

---

**“CARACTERIZACIÓN GENOTÍPICA Y CAPACIDAD VIRULENTE *IN VITRO* DE  
CEPAS DE *Cryptococcus neoformans* AISLADAS DE EXCRETAS DE PALOMAS DE  
LA CIUDAD DE TALCA”**

**DAVID RODRIGUEZ CABEZAS  
MAGÍSTER EN CIENCIAS BIOMÉDICAS**

**RESUMEN**

La criptococosis es una infección fúngica causada por las especies de los hongos levaduriformes encapsulados *Cryptococcus neoformans* y *Cryptococcus gattii* (1). La infección es adquirida a través de la inhalación de levaduras desecadas o esporas, a partir de reservorios naturales como excremento de aves y materia orgánica de árboles, presentando un tropismo al encéfalo y otros órganos (2). *C. neoformans* el principal agente etiológico de meningitis fúngica en pacientes inmunocomprometidos, mayoritariamente en portadores del virus de la inmunodeficiencia humana (VIH), resultando en elevadas tasas de morbilidad y mortalidad (3). Basado en estudios serológicos, usando anticuerpos dirigidos contra la cápsula, tres serotipos de *Cryptococcus neoformans* han sido identificados: A, D y el híbrido AD (4-6). Los tres serotipos pueden ser aislados de zonas urbanas (7). Además de la identificación de estos serotipos, el análisis molecular ha demostrado cuatro genotipos distintos: VNI y VNII (Serotipo A), VNIII (híbrido AD), VNIV (serotipo D)(8). Los principales mecanismos de virulencia que presenta esta especie son la producción de cápsula (9), secreción de proteasas y lipasas, inhibición de la agregación plaquetaria, así como la capacidad de melanogénesis por medio de la enzima feniloxidasasa (lacasa) (10). A pesar de que la identificación de los genotipos se encuentra bien establecida, así como la existencia de estudios previos que dan a conocer la frecuencia y distribución a nivel mundial (11) de cada uno de los genotipos aislados a partir de muestras tanto clínicas como no clínicas, no ha sido caracterizada la actividad de los factores de virulencia atribuibles a cada uno de ellos. Actualmente se conoce la distribución preliminar de la frecuencias de los genotipos en Chile en aislamientos de muestras clínicas (1), pero se desconoce dicha distribución en cepas aisladas a partir de muestras no clínicas. Este estudio pretende realizar la caracterización genotípica de cepas aisladas a partir de excremento de palomas (*Columba livia*) de la ciudad de Talca, Chile, mediante PCR-RFLP del gen URA5 y *fingerprint*-PCR

y relacionarla con la actividad de los principales factores de virulencia *in vitro* que cada uno de los genotipos presente.

La caracterización genotípica contribuirá a la posibilidad de que las pruebas de tipificación molecular, actualmente usadas con un fin diagnóstico (8), puedan ser usadas como un marcador pronóstico *a priori*.