Jorge Rivera¹, Ladys Sarmiento¹, Edgar Parra², Gabriel Toro², Marcela Neira², Jairo Méndez³, Juliana Barbosa³, María Leonor Caldas¹

¹ Grupo de Morfología Celular, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

² Grupo de Patología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

³ Grupo de Virología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia

Introducción. La influenza es una enfermedad respiratoria aguda que se presenta de forma

estacional o pandémica. En 2009, la OMS declaró una pandemia por influenza de tipo A en la que se reportaron 239 muertes y 3.876 casos de infección en Colombia.

El objetivo de este trabajo fue describir los cambios morfológicos asociados a la infección por virus A H1N1/v09 en tejido pulmonar de autopsias realizadas durante la pandemia en Colombia.

Materiales y métodos. Se estudiaron 75 casos con diagnóstico por RT-PCR para el virus A H1N1/v09, mediante microscopía de luz convencional, de los cuales, 20 se seleccionaron para el estudio morfológico mediante microscopía óptica de alta resolución, inmunohistoquímica y microscopía electrónica de transmisión.

Resultados. De los 75 casos estudiados, 83 % presentó un diagnóstico histopatológico de neumonitis viral y 17 % de alveolitis necrosante. Se presentaron complicaciones por hemorragia en 66 %, edema en 89 %, daño alveolar difuso en 2 % y coinfección bacteriana en 32 %.

Los cambios morfológicos más sobresalientes fueron: destrucción del intersticio y epitelio alveolar, formación de hebras de fibrina, ruptura de membranas citoplásmicas, edema y vacuolización citoplásmica en neumocitos de tipo I.

Se observó infiltración masiva de macrófagos y linfocitos T y B en el intersticio y la luz alveolar, y marcación para antígenos virales en el epitelio bronquiolar y en células del infiltrado alveolar.

Conclusión. El porcentaje bajo de coinfección bacteriana observado en los casos de infección por influenza A H1N1/v09 en este estudio, es una característica sobresaliente que sugiere que el resultado fatal en la infección, probablemente, no está asociado con una enfermedad bacteriana secundaria, como se ha sugerido previamente.

Probablemente, las lesiones observadas son atribuidas al daño tisular en la respuesta inflamatoria celular y humoral asociada a la infiltración por células poliformonucleares y macrófagos en el intersticio y la luz alveolar, y a la infección viral.



Estudio preliminar para la identificación de microorganismos en el comedor escolar de la Institución Educativa Ciudadela del Sur, Armenia, Quindío

Luisa Fernanda Patiño, Marleny Salazar, Fabiana María Lora-Suárez

Facultad de Educación, Programa de Licenciatura en Biología y Educación Ambiental, Universidad del

Quindío, Armenia, Colombia

Grupo de Estudio en Parasitología y Micología Molecular, Centro de Investigaciones Biomédicas, Línea Giardiasis y Parásitos Intestinales, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

Introducción. En la actualidad, un gran porcentaje de la población escolar consume el almuerzo en los restaurantes escolares. Los comedores de los centros docentes tienen especial importancia desde el punto de vista de salud pública, porque se trata de comedores sociales utilizados por un grupo de población tipificada como vulnerable. Los alimentos juegan un papel importante en la transmisión de enfermedades de origen alimentario, debido a que se pueden contaminar a partir del aire, agua, suelo, animales, utensilios o el hombre, y durante el proceso de producción primaria, transporte, almacenamiento, elaboración, distribución hasta el consumo final por prácticas inadecuadas en la manipulación. Por ello, pueden ser el origen de las enfermedades de transmisión alimentaria.

Objetivo. Identificar microorganismos presentes en el comedor escolar de la Institución Educativa Ciudadela del Sur y diseñar una charla preventiva para la población de dicha institución, proporcionando una cartilla como material didáctico.

Materiales y métodos. Para identificar dichos microorganismos se realizaron observaciones generalizadas de la higiene en lo que tiene que ver con la manipulación de alimentos y fómites, incluyendo el estado de la cocina y el comedor. Para ello hubo un reconocimiento de lugares estratégicos para la ubicación de ocho cajas de Petri con medios de cultivo (agar-nutritivo y agar-Sabourad) utilizados durante el estudio, las cuales fueron llevados al laboratorio de biomédicas de la Universidad del Quindío, para identificar bacterias y hongos hasta el nivel de género.

Resultados. La población fúngica encontrada correspondió a los géneros *Penicillium* sp., *Acremonium* sp. y *Fusarium* sp., y se presentó en mayor cantidad; en bacterias se determinó 95 % de *Enterobacter cloacace*.

