

**Presentaciones en carteles 17**

Identificación de Unidades Discretas de Tipificación de *Trypanosoma cruzi* en muestras clínicas de diferente origen geográfico.

Identification of Discrete Typing Units of *Trypanosoma cruzi* in clinical samples of different geographical origin.

Identificação de Unidades de Tipificação Discreta de *Trypanosoma cruzi* em amostras clínicas de diferentes origens geográficas.

Niurka Esmirna Tamayo Pérez¹, Jorge Fraga Nodarse¹

RESUMEN

Introducción: *Trypanosoma cruzi*, el protozoo causante de la enfermedad de Chagas (EC), exhibe una sorprendente diversidad intraespecífica genética y fenotípica, junto con una complejidad ecoepidemiológica. Este parásito se ha subdividido en siete linajes genéticos o unidades discretas de tipificación (UDTs), llamadas TcI-TcVI y TcBat. Las interacciones entre humanos y patógenos conducen a presentaciones clínicas distintas de la enfermedad. La discriminación de los linajes se ha convertido en un tema importante en la epidemiología molecular de *T. cruzi*. Existen muchos reportes que muestran algoritmos para la caracterización molecular de estas UDTs, pero hoy en día no existe un protocolo de consenso para la identificación de los genotipos.

Objetivos: Optimizar la sensibilidad y simplificar las técnicas de tipificación para que se puedan aplicar más fácilmente, directamente a partir de muestras clínicas y biológicas, que sean manejables en cualquier laboratorio y adoptadas por la comunidad científica de investigaciones de *T. cruzi*.

Método: En nuestras condiciones se evaluó la técnica de la Reacción en Cadena de la polimerasa - Restricción del Polimorfismo de los Fragmentos de Restricción basado en el gen hsp70 UDT (PCR-

¹ Instituto de Medicina Tropical Pedro Kourí, La Habana, Cuba.

Correspondencia:

Niurka Esmirna Tamayo Pérez
niurka.tamayo@ipk.sld.cu

Este artículo debe citarse como:

Tamayo Pérez, N.E. & Fraga Nodarse, J. «Identificación de Unidades Discretas de Tipificación de *Trypanosoma cruzi* en muestras clínicas de diferente origen geográfico». UO Medical Affairs. 2025; 4(1): 75-77

RFLP hsp70 UDT), previamente diseñada y optimizada en nuestro laboratorio, en 193 muestras clínicas de pacientes humanos recolectados de Argentina, Bolivia, Belice, Colombia y México.

Resultados: La PCR-RFLP hsp70 UDT permite la tipificación de los linajes de parásitos directamente a partir de muestras clínicas de humanos en el 48.7 % de las muestras estudiadas, aunque necesita la combinación con otra herramienta molecular para diferenciar las UDT V y IV. Las distribuciones de las UDT encontradas en las muestras clínicas analizadas corresponden con los que se ha reportado en los países estudiados. Al asociar las UDT con las manifestaciones clínicas en los pacientes encontramos una asociación estadísticamente significativa entre el UDT TcI y la forma cardíaca, la UDT TcV o VI con la forma digestiva y no se encontró asociación estadísticamente significativa entre los UDTs y la forma indeterminada.

Conclusiones: Presentamos así un método de PCR-RFLP que permite la identificación de UDT de *T. cruzi* en base a una única PCR. La técnica es simple de realizar y se puede implementar en todos los entornos donde la PCR esté disponible.

Palabras clave: *Trypanosoma cruzi*, Enfermedad de Chagas, hsp70, UDT, PCR, PCR-RFLP, epidemiología molecular.

SUMMARY

Introduction: *Trypanosoma cruzi*, the protozoan that causes Chagas disease (CD), exhibits striking intraspecific genetic and phenotypic diversity, along with ecoepidemiological complexity. This parasite has been subdivided into seven genetic lineages or discrete typing units (DTUs), termed TcI-TcVI and TcBat. Human-pathogen interactions lead to distinct clinical presentations of the disease. Lineage discrimination has become an important topic in the molecular epidemiology of *T. cruzi*. Many reports show algorithms for the molecular characterization of these DTUs, but currently there is no consensus protocol for genotyping.

