# para la detección y diferenciación de *T.*cruzi.



Jorge Fraga I; Niurka E. Tamayo II; Ana M. Montalvo III, José Ángeles Chimal† IV; María Elena Villagrán V; Lilia Juárez Palma VI; Bertha Espinosa VII; Ana Maria Mejias Jaramillo VIII; Omar Triana IX; Gert Van der Auwera X.





I.Departamento de Parasitología, Instituto de Medicina Tropical Pedro Kouri, La Habana, Cuba. fraga@ipk.sld.cu. ORCID: 0000-0001-9061-2550

II.Departamento de Parasitología, Instituto de Medicina Tropical Pedro Kouri, La Habana, Cuba. ORCID: 0000-0002-6980-5371

III.Departamento de Parasitología, Instituto de Medicina Tropical Pedro Kouri, La Habana, Cuba. ORCID: 0000-0001-5776-937X

IV.Facultad de Medicina. Universidad Autónoma del Estado de Morelos, México. ORCID: 0000-0003-0475-2798

V.Facultad de Medicina, Universidad Autónoma del Estado de Querétaro, México.
ORCID: 0000-0002-5858-5596

VI.Instituto Nacional de Salud, México.

VII.Universidad Nacional Autónoma de México, México. ORCID: 0000-0002-4232-528X
VIII.Universidad de Antioquia, Colombia. ORCID: 0000-0003-2125-9858
IX.Universidad de Antioquia, Colombia. ORCID: 0000-0001-8031-0225
X.Instituto de Medicina Tropical de Amberes, Bélgica. ORCID: 0000-0002-3742-7046



de Salud Pública





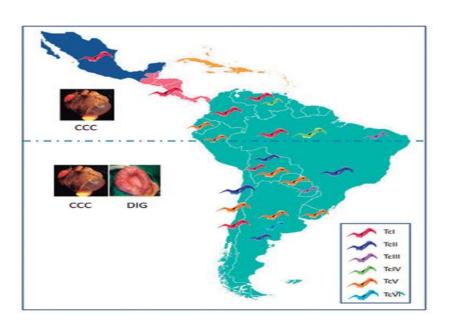


La enfermedad es endémica en 21 países, y afecta a 6-7 millones de personas, aunque las migraciones de personas infectadas pueden llevarla a países no endémicos de América y el Mundo.

30 mil casos nuevos anuales por todas las formas de transmisión 12 mil muertes anuales

