

106. ESTUDIOS ISOENZIMATICOS Y DE DNA DE POBLACIONES DE TRYPANOSOMA RANGELI Y TRYPANOSOMA CRUZI PERMITEN DIFERENCIAR LOS DOS TAXONES

Brenière S.F.\*, Bosseno, M.F.\*, Barnabé, C.\*\*\*, Yacsik, N.\* Le Ray, D.\*\*\*, Tibayrenc, M.\*\*

\* ORSTOM-IBBA, Departamento de Inmunoparasitología, casilla 924, La Paz, Bolivia.

\*\* UMR, CNRS/ORSTOM Nº 9926 "Génétique Moléculaire des Parasites et des Vecteurs", B.P. 5045, 34032 Montpellier cedex, France.

\*\*\* Instituto de Medicina Tropical Príncipe Leopoldo, Nationalestraat 155 Antwerpen, Bélgica.

*Trypanosoma rangeli* y *Trypanosoma cruzi*, kinetoplastidae cercanos, circulan entre los mismos huéspedes vertebrados e insectos vectores. De morfología muy similar, la diferenciación de estos dos taxones necesita estudios, genéticos de poblaciones y el desarrollo de marcadores bioquímicos.

Nuestro estudio isoenzimático, desarrollado sobre varias cepas de *T. cruzi* y de *T. rangeli*, muestra la alta variabilidad genética de los dos taxones la ausencia de estrecha relación genética entre cepas pertenecientes a cada uno de estos taxones y un posible sistema enzimático de diagnóstico. Sin embargo, los taxones presentan demasiadas diferencias para evidenciar dos grupos, las isoenzimas permiten jerarquizar poblaciones genéticamente relacionadas y se alcanza el límite de resolución para la diferenciación de estos taxones. Últimamente varios fragmentos específicos de DNA han sido propuestos, entre ellos, el DNA satélite de *T. cruzi* (Moser et al. 1989). Hemos puesto en evidencia por la técnica de PCR, en cepas de *T. rangeli* la existencia de un DNA satélite de secuencia emparentada a las de *T. cruzi* previamente reportadas, presentando un número de copias alrededor 100 veces inferior al número encontrado en cepas de *T. cruzi*. En consecuencia, la técnica de dot-blot permite la diferenciación de los dos taxones gracias a la hibridización.

Estos resultados están en perfecta concordancia con el estudio isoenzimático.

Perfiles de enzima de restricción de KDNA con Rsa I endonucleasa han sido reportados específicos de cada taxón (Goncalves et al, 1991). El estudio de este marcador suplementario permitirá confirmar mutuamente la validez de cada marcador en el caso en que se obtenga concordancia entre los diferentes marcadores (isoenzimas, DNA satélite, perfiles de restricción). La necesidad de estudios en paralelo de varios marcadores genéticos y el interés particular de cada uno es discutido.

Moser, D.R., Kirchoff, L.V., Donelson, J.E. 1989. *J. Clinical Microbiol.*, 27: 1477 - 1482.

Goncalves, A.M., Nehme, N.S., Saravia, N., Segura, L, Morel, C.M. 1991. *Mem. Inst. Oswaldo Cruz, Rio De Janeiro*, 36 (4): 477 - 478.