

FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS

ESTUDIOS DE LOS MECANISMOS DE SÍNTESIS DE IGE, DE LAS POBLACIONES LINFOCITOS B DE MEMORIA Y DE LA MICROBIOTA INTESTINAL EN PACIENTES CON ALERGIAS ALIMENTARIAS

Ilid, Manuela

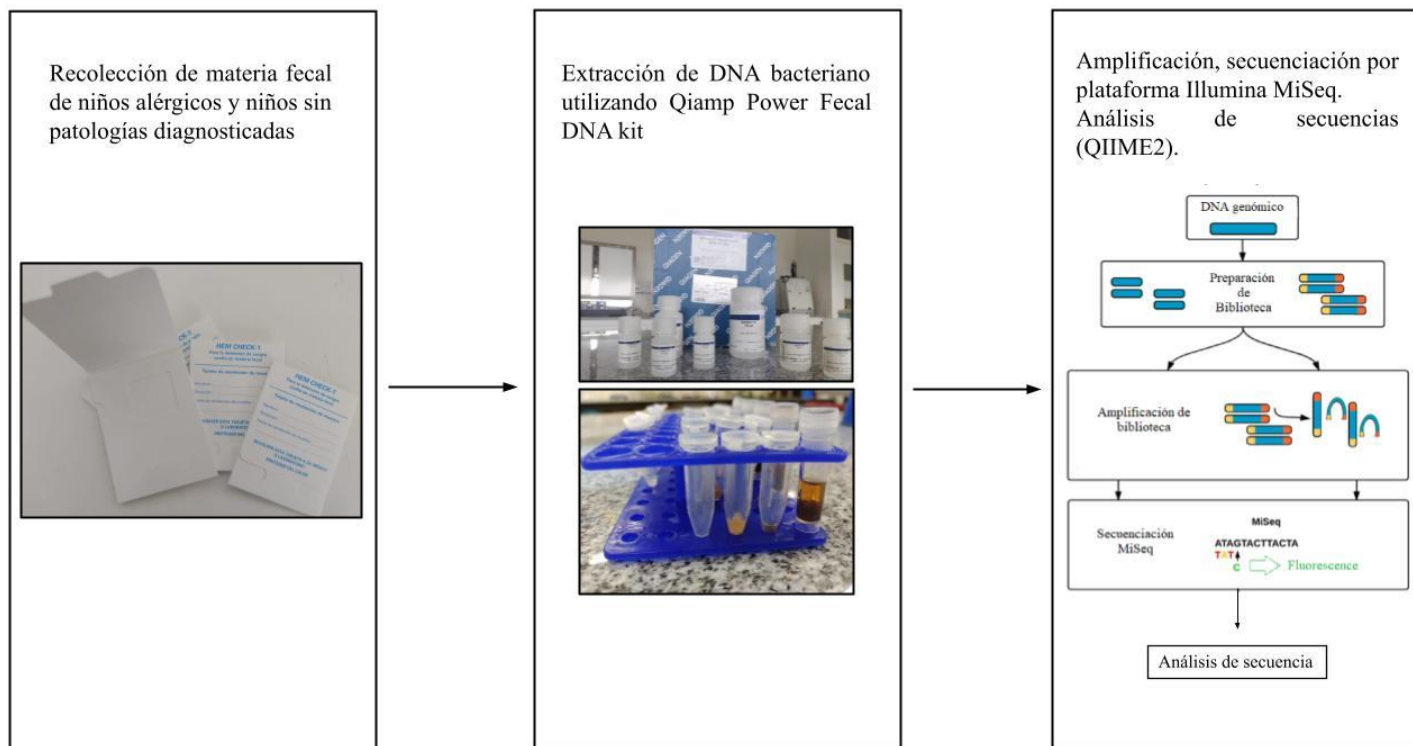
Docena, Guillermo. (Dir.), Muglia, Cecilia. (Dir.)

Instituto de Estudios Inmunológicos y Fisiopatológicos (IIFP)

manuelailid@biol.unlp.edu.ar

PALABRAS CLAVE: microbiota, alergia, leche de vaca**STUDIES OF IGE SYNTHESIS MECHANISMS, MEMORY B LYMPHOCYTE POPULATIONS AND INTESTINAL MICROBIOTA IN PATIENTS WITH FOOD ALLERGIES**KEYWORDS: microbiota, allergy, cow's milk.

Resumen gráfico



Resumen

La alergia alimentaria (AA) es una condición inflamatoria crónica común caracterizada por reacción de hipersensibilidad a ciertos alimentos, como a ciertas proteínas a la leche de vaca (PLV), encontrando un perfil Th2 aumentado. Se dispara por la ingesta de antígenos dietarios derivando en desórdenes gastrointestinales, urticaria, entre otras, variando en severidad. La prevalencia de la AA a PLV mediada por IgE en la infancia y niñez temprana ha sido estimada en un 2-3% alrededor del mundo. Se ha descrito que la filogenia en niños alérgicos predominan Firmicutes, Ruminococcaceae, y Lachnospiraceae, y se encuentran reducidos los grupos de Bacteroidetes, Proteobacterias y Actinobacterias, mientras que en niños saludables predominan Lactobacillales, Bifidobacteriales y Enterobacteriales. En previas investigaciones, detectamos que la población bacteriana en muestras de heces de 9 niños sin patologías intestinales presentó alta abundancia relativa en Bacteroidetes, Firmicutes y Bifidobacterium.

Bajo la hipótesis de que la microbiota intestinal en pacientes con AA tiene una composición diferencial con respecto a un individuo no alérgico y puede interferir en la activación del sistema inmune local y sistémico, propusimos como objetivo estudiar la composición de la microbiota en heces de niños con AA y pólipos y comparar con la de pacientes alérgicos sin pólipos y con la de niños sin AA. Se extrajo ADN genómico de las heces (recolectadas en tarjetas de detección de sangre oculta en materia fecal

HEM-CHECK1) mediante el kit comercial QIAampPowerFecal DNA Kit (Qiagen). El ADN eluido se conservó a -80°C . Se enviará a amplificar un fragmento del gen 16S rARN a partir de ADN usando los cebadores para las regiones flanqueantes V3 y V4, con adaptadores apropiados para la pirosecuenciación. Las amplificaciones se realizarán utilizando sistemas comerciales (FastStart High Fidelity PCR system, Roche Applied Science). Los amplicones de las réplicas se secuenciarán con la plataforma Illumina, garantizando 200.000 lecturas (~ 300 bp) por individuo para la identificación taxonómica. El procesamiento de las secuencias: el curado, formación de contigos, definición de grupos taxonómicos, clasificación de los mismos y el análisis de las secuencias resultantes se harán utilizando el programa Qiime2, diferenciando la distribución de filum de comunidades microbianas entre niños saludables y alérgicos con y sin pólipos.

A partir de los resultados preliminares obtenidos, ampliamos el número de muestras de heces para tener una muestra más representativa de la microbiota de niños saludables de la ciudad de La Plata y con AA a PLV que asisten al Hospital de Niños Sor María Ludovica, para poder comparar y describir las diferentes poblaciones bacterianas con mayor precisión. Proponemos a futuro, describir la microbiota presente en pólipos de niños con alergia a la leche de vaca y compararla respecto a biopsias.