#### Trypanosoma cruzi



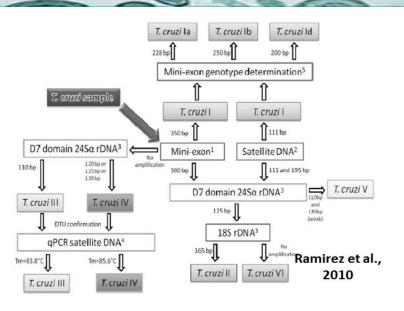


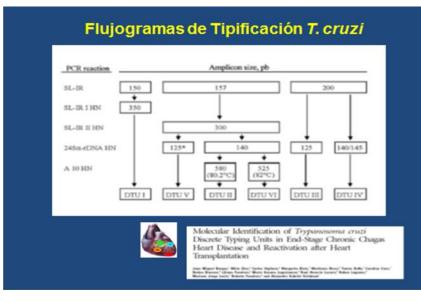
**Triatomineos** 

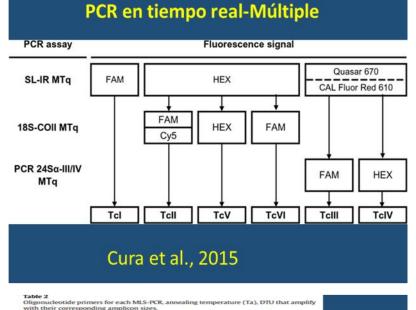


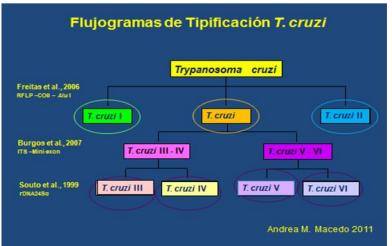
# DIAGNÓSTICO MOLECULAR

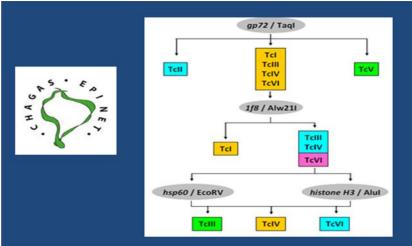
- En infecciones que cursan con bajas parasitemias. ETAPA CRONICA
- Chagas congénito, en recién nacidos. PCR HAN DEMOSTRADO ALTA SENSIBILIDAD
- En pacientes con inmunodeficiencias o en pacientes inmunocomprometidos, en los cuales, la producción de anticuerpos es deficiente. **REACTIVACIÓN.**
- También, en el **seguimiento a los pacientes en tratamiento** donde los métodos inmunológicos no son adecuados, ya que la respuesta de anticuerpos se mantiene por mucho tiempo.
- Confirmación después del "screening" de donadores de sangres.
- Además, la PCR es muy importante en individuos no respondedores o con niveles bajos de anticuerpos.
- En trasplantes de órganos.
- En brotes de Chagas por transmisión oral.
- Para diferenciar infección por *T. cruzi* de infección por *T. rangeli*.

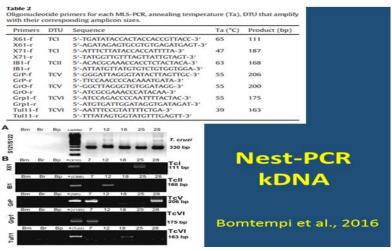












## Proteína de choque térmico de 70 kDa (HSP70)

- Marcador evolutivo promisorio. ESTUDIOS FILOGENÉTICOS. <u>Exjemplos:</u> Cryptosporidium spp. Babesia spp., Giardia spp., Entamoeba spp., Microsporidium spp., Blastocystis hominis, Leishmania genus.
- Proteína HSP70 es altamente conservada en secuencia y función.
- Chaperona molecular- plegado de la proteína -transporte.
- El gen se organiza en repeticiones en tandem de la cabeza a la cola. <u>Ejemplo:</u> *T. cruzi* tiene al menos 7 copias
- PCR-RFLP para diagnóstico e identificación de especies de Leishmania (García et al. 2007; Fraga et al. 2012;
   Montalvo et al. 2012, 2014, 2017; Veland et al. 2012)

#### HSP70-I/cytoplasmatic







1380 nucleotidos alineados

Región rica en GC 60.6 %

854 Sitios conservados
(61.9%)

526 Sitios variables (38.1%)

412 Sitios parsimoniosamente informativos (29.8%)

75- 100 % (86.8%) Similaridad

65 cepas 11 especies de *Trypanosoma* 

dN/dS< 1. Selección purificadora- perservar la funcionalidad de la HSP70

# ANÁLISIS DEL POLIMORFISMO GENÉTICO DEL GEN hsp70 ENTRE ESPECIES DE T. cruzi, T. rangeli y T.cruzi marinkellei

1380 nucleotidos alineados

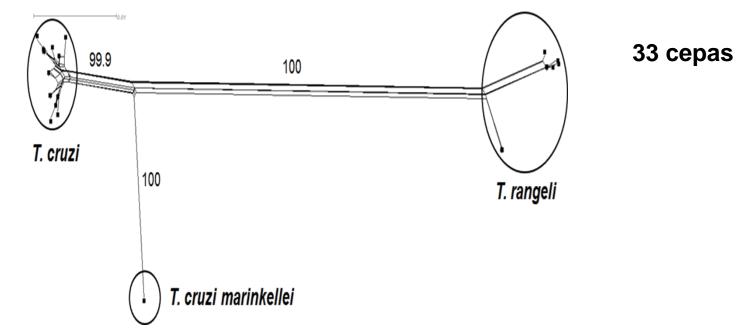
Región rica en GC 63.2 %

1243 Sitios conservados (90.1%)

137 Sitios variables (9.9%)

99 Sitios parsimoniosamente informativos (7.2%)

96.6-99.6 % Similaridad



Red filogenética basado en la secuencia del gen *hsp*70 utilizando el Programa SplitsTree 4.



