



XVII encuentro
Participación de la
Mujer
en la Ciencia



IDENTIFICACIÓN FILOGENÉTICA DE DERMATOFITOS OBTENIDOS DE MUESTRAS CLÍNICAS PROCEDENTES DE MÉXICO Y GUATEMALA

Angélica Pérez Rodríguez¹, Ana Lilia González Reséndiz¹, Eliza Palacios Correa¹, Diego Jhonatan Moreno Bonilla¹, Erick Martínez Herrera², María Guadalupe Frías de León², Esperanza Duarte Escalante¹ y María del Rocío Reyes Montes¹

1 Facultad de Medicina, UNAM, 2 Hospital Regional de Alta Especialidad de Ixtapaluca. angiepr90@gmail.com

La dermatofitosis es una infección cutánea superficial, causada por hongos filamentosos llamados dermatofitos, los cuales tienen la capacidad de degradar tejidos queratinizados, como la piel, las uñas y el cabello, así como garras, cuernos y plumas. Afectan principalmente a huéspedes inmunocompetentes generando lesiones leves, sin embargo, en huéspedes inmunocomprometidos pueden observarse infecciones graves y diseminadas. Con base en sus principales sitios de predilección natural, los dermatofitos se clasifican en tres grupos: antropofílicos, zoofílicos y geofílicos. Estos hongos pertenecen, principalmente, a los géneros *Trichophyton*, *Microsporum*, *Epidermophyton*, *Lophophyton*, *Paraphyton* y *Ctenomyces* en su estado anamórfico y, en su estado teleomórfico, a los géneros *Arthroderma* y *Nannizzia*. Actualmente la taxonomía de estos hongos ha cambiado, por lo que la correcta identificación de las especies causantes de las dermatofitosis es importante, dado que permitirá controlar las fuentes potenciales de infección, la selección de una terapia antifúngica adecuada y la prevención de la transmisión. El objetivo de este trabajo fue identificar las especies de los géneros de dermatofitos utilizando muestras clínicas procedentes de México y Guatemala. Se estudiaron 38 muestras de México y 59 de Guatemala y fueron identificadas por métodos convencionales (macro y micromorfología) y por métodos moleculares (secuenciación de la región ITS y el gen de la *BT2*). Las secuencias obtenidas con los dos genes fueron analizadas a través del método de BLASTn para realizar un análisis filogenético mediante el método de Máxima Verosimilitud. Para México, el análisis fenotípico identificó 27 aislados como *T. rubrum*, siete como *T. tonsurans*, tres como *T. mentagrophytes* y uno como *E. floccosum*; mientras que para Guatemala, 26 aislados correspondieron a *T. mentagrophytes*, 20 a *M. gypseum*, nueve a *M. canis*, tres a *M. nanum* y solo un aislado a *T. rubrum*. El análisis filogenético mostró cambios en la identificación de los dermatofitos, en los aislados de México se identificaron 26 como *T. rubrum*, siete como *T. tonsurans*, dos como *T. interdigitale*, dos como *T. equinum* y uno como *E. floccosum*. En los aislados de Guatemala 13 aislados correspondieron a *T. interdigitale*, nueve a *M. gypseum*, nueve a *A. otae*, tres a *A. obtusum*, uno a *T. rubrum* y 11 aislados solo se lograron identificar a nivel de género (*Microsporum*), por lo que sugiere realizar un análisis con otros marcadores moleculares para su identificación a nivel de especie. Agradecimiento: Proyecto 109/2016. Facultad de Medicina, UNAM.