Objective: Optimize sensitivity and simplify typing techniques so that they can be more easily applied directly from clinical and biological samples,

manageable in any laboratory, and adopted by the research community.

Method: Under our conditions, the hsp70 UDT gene-based Restriction Fragment Polymorphism (hsp70 UDT PCR-RFLP) technique was evaluated in 193 clinical samples from human patients collected from Argentina, Bolivia, Belize, Colombia, and Mexico.

Results: The hsp70 UDT PCR-RFLP allows the typing of parasite lineages directly from human clinical samples in 48.7 % of the samples studied, although it requires combination with another molecular tool to differentiate UDT V and IV. The distributions of DTUs found in the clinical samples analyzed correspond to those reported in the countries studied. When associating UDTs with clinical manifestations in patients, we found a statistically significant association between UDT TcI and the cardiac form, UDT TcV or VI with the digestive form, and no statistically significant association was found between UDTs and the indeterminate form.

Conclusions: We thus present a PCR-RFLP method that allows the identification of *T. cruzi* DTUs based on a single PCR. The technique is simple to perform and can be implemented in all settings where PCR is available.

Keywords: *Trypanosoma cruzi*, Chagas disease, hsp 70, UDT, PCR, PCR-RFLP, molecular epidemiology.

RESUMO

Introdução: Detecção de Unidades de Tipificação Discreta de *Trypanosoma cruzi* em amostras clínicas e sua associação com origem geográfica e apresentação clínica. *Trypanosoma cruzi*, o protozoário causador da doença de Chagas (DC), exibe impressionante diversidade genética e fenotípica intraespecífica, juntamente com complexidade ecoepidemiológica. Este parasita foi subdividido em sete linhagens genéticas ou unidades de tipagem discreta (UTDs), denominadas TcI-TcVI e TcBat. As interações entre humanos e patógenos levam a apresentações clínicas distintas da doença. A discriminação de linhagem se tornou um tópico importante na epidemiologia molecular do *T. cruzi*. Muitos relatórios mostram algoritmos para a ca-

racterização molecular dessas UDTs, mas atualmente não há um protocolo de consenso para genotipagem.

Objetivos: Otimizar a sensibilidade e simplificar a técnica de tipagem para que elas possam ser mais facilmente aplicadas diretamente a partir de amostras clínicas e biológicas, gerenciáveis em qualquer laboratório e adotadas pela comunidade de pesquisa do *T. cruzi*.

Método: Em nossas condições, a técnica de polimorfismo de fragmento de restrição baseado no gene hsp70 UDT (hsp70 UDT PCR-RFLP) foi avaliada em 193 amostras clínicas de pacientes humanos coletadas na Argentina, Bolívia, Belize, Colômbia e México.

Resultados: O PCR-RFLP hsp70 UDT permite a tipagem de linhagens de parasitas diretamente de amostras clínicas humanas em 48.7 % das amostras estudadas, embora exija combinação com

outra ferramenta molecular para diferenciar UDT V e IV. As distribuições de UDTs encontradas nas amostras clínicas analisadas correspondem às relatadas nos países estudados. Ao associar UDTs com manifestações clínicas em pacientes, encontramos uma associação estatisticamente significativa entre UDT TcI e a forma cardíaca, UDT TcV ou VI com a forma digestiva, e nenhuma associação estatisticamente significativa foi encontrada entre UDTs e a forma indeterminada.

Conclusões: Assim, apresentamos um método de PCR-RFLP que permite a identificação de UDTs de *T. cruzi* com base em uma única PCR. A técnica é simples de executar e pode ser implementada em todos os cenários onde a PCR está disponível.

Palavras-chave: *Trypanosoma cruzi*, doença de Chagas, hsp70, UDT, PCR, PCR-RFLP, epidemiologia molecular.