#### ANÁLISIS DEL POLIMORFISMO GENÉTICO DEL GEN hsp70 ENTRE UDTs DE T. cruzi

Red filogenética entre las secuencias de hsp70 de Trypanosoma

1380 nucleotidos alineados

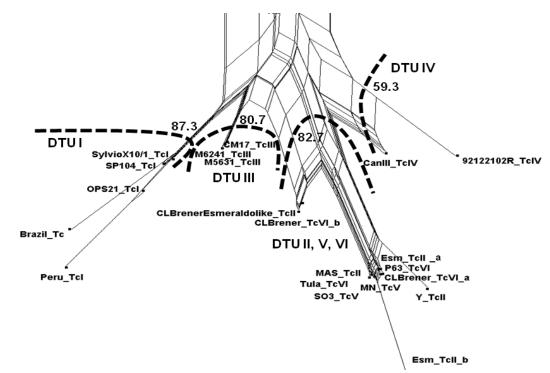
Región rica en GC 62.4 %

1277 Sitios conservados (92.5%)

103 Sitios variables (7.5%)

10 Sitios parsimoniosamente informativos (0.7%)

98.7 % Similaridad



Cuatro grupos *T. cruzi* (TcI, TcIII, TcIV y TcII+V+VI) fueron identificados

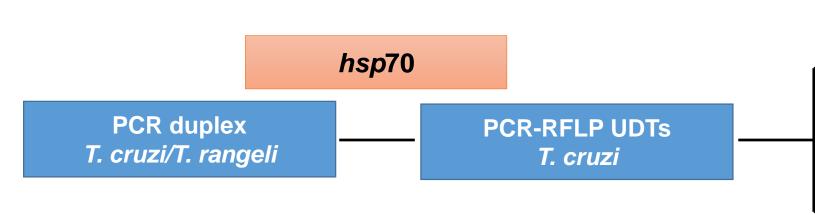


protein 70 gene <sup>~</sup> Jorge Fraga <sup>a</sup>, Aymé Fernández-Calienes <sup>a</sup>, Ana Margarita Montalvo <sup>a</sup>, Ilse Maes <sup>b</sup>, Stijn Deborggraeve <sup>b</sup> Philippe Büscher <sup>b</sup>, Jean-Claude Dujardin <sup>b.e</sup>, Gert Van der Auwera <sup>b.\*</sup>

# Objetivo:

Diseñar, optimizar y evaluar dos métodos moleculares uno para la detección y diferenciación de *T. cruzi* y *T. rangeli* y el otro para la tipificación de los linajes de *T. cruzi*.

#### Parasitosis Humana 2025



#### **EVALUACIÓN**

Cepas de T. cruzi DTU I al VI

Muestras clínicas (sangre). Pacientes con Chagas

México Colombia Bolivia **Belice** Argentina Cuba

Muestras de vectores con T. cruzi

> 70 México

> > Colombia

Muestras de reservorios con *T. cruzi* 

26

Colombia

(Cebadores, MgCl2, Tag pol, Temperatura de alineamiento)

Normalización PCR

→ Sensibilidad analítica (Cada DTU 1ng-10fg)

→ Especificidad analítica

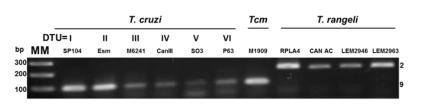
(T. rangeli, T. cruzi marinkellei, Leishmania spp, T. brucei brucei, T. brucei gambiense, T. brucei rhodesiense, T. Iewisi, T. vivax, T. congolense, T. theileri, T. equiperdum)

36

DTUI-5 DTUII- 7 DTUIII-4 DTUIV-3 DTUV-3 DTUVI-3 328

## PCR duplex hsp70 TcTr

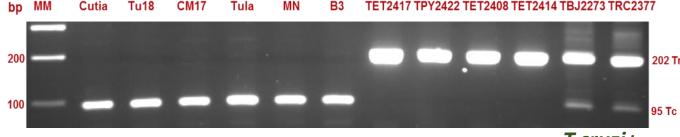
#### Sensibilidad análitica



#### Especificidad analítica

NEGATIVO A: Trypanosoma brucei brucei, T. brucei gambiense, T. brucei rhodesiense, T. congolense, T. vivax, T. equiperdum, T. theileri, T. evansi, Leishmania (L.) infantum (chagasi), L. (L.) mexicana, L. (V.) braziliensis, L. (V.) naiffi, L. (V.) peruviana, L. (V.) guyanensis, L. (V.) lainsoni, Plasmodium falciparum, Schistosoma mansoni, Candida albicans, Candida parasilopsis, Cryptococcus neoformans, Haemophilus influenzae, Streptococcus pneumonia, Enterococcus, Mycobacterium tuberculosis, Mycobacterium habana, Staphylococcus epidermidis, Staphylococcus aureus, Pseudomonas aeroginosa, Escherichia coli, Neisseria meningitides, Epstein-Bar virus, herpes zoster virus, herpes simplex virus, and cytomegalovirus.





