

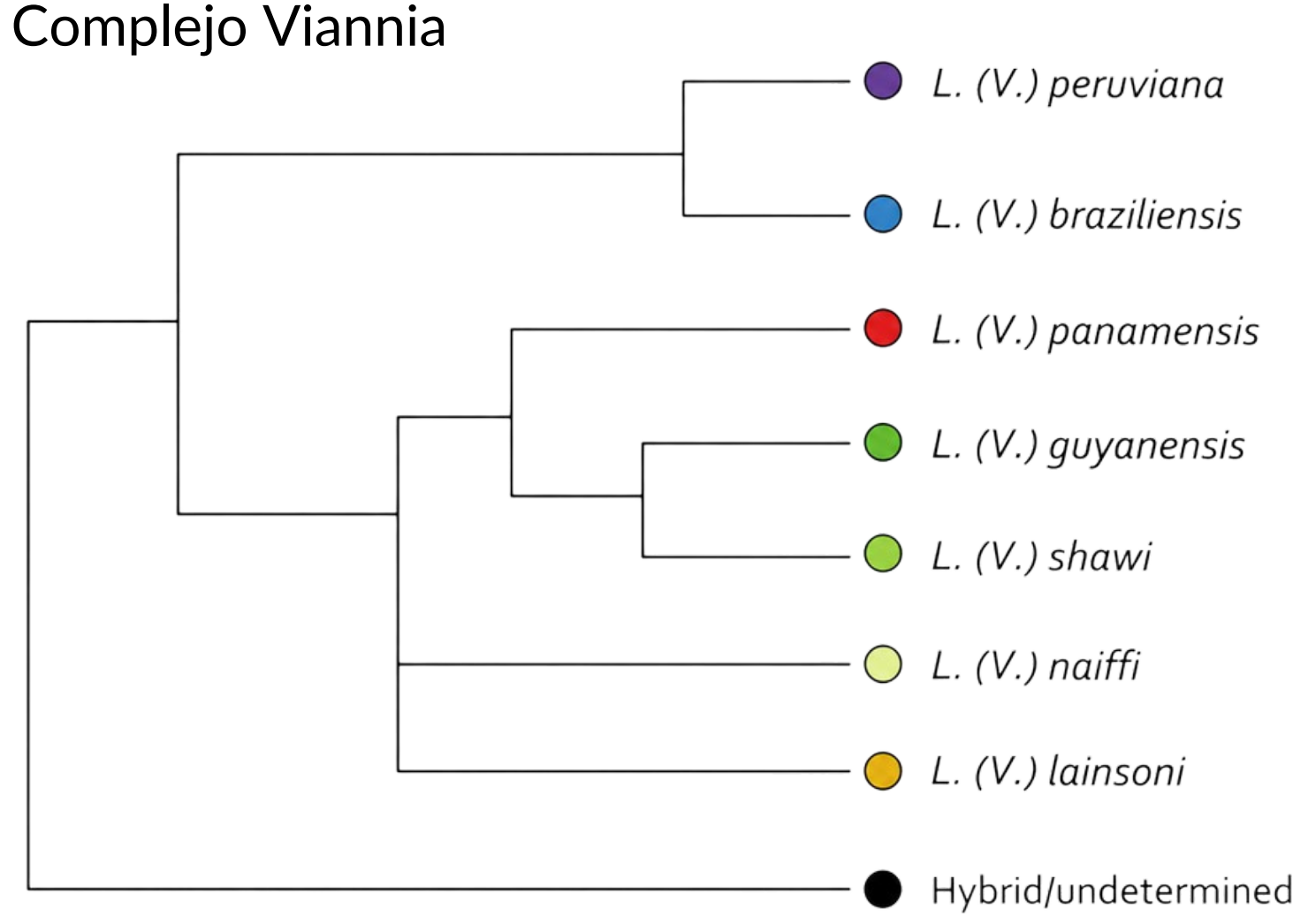
Introducción



La leishmania cutánea es un problema relevante para el personal militar colombiano por la exposición frecuente en zonas endémicas



- Alta exposición en zonas endémicas
- Importancia clínica y epidemiológica
- Relevancia para la vigilancia en Fuerza Militar





¿Qué especies de *Leishmania* circulan en el país?

