

---

---

## EDITORIAL

# Importancia de las diferentes especies y genotipos de *Cryptosporidium* en Salud Pública.

Existen evidencias biológicas que soportan la hipótesis de que hay múltiples especies en el género *Cryptosporidium*. Hasta el presente, se han descrito 23 (1), pero los estudios genéticos recientes sugieren que no existen suficientes evidencias para la diferenciación de las especies. Según algunos autores existen, por lo menos, ocho especies, cuales son *C. parvum*, *C. muris*, *C. baileyi*, *C. meleagridis*, *C. nasorum*, *C. felis*, *C. serpentis* y *C. wrairi* (1). Recientemente, se han descrito dos más en el ganado vacuno (2) y en lagartijas (3). Hoy en día, algunos autores consideran que existen 10 especies válidas (4). Como es de notarse, la taxonomía de estos parásitos es controversial, lo cual involucra que la significación en Salud Pública y epidemiología de las diferentes especies no está clara.

*Cryptosporidium parvum* tiene una gran importancia en Salud Pública ya que es potencialmente patógeno y afecta una gran variedad de vertebrados, incluyendo al hombre. En personas inmunocompetentes, la infección puede ser asintomática o producir una diarrea aguda autolimitada; en inmunosuprimidos, la diarrea tiende a ser severa y persistente con un alto grado de morbilidad y mortalidad en estos pacientes. Se ha demostrado la transmisión zoonótica y antroponótica de este parásito, pero no se conoce con exactitud la importancia relativa de cada una de ellas. El agua y los alimentos juegan un papel importante como vehículos de transmisión y han sido responsables de diversas epidemias en los países industrializados (1).

Recientemente, en base a la taxonomía controversial de *Cryptosporidium*, se consideró que todas las especies de este género son potencialmente patógenas para el hombre (5). De ser cierta esta hipótesis, la biología, virulencia, transmisión, significación nosológica, prevención y epidemiología en general, de las diferentes especies y de las razas o genotipos de *C. parvum*, están lejos de conocerse con exactitud. Por lo menos, es lógico pensar que los pacientes inmunosuprimidos, especialmente aquéllos con el Síndrome de Inmunodeficiencia Adquirida (SIDA), podrían ser susceptibles a infecciones oportunistas con una amplia variedad de especies y genotipos.

Hasta hace poco se consideraba que sólo los genotipos bovinos y humanos de *C. parvum* infectaban al hombre. Sin embargo, recientemente se han descrito infecciones sintomáticas con *C. felis*, *C. meleagridis* y el genotipo parecido a *C. parvum* aislado de perros, en pacientes con SIDA (6,7) y en niños inmunocompetentes (8). Estos hallazgos sugieren que los parásitos zoonóticos podrían jugar un papel importante.

En individuos inmunocompetentes se han encontrado los genotipos humanos y bovinos de *C. parvum* en diversas áreas, tales como, América del Norte y del Sur, Europa, Australia y Kenia (9,10). Existen evidencias de que la distribución de estos genotipos en los humanos varía de acuerdo al área geográfica. En condiciones endémicas, el 62% de las infecciones humanas en el Reino Unido es causado por el genotipo bovino (9), mientras que en Australia, Kenia, Guatemala y Perú, es notorio el predominio del genotipo humano, el cual es responsable del 85 a 92% de las infecciones (10). En condiciones epidémicas, este genotipo ha predominado, siendo el agente etiológico del 75% de 20 epidemias estudiadas en países industrializados (10). En Venezuela, no se conoce cual de los dos genotipos de *C. parvum* es más frecuente en humanos. Un estudio regional sugiere que la transmisión antroponótica es la dominante en una comunidad del Estado Zulia (11), lo cual estaría a favor del predominio del genotipo humano. Sin embargo, no se puede descartar que una proporción de la población adquiriera infecciones secundarias de individuos que albergaran el genotipo bovino.