T. cruzi

T. rangeli

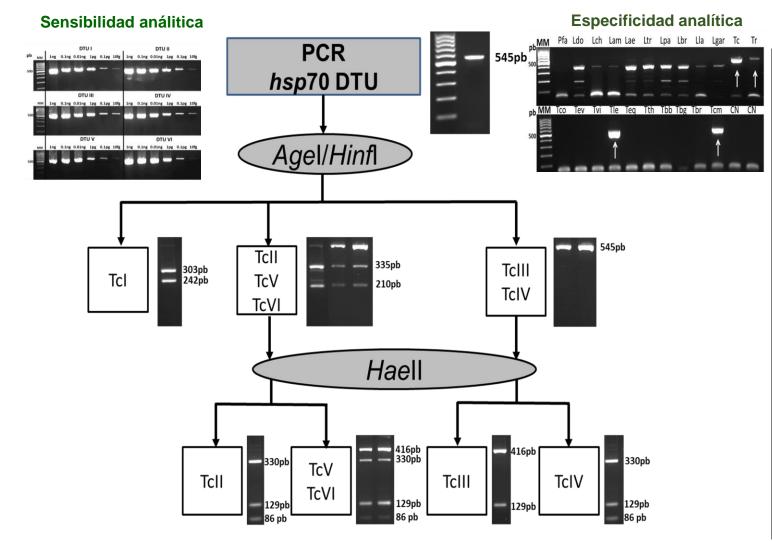
T.cruzi+ T. rangeli Duplex PCR hsp70 TcTr validation with biological samples.

	Duplex PCR hsp70TcTr	Positiity		
Hu	mans n= 348			
Colombia n=121	86 82 Tc/ <b>4 TcTr</b>			
Bolivia n=38	30 Tc			
Belice =1	1 Tc	75.3%		
Cuba n=1	1 Tc			
Argentina n=2	2 Tc			
México n=185	142 Tc			
Triatomine bus n=70				
México n=51	43	82.8 %		
Colombia n=19	15 11 Tc/ <b>1 Tr /3TcTr</b>			
Reservoirs n=25				
Colombia n=26	25 22 Tc/ <b>1Tr/2TcTr</b>	96.1 %		
Positivity % n=444	77.7%			

SENSIBILIDAD- 77.7 % (444 casos positivos)

ESPECIFICIDAD- 100 % (677 casos negativos)

# PCR- RFLP hsp70 UDT



Validación del algoritmo de genotipificación PCR-RFLP hsp70 UDTs en muestras biológicas

	PCR-RFLP hsp70 DTU	TYPING %	рти			
Humans n=348						
Colombia n= 121	48		32 Td 7 TcII 1 TcIII 4 TcIV 2 TcV o VI 2 Mixed (TcI-TcIV)			
Bolivia n=38	25		15 Tc o TcVI 6 TcI 2 TcII 1 TcIV 1 Mixed (TcI-TcII)			
Belice n=1	1	46.8%	1 Tcl			
Cuba n=1	1		<b>1</b> Tcl			
Argentina n=2	1		1 TcV o VI			
Mexico n= 185	87		77 Td 2 Mixed TcI-TCII 3 MixedTcI-TdV 1 TcIII 2TcIV 1 Mixed TcI-TdII 1 Mixed TcI-TdII			
Triatomine bugs n= 70						
Mexico n=51	30		24 Tcl 6 Mixed (Tcl-TcIV)			
Colombia n=19	16	65,7%	10 Td 2 TcII/TcV/TcVI 1 TcIII 1 TcIV 2 Mixed (TcI-TcII/TcV/TcVI)			
Reservoirs n= 26						
Colombia n=26	12	46.2 %	10 Td 1 TcIV 1 Mixed (TcI-TcIV)			
TYPING % n=444		49.7%				



17. Detección de Unidades Discretas de Tipificación de *Trypanosoma cruzi* en muestras clínicas y su asociación con el origen geográfico y la presentación clínica.