Objetivo

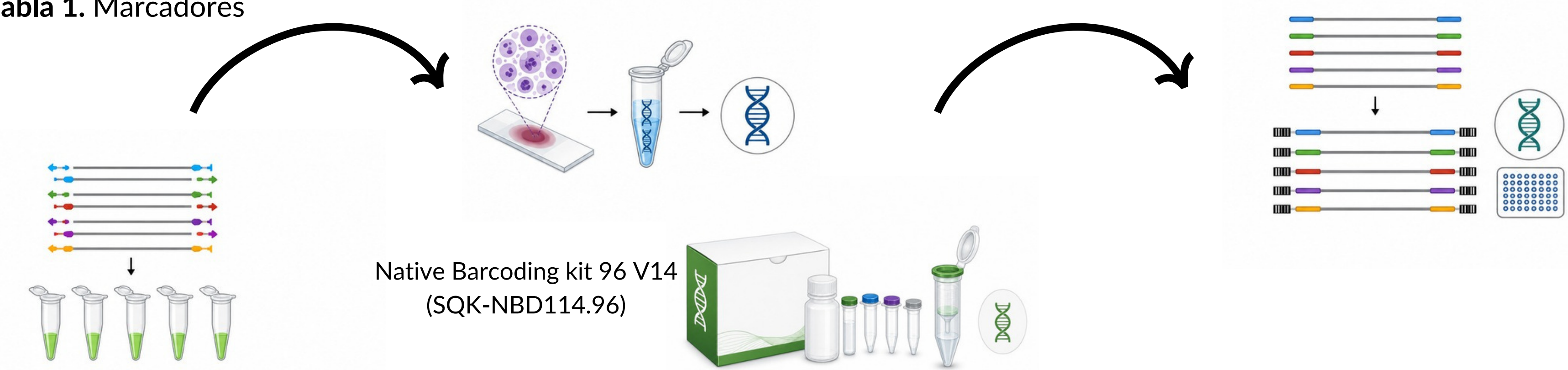
Caracterizar molecularmente muestras positivas para *Leishmania spp.* obtenidas de miembros activos del Ejército Nacional de Colombia mediante la estrategia MLSA basado en secuenciación de amplicones con tecnología Oxford Nanopore.

