



Genotipado de *Giardia duodenalis*, *Cryptosporidium spp.* y *Blastocystis sp.* en población escolar asintomática

Esther Ruiz Chércoles^a, Aly Salimo Muadica^b, Pamela Carolina Köster^b, Alejandro Dashti^b, Lucia Reh^{b,c}, David Carmena^b

^aPediatra. CS María Jesús Hereza. Leganés. Madrid. España • ^bLaboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología. Centro Nacional de Microbiología. Instituto de Salud Carlos III. Madrid. España • ^cEuropean Program for Public Health Microbiology Training. European Centre for Disease Prevention and Control. Gustav III. Suecia.

Publicado en Internet:
14-febrero-2020

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS

Los protozoos *Giardia duodenalis* y *Cryptosporidium spp.*, el estramenopilo *Blastocystis sp.* y el microsporidio *Enterocytozoon bieneusi* son algunos de los parásitos entéricos causantes de diarrea más relevantes en salud pública humana. Este estudio epidemiológico molecular investiga la diversidad genética de estos patógenos en una población escolar. El análisis de factores de riesgo o protectores asociados a estas infecciones se presenta en una comunicación independiente.

MÉTODOS

Se recogieron muestras fecales de niños asintomáticos voluntarios (4-14 años) procedentes de 12 colegios de educación primaria y secundaria. El diagnóstico inicial se realizó mediante la amplificación por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) de los genes codificantes del ARN de la subunidad ribosomal pequeña (ssu rRNA) o los espaciadores internos transcritos de los patógenos investigados. El genotipado de las muestras positivas a *G. duodenalis* se realizó mediante PCR y secuenciación Sanger de los marcadores glutamato deshidrogenasa (gdh), β -giardina (bg) y triosa fosfato isomerasa (tpi). Para el genotipado de las muestras positivas a *C. hominis* y *C. parvum* se utilizó el gen codificante de la proteína de 60 kDa (gp60) del parásito.

RESULTADOS

Se analizaron un total de 1512 muestras de heces. *Giardia duodenalis* fue el patógeno más prevalente (17,4%, intervalo de confianza del 95% [IC 95]: 15,5 a 19,4), seguido de *Blastocystis sp.* (13,0%, IC 95: 11,4 a 14,8), y *Cryptosporidium spp.* (0,9%, IC 95: 0,5 a 1,5). *Enterocytozoon bieneusi* no fue

detectado. El análisis de las secuencias de los 24 aislados de *G. duodenalis* genotipados a partir de los marcadores gdh, bg y tpi revelaron la presencia de los *subassemblages* All (16,6%, 4/24) y BIV (79,2%, 19/24). Una secuencia adicional (4,2%, 1/24) presentaba un resultado ambiguo BIII/BIV. El análisis de las 14 secuencias de *Cryptosporidium* generadas a partir del marcador ssu rRNA permitió la identificación de *C. hominis* (71,4%; 10/14) y *C. parvum* (21,4%; 3/14). Una secuencia (7,2%, 1/14) fue identificada a nivel de género, pero no de especie. Un total de 162 aislados de *Blastocystis sp.* fueron genotipados con éxito, revelando la presencia de cinco subtipos incluyendo ST1 (22,8%; 37/162), ST2 (36,4%; 59/162), ST3 (21,6%; 35/162), ST4 (18,6%; 30/162) y ST8 (0,6%; 1/162).

CONCLUSIONES

El *subassemblage* BIV de *G. duodenalis*, *C. hominis* y *Blastocystis* ST2 fueron las variantes genéticas de los patógenos investigados más frecuentes en la población pediátrica asintomática. Estos hallazgos son muy similares a los reportados en la población clínica (sintomática) española.

CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran no presentar conflictos de intereses en relación con la preparación y publicación de este artículo.

ABREVIATURAS

bg: β -giardina • gdh: glutamato deshidrogenasa • IC 95: intervalo del 95% • PCR: reacción en cadena de la polimerasa • ssu rRNA: genes codificantes del ARN de la subunidad ribosomal pequeña • tpi: triosa fosfato isomerasa.

Cómo citar este artículo: Ruiz Chércoles E, Salimo Muadica A, Köster PC, Dashti A, Reh L, Carmena D. Genotipado de *Giardia duodenalis*, *Cryptosporidium spp.* y *Blastocystis sp.* en población escolar asintomática. Rev Pediatr Aten Primaria Supl. 2020;(28):68.