

*Diseño gráfico: Claudia Nose*



# **XXXII Reunión Anual de la Sociedad Argentina de Protozoología**

18, 19 y 20 de noviembre, 2020

Claudia Nose  
<https://claudianose.wixsite.com/claudia>

## COMITÉ ORGANIZADOR

Presidente Adelina Riarte  
Secretaria Silvia Longhi  
Miembro Fernanda Frank

## COMITÉ CIENTÍFICO

Presidente Fernanda Frank  
Miembros Adelina Riarte  
Cristina Motrán  
Laura Cervi  
María Paola Zago  
Paola Barroso

## COMISIÓN DIRECTIVA

Presidente Adelina Riarte  
Vice-Presidente Fernanda Frank  
Secretaria Mónica Esteva  
Pro-Secretaria Laura Belauzarán  
Tesorera Silvia Longhi  
Pro-Tesorera Carolina Carrillo  
Vocales Catalina Alba Soto  
Karina Gómez  
Vocales Suplentes Vilma Duschak  
Silvina Wilkowsky

Reunión Auspiciada y Financiada por

CONICET



Estimados participantes de la Reunión Virtual de la Sociedad Argentina de Protozoología, socios, no socios, conferencistas extranjeros, invitados a las Mesas Redondas, estudiantes, a todos.

Deseo darles la bienvenida a la XXXII Reunión de nuestra Sociedad, en este caso con una modalidad virtual, una sociedad académica, con un crecimiento lento pero continuo y que desarrolla su actividad con altos estándares de calidad científica.

A esta Reunión se han inscripto más de 200 personas. Se desarrollará un Programa con un interesante y amplio abordaje científico. Se realizarán tres Conferencias Plenarias a cargo de distinguidos científicos como son los Dres. Alex Lucas de Australia, Juan Carlos Villar de Colombia y Caryn Bern de Estados Unidos; dos Mesas Redondas que se referirán a la modulación de la respuesta inmune y estrategias de diagnóstico y tratamiento en parásitos protozoarios y no protozoarios, por los Dres. F. Ribeiro Dias de Brasil, Ana Espino de Puerto Rico, Pilar Aoki de Argentina, Cecilia Casaravilla de Uruguay, María Jesús Pinazo de España, Silvia Moreno de Universidad de Georgia, Rojelio Mejía de Houston, Texas y Bruno Travi de Galveston, Texas, todos ellos de USA. Se presentarán 70 comunicaciones libres de diferentes temáticas a cuyos videos podrán acceder todos los días de la Reunión y será factible generar un flujo de preguntas y respuestas.

Deseo agradecer al Comité Científico por su esfuerzo, a la Comisión Directiva de la SAP en la organización y perseverante trabajo que no decayó en tiempos críticos por la pandemia que agobia al mundo y a la ciencia en particular a la que confronta con grandes desafíos. A todos muchas gracias y que la XXXII Reunión Virtual sea exitosa y disfrutemos de la misma.

A los 16 días del mes de noviembre de 2020 los saluda cordialmente



Presidente de la Sociedad Argentina de Protozoología

## #63 - Establecimiento de una única curva estándar para cuantificación de las poblaciones naturales de *Trypanosoma cruzi* utilizando una secuencia consenso de ADN satélite sintética

- Muñoz Calderón, Arturo (INGEBI-CONICET, Argentina) [arturomc35@gmail.com](mailto:arturomc35@gmail.com)
- Silva-Gomes, Natalia (Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brazil)
- Apodaca, Sofia (INGEBI-CONICET, Argentina)
- Alarcón de Noya, Belkisyolé (IMT-UCV, Caracas, Venezuela)
- Diaz-Bello, Zoraida (IMT-UCV, Caracas, Venezuela)
- Souza, Leticia (Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brazil)
- Costa, Alexandre (Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brazil)
- Brito, Constança (Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brazil)
- Moreira, Otacilio (Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brazil)
- Schijman, Alejandro (INGEBI-CONICET, Argentina)

La enfermedad de Chagas (ECh), causada por *Trypanosoma cruzi*, originalmente endémica de las Américas se ha extendido a países no endémicos debido a las migraciones, haciendo de las herramientas de diagnóstico y marcadores de la respuesta parasitológica al tratamiento necesidades prioritarias. La PCR cuantitativa en tiempo real (qPCR) se utiliza para la monitorización de pacientes con ECh, sin embargo, el número de copias y la secuencia de los genes utilizados como dianas moleculares presentan variabilidad entre las variantes genéticas de *T. cruzi*, limitando la precisión de las medidas cuantitativas. Con el objetivo de mejorar la precisión de la cuantificación por qPCR, hemos diseñado una molécula de ADN sintético con una secuencia de ADN satélite consenso (SatDNA) como estándar para la cuantificación de cargas de *T. cruzi* en muestras clínicas, independientemente de la cepa del parásito. El ADN sintético permitió la cuantificación de copias de SatDNA representativas de las diferentes unidades de tipificación discreta (UDT). Las cepas pertenecientes a UDT II, IV y V presentaron valores entre  $1,21 \pm 0,38 - 2,13 \pm 1,16 \times 10^6$  copias de satDNA/genoma. Las cepas pertenecientes a UDT III y VI exhibieron  $8,29 \pm 3,32$  y  $7,60 \pm 2,71 \times 10^6$  copias/genoma, respectivamente, y la cepa UDT I mostró  $0,25 \pm 0,06 \times 10^6$  copias/genoma. Una curva estándar basada en este ADN sintético permitió estimar las cargas parasitarias en pacientes con ECh de diferentes áreas geográficas infectados con diferentes genotipos parasitarios. Se obtuvo una alta concordancia de cargas al comparar los resultados obtenidos con las curvas estándar basadas en ADN extraído de sangre enriquecida con parásitos de cultivo. Este enfoque será valioso en los ensayos clínicos de fase III que incluyan pacientes de diferentes procedencias geográficas, para el seguimiento de pacientes con riesgo de reactivación de la ECh por inmunosupresión, así como en modelos experimentales que trabajen con diferentes cepas de *T. cruzi*.