

178. Polimorfismo genético del gen *Pvmsp-3α* de *Plasmodium vivax* en áreas con alto riesgo de malaria en Córdoba, Colombia

Carlos Castro, Virginia Rodríguez, María F. Yasnot

Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

Introducción. La diversidad genética de las poblaciones naturales de parásitos de *Plasmodium vivax* en áreas con gran riesgo de malaria en Córdoba (Colombia) fue estudiada mediante reacción en cadena de la polimerasa por el polimorfismo en la longitud de los fragmentos de restricción (PCR-RFLP) de la región variable del gen *Pvmsp-3α*.

Materiales y métodos. Se recolectaron 125 muestras de sangre a partir de pacientes con *P. vivax* que residían en los municipios de Tierralta, Puerto Libertador, Montelíbano, Moñitos y Tuchín. Se extrajo el ADN utilizando Chelex-100. La infección por *P. vivax* se confirmó mediante PCR anidada para amplificar un fragmento de 120 pb específico de *P. vivax*; en el caso de *P. falciparum*, el tamaño del producto de PCR que se debía obtener era de 205 pb. En las muestras con confirmación de *P. vivax*, se practicó la PCR-RFLP para el gen *Pvmsp-3α*; las enzimas de restricción utilizadas fueron *Alu I* y *Hha I*.

Resultados. De las 125 muestras analizadas por PCR anidada para el gen *Pvmsp-3α*, se amplificaron 116. El tamaño de los productos de PCR del gen *Pvmsp-3α* permitió evidenciar la circulación de tres diferentes genotipos (A, B y C). El 97,4 % de las muestras tenían infecciones simples y, el 2,6 %, infecciones policlonales. La digestión de los productos de PCR del gen *Pvmsp-3α* con la enzima *Alu I*, mostró 10 diferentes patrones de restricción y 9 con la enzima *Hha I*. Los resultados de la restricción enzimática de las 113 muestras analizadas, revelaron que 35,3 % y 41,6 % de estas muestras presentaban infecciones policlonales.

Conclusiones. El gen *Pvmsp-3α* exhibió gran polimorfismo y las infecciones policlonales en la población estudiada tienen una gran frecuencia. Los resultados sugieren que este gen puede ser utilizado en Colombia como un marcador molecular epidemiológico para la genotipificación de *P. vivax*.



179. Detección molecular por qRT-PCR del virus del dengue en el departamento de Sucre

Sindy Martínez, Erwin Camacho, Sindy Cabarca, Pedro Blanco

Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia

Introducción. El dengue se considera la enfermedad viral transmitida por vectores más importante en los seres humanos. La rápida expansión y la distribución del dengue hacen de esta enfermedad un problema de salud pública con una gran carga económica e impacto social en los países donde se producen grandes epidemias.

Objetivo. Detectar los serotipos del virus del dengue presentes en el departamento de Sucre y determinar la presencia de anticuerpos específicos contra este virus.

Materiales y métodos. Se recolectaron 294 muestras sanguíneas de personas con síndrome febril indicativo de dengue, a las cuales se extrajo el ARN viral. El genoma del virus se detectó por reacción en cadena de la polimerasa, qRT-PCR, con cebadores dirigidos a la región 3'NC, conservada

en los cuatro serotipos. Se incluyeron cebadores para la expresión del gen *RNase P*, como control interno de la reacción. A las muestras positivas se les hizo tipificación con cebadores específicos de serotipos. Además, se detectaron los anticuerpos IgM e IgG específicos contra dengue mediante ELISA de captura.

Resultados. De las muestras analizadas, 53,4 % fueron positivas para virus del dengue (DENV). La detección de dengue por qRT-PCR se pudo hacer en muestras tomadas de los 1 a 18 días de aparición de los síntomas. Se encontraron los serotipos 1, 2, y 3, siendo este último el más frecuente. Hubo niveles detectables de IgM en 158 (49,22 %) de las muestras de suero y, de IgG, en 112 (35 %). Los anticuerpos IgM e IgG específicos para DENV se pudieron detectar desde los 5 hasta los 13 días.