Conclusiones. Los microorganismos encontrados en el comedor escolar presentan algún tipo de capacidad patógena. Por lo tanto, son perjudiciales para la salud humana. Sin embargo, algunos géneros representan más riesgo que otros, *Fusarium* sp. es un representante fúngico peligroso, ya que produce tres tipos de micotoxinas diferentes, dos de las cuales provocan efectos tóxicos en la salud del hombre.



Caracterización de microorganismos saprofitos de bosque húmedo premontano, Circasia, Quindío

Mónica Liliana Rincón, Fabiana María Lora, Sandra Milena Coronado, Raúl Vargas
Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología, Programa Biología, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia
Grupo de Estudio en Parasitología y Micología Molecular, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

Introducción. La diversidad de microorganismos saprofitos que son usados de manera empírica en la elaboración de inóculos multifuncionales, es poco estudiada en los suelos de la región y esto es fundamental para entender el papel que estos juegan en el ecosistema; son necesarias la evaluación y la estandarización de técnicas innovadoras de aislamiento.

El objetivo del estudio fue caracterizar los microorganismos saprofitos de bosque húmedo premontano, mediante un método propuesto.

Materiales y métodos. En la zona correspondiente a bosque nativo, se trazó un cuadrante de 100 m y, en su interior, tres cuadrantes de 3 m²; se tomaron variables microclimáticas y se hizo el análisis fisicoquímico del suelo. Se tomaron y procesaron las muestras de suelo de manera convencional. También, se implementó una metodología de aislamiento que manejó un medio de cultivo basado en arroz y en tomar muestras durante dos semanas. Además, se vigiló el crecimiento de microorganismos en medio líquido durante seis semanas (simulando un inóculo microbiano). Se hizo la identificación microbiológica de todas las muestras, mediante pruebas bioquímicas y observación microscópica.

Resultados. El suelo muestreado es un andizol. Se aislaron 34 cepas en total y se identificaron 12 géneros: siete hongos filamentosos, dos levaduras y tres bacterias. Con la metodología estándar, se aisló el mayor número de géneros (*Aphanoascus*, *Cladosporium*, *Acremonium*, *Aspergillus*, *Penicillium*, *Bacillus*, *Streptococcus* y *Staphylococcus*); con el medio basado en arroz se aislaron tres géneros (*Mucor*, *Fusarium* y *Bacillus*), al igual que en el medio líquido (*Trichosporon*, *Cryptococcus* y *Bacillus*). El género *Bacillus* fue el único que estuvo durante cinco semanas en el medio líquido.

Conclusiones. Mediante la metodología propuesta y el inóculo, se aislaron sólo microorganismos saprofitos, lo que demuestra que estos ejercieron cierta selección para este tipo de microorganismos.

Saccharomyces cerevisiae como alternativa de controle para nematódeos gastrintestinais de ovinos

Tiago Gallina, Luciana Laitano Dias de Castro, Talita Bandeira Roos, Fábio Pereira Leivas Leite, Maria Antonieta Pereira Silva, Natália Berne Pinto, Gabriela de Almeida Capella, Gertrud Muller, Maria Elisabeth Aires Berne
Laboratório de Helminologia, Departamento de Microbiologia e Parasitologia, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Brasil

Introdução. Os prejuízos causados por nematódeos gastrintestinais de ovinos devem-se aos efeitos agudos da doença que resultam em morte e, principalmente, aos efeitos crônicos, que levam a um menor desenvolvimento corporal e redução na produção de carne e lã. As medidas de controle baseiam-se no uso de anti-helmínticos, aos quais os nematódeos apresentam graves problemas de resistência.

Neste estudo buscou-se avaliar o efeito do probiótico *Saccharomyces cerevisiae* como uma alternativa auxiliar no controle das parasitoses gastrintestinais de ovinos em condições de campo.

Material e métodos. Durante um ano, 40 cordeiros machos da raça ideal foram alocados em dois grupos de 20 animais, em dois piquetes de quatro hectares com contaminação natural por nematódeos gastrintestinais. O grupo tratado recebeu diariamente o probiótico *S. cerevisiae* na concentração de 1x10⁶ UFC/g de ração, e o outro grupo, controle, recebeu apenas ração. A quantidade de ração fornecida diariamente, para ambos os grupos, foi equivalente a 0,8% de MS/kg de peso vivo e era constituída de casca de soja (11% de PB). Análise da condição corporal e pesagem foram realizadas mensalmente. Os animais foram abatidos no fim do experimento para recuperação da carga parasitária.

