

## Identificación molecular de cepas del complejo *C. parapsilosis* procedentes de muestras clínicas

Vedoya, María Celina<sup>1,2</sup>; Sosa, Vanesa ME<sup>1,2</sup>; Fonseca, María Isabel<sup>1,2</sup>; Salvatierra, Karina<sup>1</sup>; Zapata, Pedro<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Micología "Dra. Martha G. Medvedeff" Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales. Universidad Nacional de Misiones. (FCEQyN, UNaM). Av. Mariano Moreno 1375. Posadas (3300). Misiones. Argentina.

<sup>2</sup>Instituto de Biotecnología Misiones (InBioMis) "Dra. María EbeReca" Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales. Universidad Nacional de Misiones. (FCEQyN, UNaM).

Las especies del complejo *C. parapsilosis* no pueden diferenciarse por los métodos fenotípicos clásicos, utilizados corrientemente en los laboratorios de micología; dado que las tres especies que lo componen, presentan las mismas características morfológicas, de crecimiento y perfiles de asimilación y fermentación de azúcares. Sin embargo, esta limitación de los caracteres morfológicos y bioquímicos para diferenciar estas levaduras estrechamente relacionadas, así como la laboriosidad requerida en su estudio y, en algunos casos, la insuficiente resolución que proporcionan a nivel taxonómico, ha propiciado el uso de las técnicas moleculares. En base a la heterogeneidad hallada en las regiones ITS1, ITS2 y la secuencia de ADN ribosomal 5,8s (ADNr), se determinó que este complejo está integrado por levaduras genotípicamente diferentes, y se las denominó *C. parapsilosis* s.s. (grupo I), *C. orthopsilosis* (grupo II), y *C. metapsilosis* (grupo III).

El objetivo de este trabajo fue establecer la frecuencia de especies crípticas de las cepas clínicas identificadas originalmente como del complejo *C. parapsilosis*.

Se analizaron 53 cepas identificadas originalmente por métodos fenotípicos, como complejo *C. parapsilosis* provenientes de aislamientos de muestras clínicas, depositadas en la colección de la Cátedra de Micología de la Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales (FCEQyN) de la Universidad de Misiones (UNaM). Se utilizó la secuenciación de la región ITS1-5,8S-ITS2 para la identificación molecular de cepas catalogadas como complejo *C. parapsilosis*.

En la población analizada, la frecuencia de las distintas especies que integran el complejo *C. parapsilosis* fue: *C. parapsilosis* s.s. (grupo I) en una frecuencia del 85% (45/53), *C. metapsilosis* (grupo III) en un 11% (6/53) y *C. orthopsilosis* (grupo II) en un 4% (2/53).

Se determinó que dentro del complejo *C. parapsilosis* mantenidas en la colección de cepas de la FCEQyN (UNaM), la especie predominante fue *C. parapsilosis* s.s., seguida de *C. metapsilosis* y *C. orthopsilosis*. Las técnicas moleculares han asistido y complementado a la clasificación. En la actualidad se usan datos moleculares para establecer relaciones filogenéticas entre organismos. Además, representan métodos alternativos al cultivo, cuya intención es mejorar la rentabilidad de las pruebas microbiológicas y se aplican en el diagnóstico de infecciones fúngicas.

Palabras claves: complejo *Candida parapsilosis*, identificación molecular