Por lo anteriormente expuesto, la taxonomía, la significación clínica y la epidemiología de estos parásitos no se conocen con exactitud. Sin embargo, aún cuando hacen falta muchos estudios, la aplicación de los recientes avances en la caracterización molecular de estos agentes infecciosos indica que no sólo los genotipos humanos y bovinos de *C. parvum* tienen importancia en Salud Pública, sino también otras especies. El esclarecimiento de la taxonomía de *Cryptosporidium* permitirá conocer el impacto de las diferentes especies en la salud del hombre, los factores de riesgos, los diferentes mecanismos de transmisión y el desarrollo de medidas preventivas efectivas para cada especie.

**Abstract.** Until recently, only the bovine and human genotypes of *Cryptosporidium parvum* had been considered to infect man and to be potential pathogens. Lately, symptomatic infections with *C. felis*, *C. meleagridis*, and *C. parvum*-like dog genotype have been described in immunocompetent and immunosuppressed individuals. These findings suggest that zoonotic parasites could also play an important role in Public Health.

Leonor Chacín-Bonilla

## Referencias

1. O'DONOGHUE P.J. *Cryptosporidium* and cryptosporidiosis in man and animals. *Int J Parasitol* 1995; 25:139-195.
2. LINDSAY D.S., UPTON S.J. OWENS D.S., MORGAN U.M. MEAD J.R., BLAGBUM B.L. *Cryptosporidium andersoni* n.sp (*Apicomplexa: Cryptosporiidae*) from cattle. *J Euk Microbiol* 2000; 47:91-95.
3. KOUDELA B., MODRY D. New species of *Cryptosporidium* (*Apicomplexa, Cryptosporidiidae*) from lizards. *Folia Parasitol* 1998; 45:93-100.
4. FAYER R., MORGAN U., UPTON S.J. Epidemiology of *Cryptosporidium* transmission, detection and identification. *Int J Parasitol* 2000, 30:1305-1322.
5. TZIPORI S., GRIFFITHS J.K. Natural history and biology of *Cryptosporidium parvum*. *Adv Parasitol* 1998, 40:5-36.
6. PIENIAZEK N.J., BOMAY-LLINARES F.J., SLEMENDA S.B., DA SILVA A.J., MOURA I.N., ARROWOOD M.J., DITRICH O., ADDISS D.G. New *Cryptosporidium* genotypes in HIV infected persons. *Emerg Infect Dis* 1999, 5:444-449.
7. MORGAN U. WEBER R., XIAO L., SULAIMAN I., THOMPSON R.C., NDIRITU W., LAL A. MOORE A., DEPLAZES P. Molecular characterization of *Cryptosporidium* isolates obtained from human immunodeficiency virus-infected individuals living in Switzerland, Kenya, and the United States. *J Clin Microbiol* 2000; 38: 1180-1183.
8. XIAO L., BERN C., LIMOR J., SULAIMAN I., ROBERTS J., CHECKLEY W., CABRERA L., GILMAN R.H., LAL A.A. Identification of 5 types of *Cryptosporidium* parasites in children in Lima, Perú. *J Infect Dis* 2001; 183: 492-497.
9. Mc LAUHLIN J., PEDRAZA-DÍAZ S., AMAR-HOETZENEDER C., NICHOLS G.L. Genetic characterization of *Cryptosporidium* strains from 218 patients with diarrhea diagnosed as having sporadic cryptosporidiosis. *J. Clin Microbiol* 1999; 37: 3153-3158.
10. XIAO L., MORGAN U.M., FAYER R., THOMPSON C.A., LAL A.A. *Cryptosporidium* systematics and implications for Public Health. *Parasitol Today* 2000; 16: 287-292.
11. CHACIN-BONILLA L., MEJIA DE YOUNG M., CANO G., GUANIPA N., ESTEVEZ J., BONILLA E. *Cryptosporidium* infections in a suburban community in Maracaibo, Venezuela. *Am J Trop Med Hyg* 1993; 49: 63-67.