

SESIÓN V

Moderadores: Dra. Angélica González Maciel y
Dra. Ana Cecilia Navarro Ramírez

11:00-11:20 Dr. Luis F. Valenzuela Moreno. Diversidad genética de *Toxoplasma gondii* en gallinas de traspaso de Tabasco (Méjico) revela genotipos endémicos con predicción de virulencia variable en ratones.

11:20-11:40 Dr. Rolando Rivera González. Alteraciones Regulatorias en preescolares con diagnóstico de Retraso en el Desarrollo y Trastorno del Espectro Autista.

12:00-12:20 Dr. Carlos López Candiani. Disminución de morbilidad en neonatos con hipernatremia. Estudio de antes y después.



NOTA: Algunos de los resúmenes no se publican en las presentes memorias, por así convenir a los intereses de los autores.

Diversidad genética de *Toxoplasma gondii* en gallinas de traspaso de Tabasco (Méjico), revela genotipos endémicos con predicción de virulencia variable en ratones

Genetic diversity of *Toxoplasma gondii* in free-range chickens from Tabasco (Mexico) reveals endemic genotypes with a predicted variable virulence in mice.

Luis Fernando Valenzuela Moreno,¹ Carlos Cedillo Peláez,¹ Claudia Patricia Rico Torres,¹ Luz Belinda Ortiz Alegría,¹ Irma Cañedo Solares,¹ Héctor Luna Pastén,¹ Lluvia Guadalupe Moreno Pérez,² Claudia Virginia Zaragoza Vera,² Lizbeth Xicoténcatl García,³ Fernando García Lacy,⁴ José Antonio Vargas Villavicencio,¹ Heriberto Caballero Ortega¹

Resumen

ANTECEDENTES: La toxoplasmosis es una zoonosis ocasionada por *Toxoplasma gondii* que afecta principalmente a mujeres embarazadas, neonatos y personas inmunosuprimidas. El estado de Tabasco posee condiciones climáticas y bióticas propicias para la diseminación y perpetuación de *T. gondii*, lo que favorece su gran variabilidad genética, que puede generar la aparición de variantes más virulentas. Actualmente se han descrito 319 genotipos diferentes con virulencia variable en múridos.

OBJETIVO: Aislar y genotipificar a *Toxoplasma gondii* de tejidos de gallinas y predecir la virulencia de los aislamientos en ratones exogámicos a partir de marcadores genéticos asociados.

MATERIALES Y MÉTODOS: Se colectaron corazones y encéfalos de 12 gallinas de traspaso provenientes de siete municipios de Tabasco para intentar el aislamiento del parásito en ratones. La proliferación de taquizóitos se llevó a cabo en cultivo celular de fibroblastos de ratón NIH3T3. Se realizó la extracción de DNA y la genotipificación de cada uno de los aislamientos mediante Mn-PCR-RFLP de 15 marcadores de *T. gondii*.

RESULTADOS: Se obtuvieron 12 aislamientos; dos fueron genotipo ToxoDB #8, tres ToxoDB #28, cuatro ToxoDB #38 y tres genotipos no reportados previamente. Los genotipos #8, #28 y #38 ya habían sido descritos en otros estados del centro y sureste mexicano, mientras que los tres genotipos nuevos no han sido reportados en ninguna otra parte del mundo, por lo que se les asignaron los genotipos ToxoDB #344, #345 y #346. En los marcadores de virulencia ROP18/ROP5 se encontraron combinaciones genéticas que predicen alta y baja virulencia en ratones.

CONCLUSIONES: *Toxoplasma gondii* es altamente prevalente en el estado de Tabasco, ya que se obtuvieron aislamientos del parásito en más del 50% de los animales colectados. De estos aislamientos se predicen variantes virulentas y no virulentas en ratones que pudieran tener impacto en la salud pública.

PALABRAS CLAVE: *Toxoplasma gondii*; genotipificación; virulencia; gallinas; genotipos nuevos; México.

¹ Laboratorio de Inmunología Experimental, Subdirección de Medicina Experimental, Instituto Nacional de Pediatría.

² División Académica de Ciencias Agropecuarias, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, México.

³ Bioterio, Subdirección de Medicina Experimental, Instituto Nacional de Pediatría.

⁴ Departamento de Medicina, Cirugía y Zootecnia para Équidos, FMVZ, UNAM.

Campo del conocimiento: Biomédica

Vinculación a proyecto de Investigación INP: 2020/039

Financiamiento externo: Este trabajo fue financiado parcialmente por el CONACyT (A1-S-21955)

Correspondencia

Heriberto Caballero Ortega
hcaballero_2000@yahoo.com.mx

Abstract

BACKGROUND: Toxoplasmosis is a zoonosis caused by the parasite *Toxoplasma gondii*. The most affected population are pregnant women, newborns, and immunosuppressed patients. The State of Tabasco, Mexico, has both climatic and biotic conditions that favors the parasite's dissemination and perpetuation, which create its great genetic variability, and can also generate the appearance of more virulent variants. To date, 319 different genotypes have been described worldwide with a wide variation of its virulence levels in murine models.

