

18. Genotipificación y diversidad genética de *Cryptosporidium* spp, en aislados colombianos y su asociación con variables clínico-epidemiológicas

Johanna Marcela Urán-Velásquez^{1,2}, Juan Fernando Alzate-Restrepo^{2,3}, Ana Luz Galván-Díaz⁴, Gisela María García-Montoya²

INTRODUCCIÓN

Cryptosporidium es un protozoo intestinal causante de gastroenteritis y diarrea en humanos, la cual puede ser mortal en personas con depresión de su sistema inmune. La dispersión cosmopolita del parásito se ve favorecida por el amplio rango de hospederos que puede infectar, presentándose transmisiones tanto zoonóticas como antroponóticas a través de diversas fuentes de infección, como el agua incluso aquella de consumo humano sometida a procesos de potabilización. A la fecha, se reportan 38 especies en *Cryptosporidium*, siendo *C.hominis*, *C.parvum* y *C.meleagridis* las de mayor impacto en salud pública humana. Se reporta dentro de la especie hominis variabilidad y diversidad genética representada en 11 familias alélicas y 39 subgenotipos, siendo el IbA10G2 el más frecuente, con una expansión epidémica en la naturaleza y una transmisión principal de tipo antroponótica. Para *C.parvum* se describen 15 familias alélicas y 54 subgenotipos, el más frecuente IIaA15G2R1 con una expansión panmítica y una transmisión zoonótica. y para *C.meleagridis* 7 familias alélicas y el subgenotipo más frecuente el III-bA26G1R1 dentro de los 31 descritos. Se propone que esta diversidad genética encontrada en *Cryptosporidium*, se debe a eventos de recombinación genética y mutaciones que se mantienen en la población y en el tiempo, por diferentes eventos biológicos como la presión selectiva y la segregación geográfica, entre otros. Se describe también que los subgenotipos se asocian con presentaciones de casos puntuales, brotes o epidemias, además con fuentes de infección, distribución geográfica y niveles de patogenicidad diferentes.

.....
¹ Estudiante de Maestría, Corporación Académica Ciencias Básicas Biomédicas U. de A.

² Grupo de Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia.

³ Centro Nacional de Secuenciación Genómica

⁴ Grupo de Microbiología Ambiental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia.

Correspondencia:

Financiación: Colciencias, 115-77757608

PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

El uso de marcadores moleculares en disciplinas como la epidemiología molecular, han permitido pasar del análisis macro al de estructura génica, aportando mayor resolución y detalle estructural, para dilucidar cambios en células del hospedador y de patógenos, que estén condicionados por el medio ambiente. A la fecha la mayoría de los análisis de genotipificación, diversidad genética y estructura poblacional descrita para *Cryptosporidium*, se basan principalmente en la información aportada por el marcador "gp60", sin embargo es claro que para tener datos más profundos y ajustados al contexto biológico, son necesarios análisis de diferentes loci, implementando el uso no solo de un número mayor de marcadores sino además con características diferentes. Particularmente para Colombia hay pocas publicaciones de genotipificación y no se reportan datos de diversidad que permitan inferir información sobre el comportamiento y dinámica de transmisión de *Cryptosporidium*.

OBJETIVO GENERAL

Describir la diversidad genética de *Cryptosporidium* spp. de aislados colombianos y su asociación con variables clínico-epidemiológicas que puedan usarse para inferir algunos aspectos de dinámica de transmisión del parásito en nuestro país.

METODOLOGÍA

Para la búsqueda de los aislados de *Cryptosporidium*, se contará con muestras de materia fecal de una cohorte de pacientes VIH positivos de Antioquia, a las cuales se les realizará extracción de ADN. Además, se incluirán muestras de ADN obtenidas de materia fecal de niños en edad escolar, de trabajos previos del grupo de Parasitología. De ambas poblaciones se tiene registro de variables clínico-epidemiológicas que se usarán para los análisis finales. A todas las muestras de ADN se les realizará PCR para el gen 18S rRNA de *Cryptosporidium* y posteriormente a las positivas se les realizará PCR para "gp60". Las especies y subgenotipos se determinarán mediante análisis filogenéticos de las secuencias de los amplicones. Para los análisis de diversidad se realizará PCR de los marcadores TP14, CP47, MS5, MS9, ML2 y gp60. Los amplicones obtenidos se secuenciarán y las secuencias se analizarán usando herramientas bioinformáticas para Tipificación multilocus de secuencias (MLST).

RESULTADOS ESPERADOS

Con la genotipificación y los análisis MLST podremos aportar información valiosa sobre diversidad genética en los aislados colombianos y la asociación de la diversidad encontrada con variables clínico-epidemiológicas, permitirá hacer una aproximación descriptiva sobre algunos aspectos de la dinámica de la transmisión de *Cryptosporidium* en Colombia.

PALABRAS CLAVE

Cryptosporidium; Genotipaje; Tipificación de secuencias multilocus; Variación Genética

KEY WORDS

Cryptosporidium; Genotyping; Genetic Variation; Multilocus Sequence Typing