Metodología

Locus	Amplicon (pb)
G6PD	881
6PGD	836
MPI	681
ICD	1022
HSP70	1422

A. Se amplificaron cinco marcadores reportados en literatura mediante PCR convencional

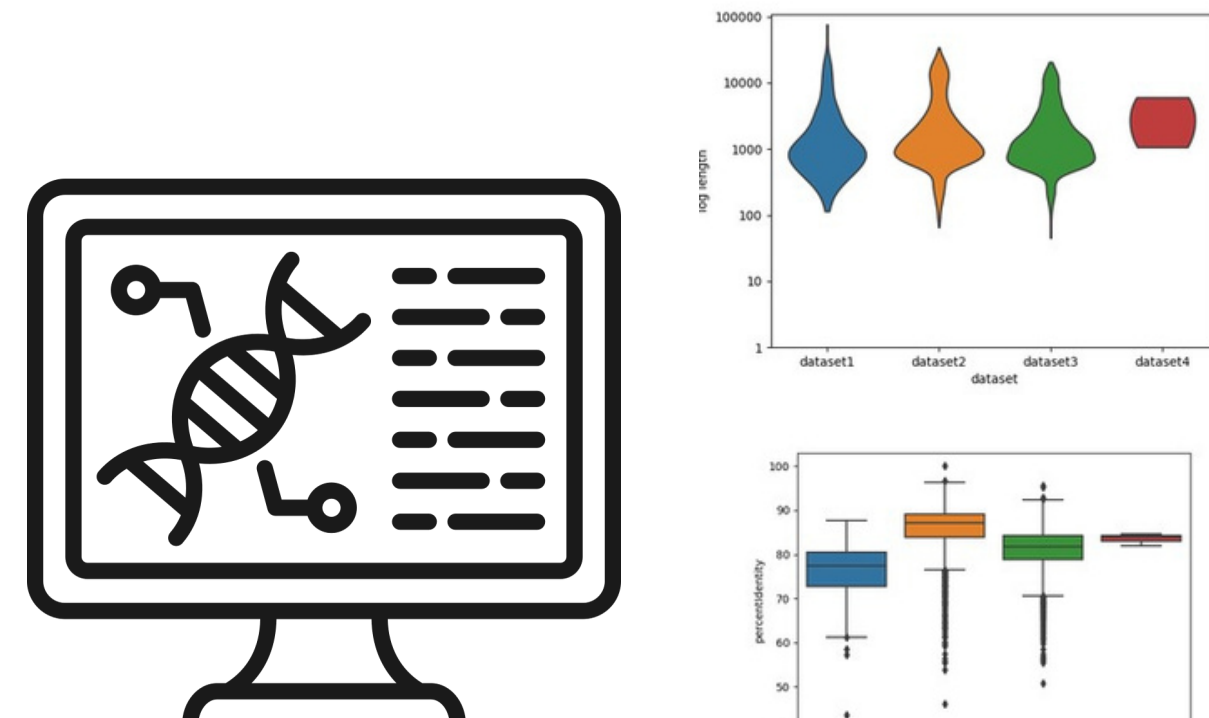
Tabla 1. Marcadores



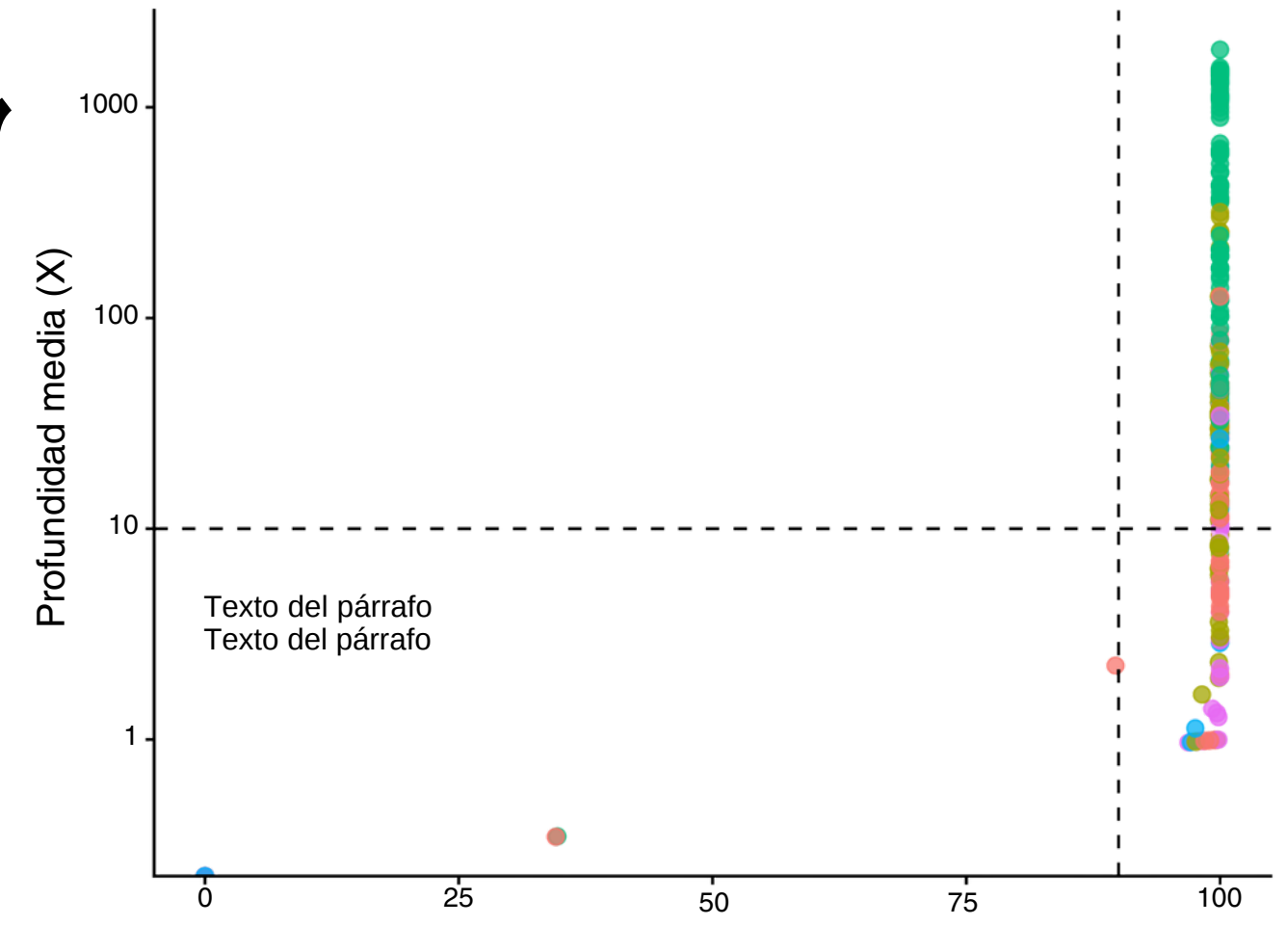
B. El ADN obtenido de frotis directos se preparó para secuenciación barcoding y ligación de adaptadores