OBJECTIVE: To isolate and genotype *Toxoplasma gondii* from free-range chicken tissues and to predict the virulence of the obtained isolates by the identification of the associated genetic markers.

METHODOLOGY: Heart and brain samples of 12 free-range chickens from seven municipalities of Tabasco were collected to attempt the parasite's isolation in mice. Obtained tachyzoites were propagated in NIH3T3 mice fibroblasts. Parasite DNA was extracted and used to genotype each isolate by Mn-PCR-RFLP of 15 *T. gondii* genetic markers.

RESULTS: Twelve isolates were obtained in total. Two belonged to the genotype ToxoDB #8, tree ToxoDB #28, four ToxoDB #38 and three genotypes which has not yet been described or reported. The genotypes #8, #28 and #38 have already been described in States from the Center and Southwest regions of Mexico, whereas the three new genotypes have not been reported and were identified as the genotypes ToxoDB #344, #345 y #346. In virulence markers *ROP18/ROP5*, were identified combinations of alleles that can predict high and low virulence in murine models.

CONCLUSIONS: *Toxoplasma gondii* is highly prevalent in Tabasco, Mexico since isolates were obtained in more than 50% of the sampled animals. From these isolates virulent and non-virulent variants in murine model are predicted, which could have a direct impact in public health.

KEYWORDS: *Toxoplasma gondii*; genotyping; virulence; free-range chickens; new genotypes, México.

Alteraciones Regulatorias en preescolares con diagnóstico de Retraso en el Desarrollo y Trastorno del Espectro Autista

Regulatory Alterations in Preschoolers Diagnosed with Developmental Delay and Autism Spectrum Disorder.

Daniela González Gallardo,¹ Rolando Rivera González,² Ismene Corral Guillé²

Resumen

ANTECEDENTES: La evaluación y diagnóstico del Trastorno del Espectro Autista (TEA) se ha modificado a lo largo de los años. Complementar el diagnóstico con las dificultades en los procesos regulatorios, provee más información sobre el perfil específico de cada paciente.

OBJETIVO: Establecer criterios para el diagnóstico de Alteraciones Regulatorias en preescolares con TEA y con Retraso en el desarrollo utilizando la Escala de Regulación y Socioemocional (ERSE).

MATERIALES Y MÉTODOS: Se aplicó la ERSE en 229 niños de 36 a 72 meses, pertenecientes a tres grupos: Desarrollo normal, Retraso en el Desarrollo sin TEA y TEA. Se compararon las puntuaciones, las frecuencias de alteración y la distribución de respuestas esperadas por indicadores.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN: Sólo las puntuaciones de la regulación cognitiva de la ERSE mostraron diferencias del grupo TEA y Retraso con el grupo Desarrollo normal. Mientras que en las categorías tipo de regulación se observan diferencias entre los tres grupos. Las diferencias fueron más evidentes cuando se compararon las proporciones de respuestas indicativas de regulación adecuada, las indicativas de hiporreactividad e hiperreactividad fueron mayores en el Retraso sin TEA y mucho mayores en TEA, siendo más extremos los perfiles de alteración de regulación emocional y cognitiva en los niños con TEA. Combinar las puntuaciones generales con las proporciones de tipo de respuesta ofrece mayor sensibilidad diagnóstica y posibilidades de caracterización.

CONCLUSIONES: Los resultados obtenidos sugieren la importancia de considerar los patrones regulatorios como parte de la caracterización diagnóstica del TEA.

PALABRAS CLAVE: Trastorno Regulatorio, Regulación Emocional, Regulación Cognitiva, Neurodesarrollo, Autismo.

Abstract

BACKGROUND: The evaluation and diagnosis of Autism Spectrum Disorder (ASD) has changed over the years. Complementing the diagnosis with the difficulties in the regulatory processes provides more information about the specific profile of each patient.

OBJECTIVE: Establish criteria for the diagnosis of Regulatory Alterations in preschoolers with ASD and developmental delay using the Regulation and Socio-Emotional Scale (ERSE).

METHODOLOGY: The ERSE was applied to 229 children aged 36 to 72 months, belonging to three groups: Normal Development, Developmental Delay without ASD and ASD. The scores, frequencies of alterations and the distribution of expected responses by indicators were compared.

¹ Maestría en Rehabilitación Neurológica, Universidad Autónoma Metropolitana.

² Centro de Investigación del Neurodesarrollo, Instituto Nacional de Pediatría.

