

**Área de Beca:** CM - Cs. Médicas

**Título del Trabajo:** COMPLEJO CRYPTOCOCCUS NEOFORMANS / CRYPTOCOCCUS GATTII. GENOTIPOS DE AISLADOS AMBIENTALES DE LAS CIUDADES DE RESISTENCIA Y CORRIENTES

**Autores:** CATTANA, MARIA E - FERNÁNDEZ, MARIANA S - SOSA, MARIA DE LOS ANGELES

**E-mail de Contacto:** memiliacattana@yahoo.com.ar

**Teléfono:**

**Tipo de Beca:** Cofinanciadas Tipo II      **Resolución Nº:** 461

**Período:** 01/04/2014 - 31/03/2016

**Proyecto Acreditado:** L002-2011, Genotipificación de cepas de origen ambiental y clínico del complejo *Cryptococcus neoformans*,SGCyT- UNNE, 2012-2013.

**Lugar de Trabajo:** Instituto de Medicina Regional

**Palabras Claves:** excretas de paloma, árboles, VNIII, VGI

**Resumen:**

El complejo *Cryptococcus neoformans/Cryptococcus gattii* (*C. neoformans/C. gattii*) corresponde a un grupo de levaduras capsuladas que constituyen el agente etiológico de la criptococosis. *C. neoformans* comprende dos variedades (*grubii* y *neoformans*) las cuales tienen su reservorio principal en las deyecciones de palomas y otras aves, aunque también se han aislado de material biológico de diversos animales, vegetales en descomposición, huecos de árboles y de suelo. *C. gattii* está fuertemente asociado a la corteza, huecos y detritos de árboles, aunque también ha sido recuperado de otras fuentes naturales. Prevalece en zonas de clima tropical y subtropical, pero ha ampliado su distribución a zonas más templadas. El uso de diferentes técnicas de genotipificación llevó a una variedad de nomenclaturas para los genotipos. Actualmente, la que recomienda el working group "Genotyping of *Cryptococcus neoformans* and *C. gattii*" para el complejo comprende 8 tipos moleculares principales, VN1-VNIV para *C. neoformans* y VG1-VGIV para *C. gattii*. Con el objeto de conocer los genotipos circulantes en el ambiente, realizamos la tipificación molecular de cepas ambientales del complejo *C. neoformans/C. gattii* aisladas de las ciudades de Resistencia y Corrientes. Se estudiaron aislados recuperados de excretas de palomas y de huecos, corteza y detritos de árboles de las ciudades de Resistencia (Chaco) y Corrientes capital, que se encuentran depositados en la Colección de Cultivos del Departamento de Micología del Instituto de Medicina Regional de la UNNE. Para la extracción de ADN se utilizó el kit Highway ADN PuriPrep-S (INBIO, Buenos Aires-Argentina). Para la tipificación molecular se aplicó la técnica de PCR-RFLP del gen *URA5*, descripta por Meyer y col. De las 32 cepas ambientales estudiadas, 13 fueron aisladas de excretas de palomas de las cuales 12 pertenecía al genotipo VN1, y 1 al VNIII, esta última encontrada en la ciudad de Corrientes. Los 19 aislamientos restantes fueron recuperados de la corteza, huecos y detritos de árboles, de los cuales 17 fueron genotipo VN1 y 2 VG1, estos últimos aislados en la ciudad de Resistencia. Si bien se encontró un solo aislamiento con genotipo VNIII, podría indicar también la presencia de los genotipos VNII y VNIV en el ambiente, ya que el genotipo VNIII es un híbrido entre estos dos genotipos y el VN1. Los resultados obtenidos concuerdan con lo informado a nivel mundial, donde el genotipo VN1 es el más prevalente tanto en el ambiente como en las infecciones en humanos y animales. Los genotipos VG1 y VGII causan la mayoría de los casos de criptococosis en huéspedes sanos y refieren menor sensibilidad a los antifúngicos, especialmente al fluconazol, droga utilizada normalmente como terapia de mantenimiento y profiláctica para la criptococosis. Esto es una contribución al conocimiento de la ecología del complejo *C. neoformans/C. gattii*.