C. Las librerías multiplexadas fueron secuenciadas en dispositivo MinION de Oxford Nanopore

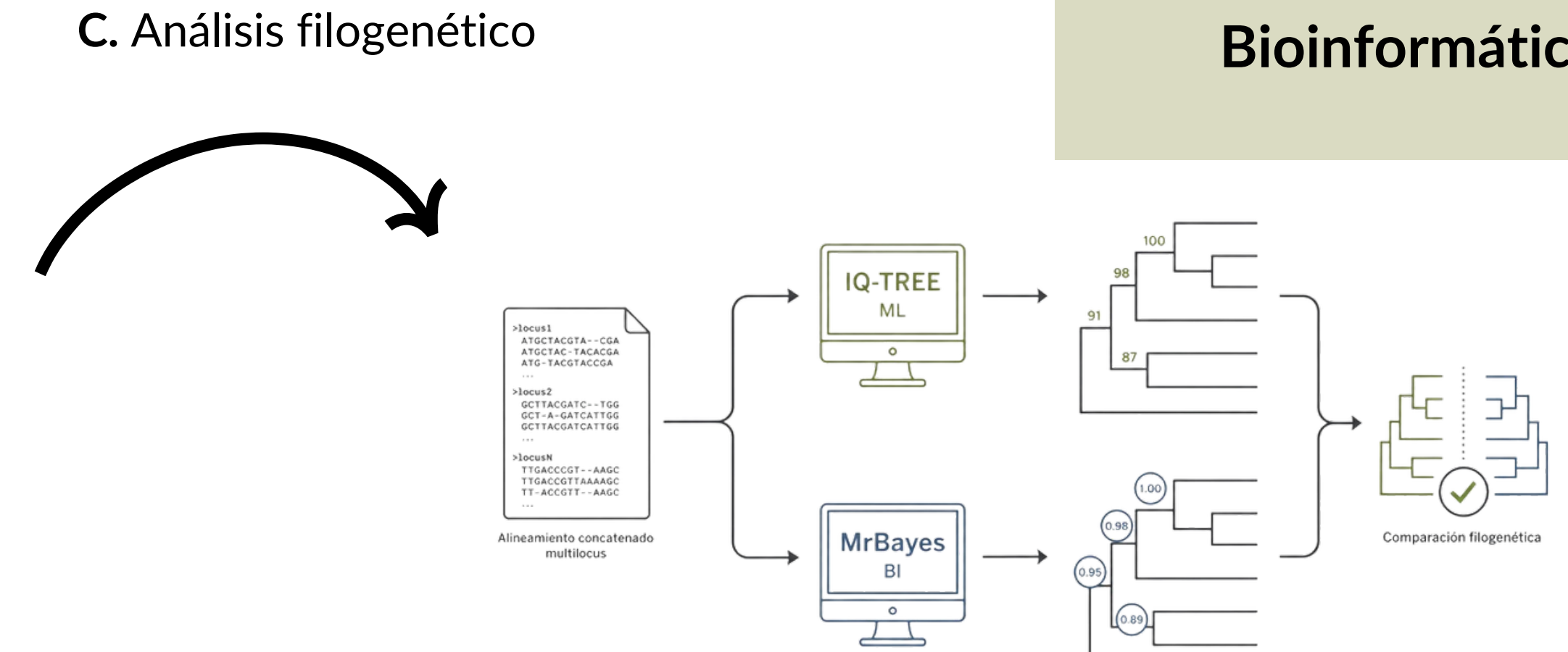
A. Control de calidad de secuencias