Campo del conocimiento: Clínica

Vinculación a proyecto de Investigación INP: 2014/086

Financiamiento externo: Fundación Gonzalo Río Arronte proyecto S.631

Correspondencia

Rolando Rivera González
rolandorivera66@gmail.com

RESULTS AND DISCUSSION: Only the ERSE cognitive regulation scores showed differences between the ASD and Delay group and the Normal Development group. While in the type of regulation categories differences are observed between the three groups, the differences were more evident when the proportions of responses indicative of adequate regulation were compared, those indicative of hyporeactivity and hyper-reactivity were greater in the Delay without Tea and much greater in ASD, with the profiles of altered emotional and cognitive regulation being more extreme in children with ASD. Combining overall scores with response type proportions offers greater diagnostic sensitivity and characterization possibilities.

CONCLUSIONS: The results obtained suggest the importance of considering regulatory patterns as part of the diagnostic characterization of ASD.

KEYWORDS: Regulatory Disorder, Emotional Regulation, Cognitive Regulation, Neurodevelopment, Autism.

Disminución de morbilidad en neonatos con hipernatremia. Estudio de antes y después

Reduction of morbidity in neonates with hipernatremia. Before-after study.

Carlos López Candiani,¹ Amador Ortega Hernández,² María Fernanda Zárate Sevilla,³

Resumen

ANTECEDENTES: La deshidratación hipernatrémica se observa con frecuencia en neonatos con lactancia no exitosa, por desbalance de agua y electrolitos. Diferentes métodos y tiempos de corrección pueden dar complicaciones. Desde 2010 usamos un método estandarizado para corregir hipernatremia y disminuir complicaciones.

OBJETIVO: Comparar el desenlace neurológico adverso en neonatos con hipernatremia antes y después de usar un tratamiento estandarizado.

MATERIAL Y MÉTODOS: Estudio retrospectivo, observacional, transversal, comparativo de antes y después en neonatos con hipernatremia tratados con método estandarizado. Se revisaron expedientes clínicos de pacientes de 2001 a 2021 y se formaron dos grupos. El grupo "antes" con pacientes atendidos de 2001-2010; 2011 fue año de implementación y 2012-2021 se consideró el grupo "después". Se obtuvieron variables demográficas, clínicas, bioquímicas y de tratamiento, así como desenlaces en ambos grupos. Se compararon con prueba χ^2 y prueba t.

RESULTADOS: Se incluyeron 242 casos: 79 en grupo antes, 5 del grupo de implementación y 158 del grupo después. La única diferencia significativa en variables independientes fue la creatinina sérica con 3.6 mg/dL antes y 2.5 mg/dL en el grupo después ($p=0.02$), pero no en el porcentaje de peso perdido ni natremia al ingreso. Se documentó una disminución significativa de pacientes con exploración neurológica anormal al egreso, electroencefalograma anormal y variable combinada de cualquier desenlace adverso.

CONCLUSIONES: El tratamiento estandarizado de hipernatremia neonatal permitió disminuir desenlace neurológico adverso en recién nacidos.

PALABRAS CLAVE: Neonato, deshidratación, hipernatremia, morbilidad, mortalidad.

Abstract

BACKGROUND: Hypernatremic dehydration is observed in newborn with unsuccessfully lactation, due to unbalanced water and electrolytes. Different methods to correct it, can cause complications. Since 2010, we use a standarized method to treat hipernatremia in infant newborns.

AIM: To compare neurologic adverse outcome in newborn with hipernatremia in two different periods; before and after to use standarized treatment.

METHODS: Retrospective, observational, cross-sectional and comparative study: before-after design, in neonates with hypernatremia treated with institutional standarized method. Clinical records of newborns between 2001 and 2021 with hipernatremia were reviewed. Group 1 (before) with patients from 2001 to 2010; 2011 was the implementation year and second group (after) from 2012 to 2021. Demographic, clinic, biochemical and treatment variables were obtained. χ^2 and t test were used to compare outcomes between both groups.

RESULTS: 242 cases were included: 79 in first group and 158 in second group. Five patients were not included in comparation because were treated in implementation

¹ Subdirección de Medicina Crítica, Instituto Nacional de Pediatría.

² Pediatra.

³ Neonatóloga.

Campo del conocimiento: Clínico
Vinculación a proyecto de Investigación INP: GA/084/22

Financiamiento externo: No aplica

Correspondencia

Carlos López Candiani
clopezcandiani@gmail.com

year. Serum creatinine was different between groups: 3.6 mg/dl in group 1, and 2.5 mg/dL in second group ($p=0.02$); lost weight and serum sodium were similar. We found less neurologic abnormalities, abnormal EEG and combined adverse outcome at discharge in second group.

CONCLUSION: Standardized treatment of neonatal hipernatremia allowed reduce neurologic adverse outcomes in infant newborn.

KEYWORDS: Infant newborn, dehydration, hipernatremia, morbidity, mortality.