Niurka Esmirna Tamayo Pérez, Jorge Fraga Nodarse Instituto de Medicina Tropical Pedro Kourí, Cuba. Correo: niurka.tamayo@ipk.sld.cu

#### Distribución de las UDTs en función del origen geográfico

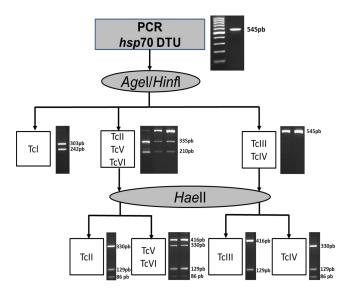
	PCR-RFLP hsp70 DTU	DTU
	Humans n=348	
Colombia n= 121	48	32 Tcl 7 Tcll 1 Tclll 4 TclV 2 TcV o Vl 2 Mixto (Tcl-TclV)
Bolivia n=38	25	15 Tc o TcVI 6 TcI 2 TcII 1 TcIV 1 Mixtos(TcI-TcII)
Belice n=1	1	1 Tcl
Cuba n=1	1	1 Tcl
Argentina n=2	1	1 TcV o VI
México n= 185	87	77 Tcl 2 Mixtos TcI-TCII 3 MixtosTcI-TcIV 1 TcIII 2TcIV 1 Mixtos TcI-TcIII 1 Mixtos TcI-TcV

#### Distribución de las UDTs en función de las manifestaciones clínicas

		No	Tcl	TcII	TcIII	TcIV	TcV o VI	Mix
Clinical forms Chagas diseases	Cardiac	51	45 (88.2%*)	1 (2.0%)	1 (2.0%)	3 (5.9%)	2 (3.9%)	0
	Digestive	12	0	2 (16.6%)	0	0	10 (83.3%)	0
	Asymtomatic (Indeterminate)	100	72 (72.0%)	6 (6.0%)	1 (1.0%)	4 (4.0%)	10 (6.0%)	10 (10.0%)

348 muestras de pacientes *T. cruzi* positivos

(Forma Cardiaca, digestiva y asintomática) Colombia, Bolivia, Mexico, Belice y Argentina



163 muestras
tipificadas.
46.8 %
Infección simple 93.8%
(153/163
Infección mixta 6.1%
(10/163).

\* p<0.05 Estadisticamente significativo

## Conclusiones:

- El gen *hsp*70 citoplasmático constituye una diana genética que permite la detección de *T. cruzi* y *T. rangeli* y una diferenciación de UDTs de *T. cruzi*.
- Presentamos dos herramientas moleculares sobre la base de una única PCR (PCR dúplex y PCR-RFLP) que permiten la detección de *T. cruzi* y *T. rangeli* y de las UDTs de *T. cruzi*.
- La PCR dúplex y la PCR-RFLP *hsp*70 UDTs permite la detección directa en muestras clínicas, triatomas y reservorios de *T. cruzi* y *T. rangeli* y de los principales linajes del parásito, aunque necesita la combinación con otro método molecular para diferenciar los linajes V y VI.
- Los resultados obtenidos contribuyen a las compilaciones de estudios de distribución geográfica de los UDTs prevalentes en humanos, vectores y reservorios en áreas endémicas.



Ana Margarita Montalvo
Fidel Angel Nuñez
Lázara Rojas
Niurka Tamayo
Alexander Morales

Gert Van der Auwera Ilse Maes Jean Claude Dujardin



#### ESCUELA LATINOAMERICANA DE MEDICINA, CUBA

Lineth García. IBISMED, Cochabamba, Bolivia.

Omar Triana, Ana M. Jaramillo, Omar Cantillo, Universidad de Antioquia, Colombia. José Ángeles Chimal, Marcela Belen Lara, Facultad de Medicina. Universidad Autónoma del Estado de Morelos, México.

María Elena Villagrán, Facultad de Medicina, Universidad Autónoma del Estado de Querétaro, México.

Hilda Rangel, Lilian Juárez, Instituto Nacional de Salud, México Bertha Espinoza, Universidad Nacional Autónoma de México