B. Filtrado de secuencias



C. Análisis filogenético



Resultados

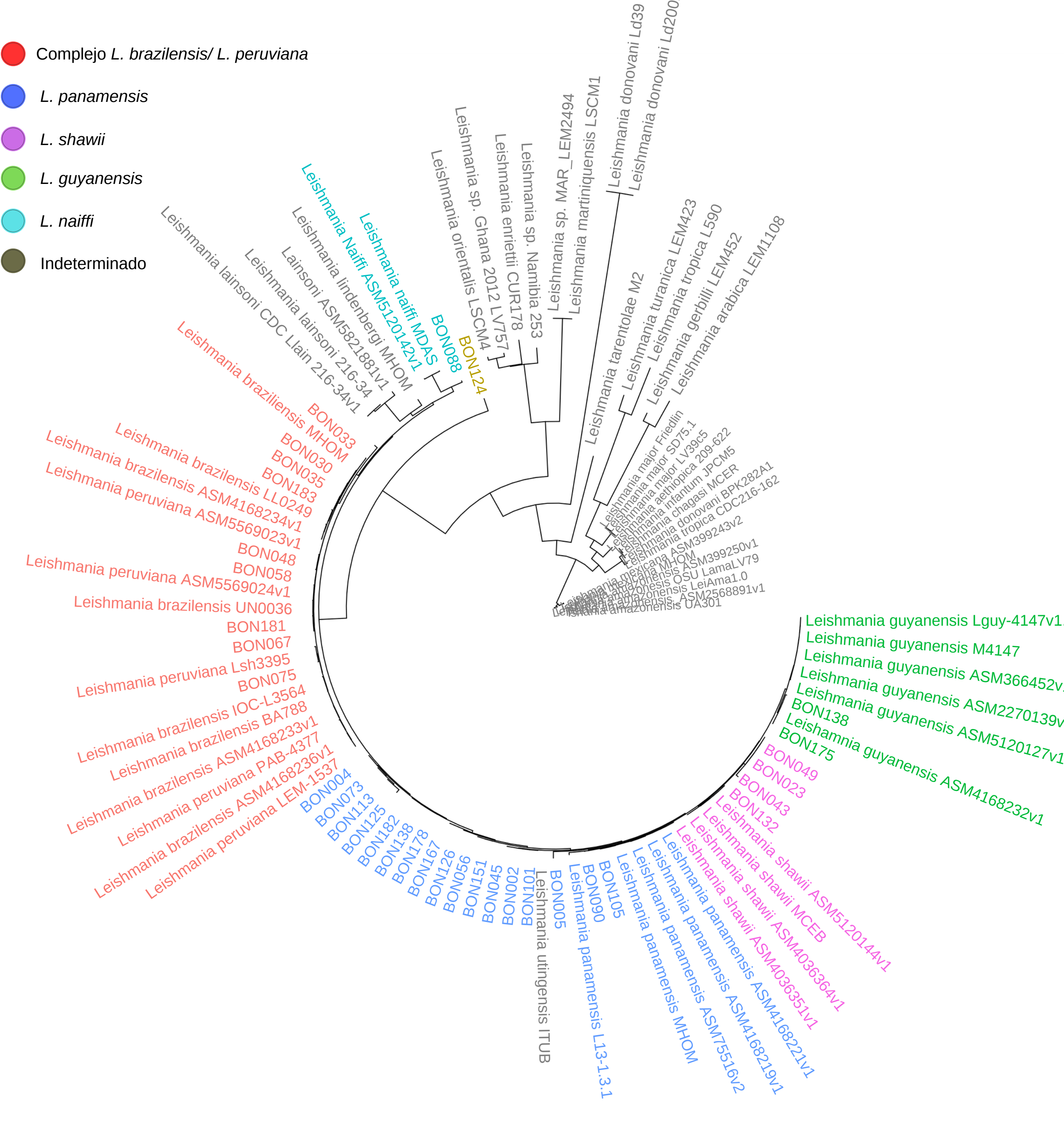
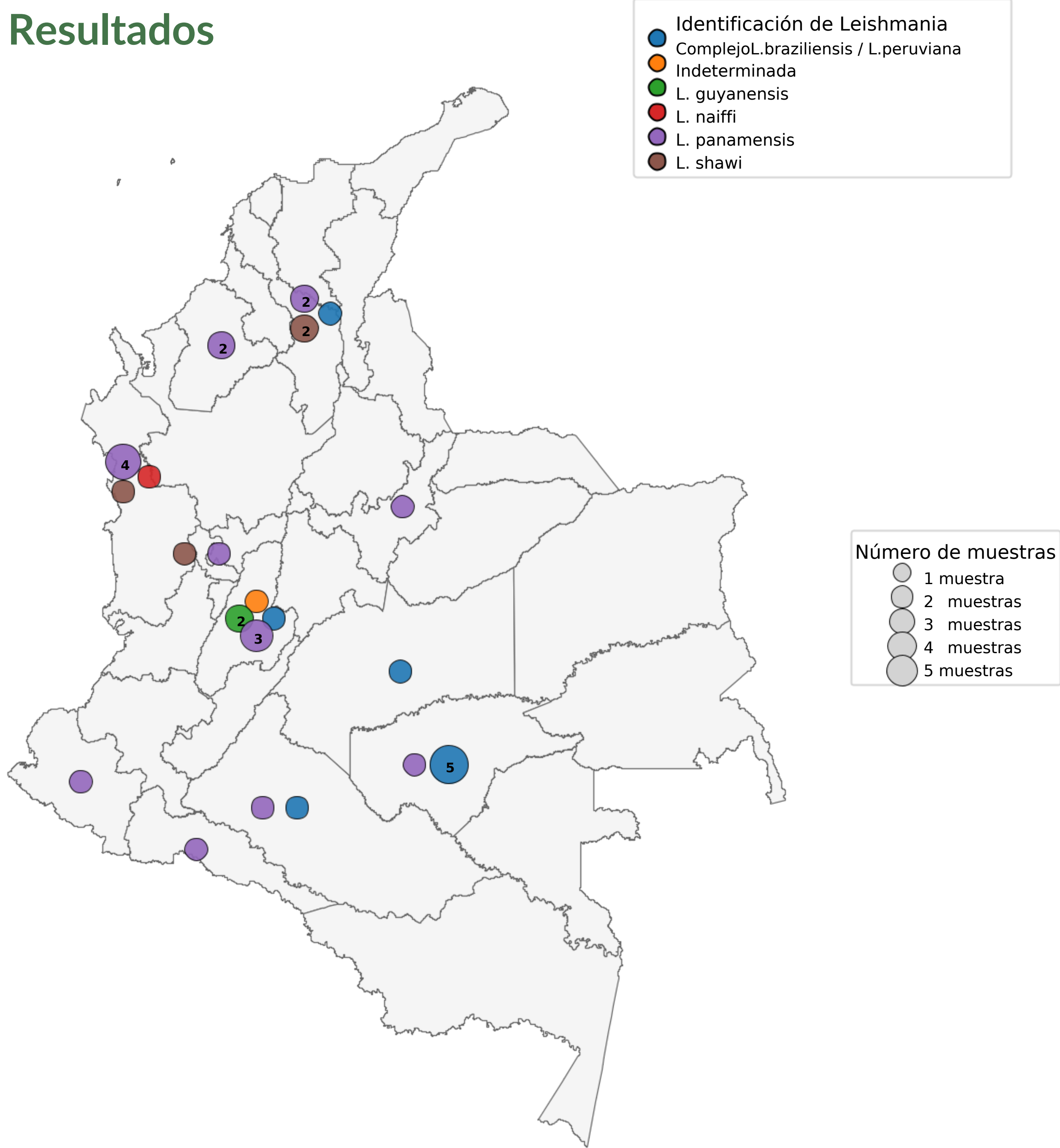