Resultados. O nematódeo predominante foi *Haemonchus contortus* (>95%), em ambos os grupos. A carga parasitária de *H. contortus* mostrou uma redução de 72% (p<0.01) no grupo tratado com *S. cerevisiae*. Embora não tenha sido observada diferença significativa no ganho de peso, os ovinos suplementados com *S. cerevisiae* apresentaram melhor acabamento de carcaça, enquanto que os animais do grupo controle tinham carcaças sem cobertura de gordura e escore corporal.

Conclusão. O probiótico *Saccharomyces cerevisiae* mostrou efeitos benéficos em ovinos naturalmente infectados com nematódeos gastrintestinais, traduzidos principalmente pela redução da carga

parasitária de *H. contortus* e melhora na condição corporal.

Apoio. CNPq, CAPES e FAPERGS

Formas clínicas más frecuentes de hospitalización en pacientes con tuberculosis

Yrene María José Génez, Fredy Francisco González
Facultad de Ciencias Médicas, Universidad del Norte,
Asunción, Paraguay

Introducción. La tuberculosis es una enfermedad infectocontagiosa crónica que en el Paraguay sigue siendo una de gran incidencia. Uno de los factores que empeoran las formas clínicas de presentación es el virus de la inmunodeficiencia humana (HIV-sida). Desde siglos pasados, las enfermedades concomitantes influyen en el empeoramiento del nivel socioeconómico y, en la actualidad, se atribuye a las cepas farmacorresistentes.

Objetivos. Evaluar las formas clínicas que requieren hospitalización más frecuente en pacientes con diagnóstico confirmado de tuberculosis, en el Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias y del Ambiente, Profesor. Dr. Juan Max Boettner.

Métodos. Se hizo un estudio descriptivo y retrospectivo de los casos, que comprendió la revisión y la evaluación de historias clínicas de 50 pacientes internados con diagnóstico de tuberculosis y baciloscopia positiva.

Resultado. Se encontró que existe una prevalencia de infección de 76 % en el sexo masculino, en el que predominan la forma pulmonar (76 %) y la extrapulmonar (24 %).

En el sexo femenino, la prevalencia es de 23 %, que corresponde a la forma pulmonar en 75 % y a la forma extrapulmonar en 25 %.

Conclusión. Los resultados obtenidos servirán de base para el Sistema Nacional de Salud, para el Programa Nacional de Control de la Tuberculosis. Se demostró mayor prevalencia en el sexo masculino y que la forma clínica más frecuente es la pulmonar, que presenta estrecha relación en ambos sexos.



Caracterización de microorganismos ambientales a partir de lodos residuales

Yuliany López, Fabiana Lora, Jorge Enrique Gómez-Marín

Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología,
Programa de Biología, Universidad del Quindío,
Armenia, Colombia

Grupo de Estudio en Parasitología Molecular,
Universidad del Quindío, Armenia, Colombia

Introducción. El contenido de microorganismos en lodos residuales ha retomado interés a nivel mundial debido al incremento en el uso artesanal de estos subproductos, principalmente en la agricultura. Al caracterizar microbiológicamente los lodos residuales, se puede comprobar la existencia de microorganismos patógenos para la salud humana y para los suelos.

Objetivo. Caracterizar a nivel microbiológico los lodos residuales producto de la planta de tratamiento.

Materiales y métodos. Se realizaron 20 muestreos tomando como referencia las variables temperatura y pH, en diferentes tiempos de recolección; según esto, se clasificaron como lodo residual A (LRA) y lodo residual B (LRB). La recolección de las muestras se hizo tomando 10 ml de lodo residual en cada tubo Falcon, se almacenaron en bolsas ziploc y se transportaron en nevera de icopor con barras de hielo seco a 4 °C. Las muestras se sembraron en medios enriquecidos: agar sangre, agar papa dextrosa (PDA), agar MacConkey y agar Saboraud dextrosa. Para la identificación de los microorganismos, se hizo tinción de Gram para bacterias, azul de laftofenol para hongos y se practicaron pruebas bioquímicas con el API 20 E para la identificación de enterobacterias y API 20 C para levaduras.

Resultados. Se logró aislar y obtener colonias puras de tres tipos de bacterias, dos Gram negativas y una Gram positiva. Mediante el API 20 E se encontró *Escherichia coli*, se identificaron hongos filamentosos (*Aspergillus* spp.) y levaduras (*Candida* spp.).

Conclusiones. La enterobacteria *Escherichia coli* fue la que se encontró durante todos los muestreos realizados en las dos muestras tomadas (lodo residual A y lodo residual B).

Al caracterizar microbiológicamente los lodos residuales se puede determinar que las especies encontradas son potencialmente patógenas, ya que son clasificadas como microorganismos oportunistas.

