

17 Estudio sobre las relaciones filogenéticas entre diversos aislamientos del hongo *Paracoccidioides brasiliensis*

BA Montes¹, A Restrepo², J Taylor³, J McEwen^{2,4}

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVO

Aunque es poco lo que se conoce acerca de la biología evolutiva del hongo *P. brasiliensis*, varios estudios moleculares han demostrado que existen variaciones en secuencias de ADN entre sus aislamientos, las que se correlacionan con el origen geográfico de las mismas y con diferencias en su virulencia para modelos murinos (1,2). Se desconoce si estas variaciones son el resultado final de un proceso de especiación alopátrica que daría origen a especies aisladas genéticamente provistas de características fenotípicas (patogenicidad, inmunogenicidad) y genotípicas diferentes, las que podrían ser usadas como una alternativa para mejorar e innovar los métodos actuales de diagnóstico. Por lo tanto, proponemos como objetivo general estudiar un aspecto fundamental de la biología evolutiva del hongo patógeno humano *P. brasiliensis* como es la especiación.

PALABRAS CLAVE

ANÁLISIS FILOGENÉTICO
PARACOCCIDIOIDES BRASILIENSIS
ESPECIACIÓN

METODOLOGÍA

Se contó con aislamientos clínicos y ambientales provenientes de Brasil, Colombia, Paraguay, Venezuela y Argentina. La extracción del ADN se realizó a partir de cultivos del hongo en fase de levadura, seguida de la detección de loci polimórficos por secuenciación automática de los fragmentos amplificados a partir de genes seleccionados. Finalmente, se procedió con el análisis filogenético por medio del programa PAUP (Swofford DL, versión 4.0.Od62).

RESULTADOS PRELIMINARES

Hasta la fecha se han analizado 24 aislamientos, provenientes de Brasil (n:14), Colombia (n:8) y Venezuela (n:1). El análisis filogenético fue realizado contando con la información obtenida del

fragmento amplificado del exón 2 del gen de la Gp43. Se evaluaron los fragmentos amplificados provenientes de los genes glucano-sintetasa, quitina-sintetasa, ITS, promotor de la Gp43, ornitina-decarboxilasa y de la P27; estos genes mostraron baja variabilidad. Los resultados obtenidos del análisis con máxima parsimonia usando el exón 2 del gen de la Gp43 permitieron la construcción del árbol consensus, en el que se observa una clara agrupación de los aislamientos por regiones geográficas con un valor alto de bootstrap. Los resultados señalaron que los aislamientos clínicos y ambientales estudiados se agrupaban de acuerdo con su origen geográfico. No obstante, la elaboración de una hipótesis más sólida requiere del estudio de otros genes provistos de un mayor número de caracteres informativos, así como también del análisis de aislamientos provenientes de otros países.



BIBLIOGRAFÍA

1. CALCAGNO AM, NIÑO-VEGA G, SAN-BLAS F, SAN-BLAS G. RFLP analysis reveals marked geographical isolation between strains of *Paracoccidioides brasiliensis*. *Medical Mycology* 2000; 38: 437-441.
2. MOLINARI-MADLUM EE, FELIPE MSS, SOARES CMA. Virulence of *Paracoccidioides brasiliensis* isolates can be correlated to groups defined by random amplified polymorphic DNA analysis. *Medical Mycology* 1999; 37: 269-276.

.....
1 Corporación, Ciencias Básicas Biomédicas, Universidad de Antioquia
2 Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB)
3 Department of plant and Microbial Biology, University of California
4 Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia.
bmontes@cib.org.co