Figura 1. Distribución geográfica de las muestras de *Leishmania* en Colombia según su identificación filogenética multilocus.

Figura 2. Reconstrucción filogenética multilocus de *Leishmania* mediante máxima verosimilitud (IQTREE). El análisis de cinco loci concatenados permitió discriminar los principales linajes de subgénero *Viannia*.

Conclusiones & Perspectivas

- El análisis multilocus permitió discriminar varios linajes del subgénero *Leishmania* (*Viannia*), identificándose muestras relacionadas con el complejo *L. braziliensis*/*L. peruviana*, *L. panamensis*, *L. guyanensis*, *L. naiffi* y *L. shawi*.
- L. panamensis* presentó la distribución geográfica más amplia, mientras que el complejo *L. braziliensis*/*L. peruviana* también se detectó en múltiples localidades; *L. guyanensis*, *L. naiffi* y *L. shawi* mostraron una distribución más restringida.
- La inferencia por máxima verosimilitud, bajo el esquema de particiones seleccionado por IQ-TREE (TIM+F+I+R3 para G6PD/ICD/6PGD, TIM+F+R2 para HSP70 y HKY+F+I para MPI), permitió delimitar linajes dentro de *Viannia* y establecer su relación con secuencias de referencia. La comparación posterior con inferencia bayesiana permitirá evaluar la congruencia topológica y fortalecer el soporte de las asignaciones taxonómicas.

Referencias

