

Objetivo. Caracterizar molecularmente aislamientos de TcI responsables de seis brotes de enfermedad aguda de Chagas en el departamento de Santander durante el periodo 2008-2012.

Materiales y métodos. Se hizo la genotipificación de 12 aislamientos de *T. cruzi*, obtenidos de pacientes de cinco municipios de baja endemia y clasificados como TcI por amplificación de siete marcadores, mediante secuenciación del motivo (GT)_n (ATGT)_n (AT)_n (GT)_n del gen miniexón y el gen mitocondrial del citocromo B. Las secuencias se alinearon en BioEdit 7.2.0., usando la plataforma ClustalW.

Resultados. En cinco aislamientos se presentó homología con el genotipo G2 y, en tres, con el G11 (TcIb y TcId, respectivamente) del miniexón.

Once aislamientos se clasificaron como genotipo C según el citocromo B y un subgrupo de *ses* presentó la variación (SNP) T/C en la posición 232. Los demás aislamientos no mostraron homología con los marcadores evaluados.

Conclusiones. Todos los genotipos de TcI identificados se han relacionado con el ciclo de transmisión selvático. Sin embargo, en las residencias periurbanas y rurales de los pacientes no refieren vectores domiciliados. Esto sugiere que las poblaciones de *T. cruzi* circulantes en los cinco municipios, provienen de ecótopos externos y, debido a la superposición de los ciclos de transmisión, los humanos podrían infectarse con genotipos transportados por reservorios y vectores silvestres presentes en áreas boscosas contiguas a las viviendas.

..... ¶¶¶

177. Polimorfismo de los genes *Pfmsp-1*, *Pfmsp-2* y *Pf-glurp* en aislamientos clínicos de *Plasmodium falciparum* en Córdoba, Colombia

Virginia Rodríguez, Carlos Castro, María Yasnot, Luis Urango, Dafer Pérez

Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

Introducción. Las poblaciones de *Plasmodium falciparum* que se encuentran en un huésped son genéticamente diversas y varían de una región a otra. Su gran polimorfismo les permite evadir la respuesta inmunológica del huésped, diseminar la resistencia y favorecer la transmisión. Con marcadores moleculares, como el gen que codifica la proteína rica en glutamato (GLURP), y los genes de las proteínas de superficie del merozoito 1 y 2 (MSP 1, MSP2), se mide la diversidad genética de *P. falciparum*.

Objetivo. Determinar el polimorfismo de los genes *Pfmsp-1*, *Pfmsp-2* y *Pf-glurp* de *P. falciparum*, en pacientes con malaria en tres municipios de Córdoba.

Materiales y métodos. Se capturaron 45 pacientes febriles con sospecha clínica de malaria, provenientes de los municipios de Montelíbano, Puerto Libertador y Tierralta. En las muestras con confirmación por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) como positivas para *P.*

falciparum, mediante PCR anidada, se buscaron las diferentes familias alélicas y el polimorfismo en el tamaño de los fragmentos de amplificación de los genes *Pfmsp-1*, *Pfmsp-2* y *Pf-glurp*. Se analizó mediante estadística descriptiva.

Resultados. En la población estudiada se encontraron las variantes alélicas MAD20 y RO33 para el gen *Pfmsp-1* y predominó MAD20, con el 77,79 % (35/45). La variante alélica K1 no se encontró. Para el gen *Pfmsp-2* se evidenció la presencia de las familias alélicas IC/3D7 y FC27, distribuidas de manera similar en la población de estudio. El polimorfismo del gen *Pf-glurp* permitió establecer la circulación de tres diferentes variantes alélicas (690 pb, 740 pb y 790 pb).

Conclusiones. El polimorfismo de los genes *Pfmsp1*, *Pfmsp2* y *Pf-glurp* brinda información valiosa que permite evidenciar fácilmente las variaciones entre las poblaciones de *P. falciparum* que circulan en esta zona del país, así como determinar la presencia de infecciones múltiples.

..... ¶¶¶