

Primeras Jornadas Internacionales de Epidemiología Veterinaria

7 y 8 de noviembre 2024
Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Veterinarias
Buenos Aires - ARGENTINA



Índice

EL INSTITUTO DE INVESTIGACIONES EN EPIDEMIOLOGÍA VETERINARIA, UBA (IIEV-UBA), DESDE LA TRANSDISCIPLINA HASTA UNA SALUD Marcos, ER	5
EVOLUCIÓN DE LOS ESTUDIOS EPIDEMIOLÓGICOS DE STEC Bentancor, A	6
VIGILANCIA GENÓMICA DE LOS PATÓGENOS ASOCIADOS A LAS ENFERMEDADES TRANSMITIDAS POR LOS ALIMENTOS Chinen, I	7
INFLUENCIA DE LA BIODIVERSIDAD EN LA EMERGENCIA DE ZOONOSIS de Blas Giral, I	8
INFLUENZA AVIAR DE ALTA PATOGENICIDAD (IAAP) EN LAS AMÉRICAS: SITUACIÓN EPIDEMIOLÓGICA, ACCIONES GLOBALES Y REGIONALES Minassian, M	9
INTEGRANDO DATOS ABIERTOS: POTENCIANDO LA EPIDEMIOLOGÍA CUANTITATIVA Mardones, F	10
ZOONOSIS FÚNGICAS EN EXPANSIÓN, ¿ESTAMOS PREPARADOS PARA SU PREVENCIÓN Y CONTROL? Córdoba, S	11
ROL ZOONÓTICO DE LAS CLAMIDIAS, PSITACOSIS Y MÁS ALLÁ Rodríguez Fermepin M	12
MICROBIOMAS CON UNA MIRADA EPIDEMIOLÓGICA EN LA ENFERMEDAD DE CROHN. APORTES DEL MICROBIOMA AL DIAGNÓSTICO DE ENFERMEDADES Vidal, RM	13
COVID-19 Y SU IMPACTO EN LA INCIDENCIA DE MICOSIS PULMONARES, INVASORAS Y SISTÉMICAS ENDÉMICAS Cuestas, ML	14
TRASPASANDO BARRERAS INTERESPECIES: INFLUENZA EN BOVINOS Picasso Riso, C	15
ESTRATEGIAS DE MANEJO DE LOS ANIMALES SILVESTRES EN LA EPIDEMIOLOGÍA DE PPC Y PPA Pérez Aguirreburualde, S	16
VIGILANCIA ACTIVA BASADA EN RIESGO Y FISCALIZACIÓN INTELIGENTE Marcos, A	17
LA NECROPSIA Y EL ANÁLISIS HISTOPATOLÓGICO COMO HERRAMIENTAS CLAVE EN LA VIGILANCIA DE SALUD EN FAUNA SILVESTRE Orozco, M	18
METODOLOGÍAS DE MUESTREO EN ESTUDIOS EPIDEMIOLÓGICOS EN FAUNA SILVESTRE Dias, R	19
PUNTOS A CONSIDERAR EN EL ANÁLISIS DE RIEGO DE LAS ENFERMEDADES PARASITARIAS TRANSMITIDAS POR ALIMENTOS Signorini, M	20
TRICHINELLOSIS: ANÁLISIS DE RIESGO, EXPERIENCIAS Y NUEVOS DESAFÍOS Randazzo, VR	21
ECOEPIDEMIOLOGÍA DE <i>FASCIOLA HEPATICA</i> Pruzzo, CI	22
DETECCIÓN DE <i>RICKETTSIA FELIS</i> EN PULGAS DE LA ZONA CENTRAL DE ARGENTINA Goenaga, S; Frati, D; Boaglio, E; Faini, C; Brignone, J	23
DETECCIÓN MOLECULAR DEL CURSO DE LA INFECCIÓN POR <i>SARCOCYSTIS AUCHENIAE</i> EN ALPACAS Neyra, L; Vilca, K; Malaga, JL; Barriga, X; Giuliano, S; Chavez, M; Florin-Christensen, M; Reategui, J	24

EL JABALÍ, EL CERDO SILVESTRE Y EL CERDO DOMÉSTICO: ¿ACTÚAN COMO MANTENEDORES DE LA TUBERCULOSIS ANIMAL EN LAS PRODUCCIONES EXTENSIVAS DE ARGENTINA?	
Ponce, LC; Caballero, A; Rosso Coppola, P; Piras, I; Valdez Caicedo, ML; Marfil, MJ; Barandiaran, S	25
DIAGNÓSTICO DE TUBERCULOSIS BOVINA CON LA PRUEBA CERVICAL SIMPLE: TAMAÑO DE LAS REACCIONES Y EFECTO DEL NÚMERO DE LACTANCIA	
Comin, W; Del Frabbro, M; Garbaccio, S; Garro, C	26
¿ES EL VIRUS DE LA HEPATITIS E UNA AMENAZA ZONÓTICA SILENTE EN LAS PRODUCCIONES PORCINAS FAMILIARES DEL PARTIDO DE TANDIL?	
Gutiérrez, SE; Arce, L; Vizoso Pinto, G; Sanchez, F; Montero, S; Lafitte, A; Tisnés, A; Estein, SM; Rivero, MA.....	27
PRODUCCIÓN DE FACTORES DE VIRULENCIA EN AISLAMIENTOS DE <i>MALASSEZIA PACHYDERMATIS</i> DE CANINOS Y SU RELACIÓN CON ANTECEDENTES DE TRATAMIENTO Y FACTORES PREDISPONENTES	
Smith, VL; Girenti, D; Bentancor, A; Colombatti Olivieri, MA; Rumi, MV	28
INFORMACIÓN PARA LA MEJORA EN LA PREVENCIÓN DE LA HIDATIDOSIS DESDE EL ENFOQUE UNA SALUD. HALLAZGOS COMPATIBLES CON QUISTES HIDATÍDICOS DECOMISADOS EN FAENA REGISTRADA	
Aronowicz, T; Fariña, FA; Pasqualetti, MI; Marcos, A	29
ESTUDIO DE AISLAMIENTOS DE <i>STREPTOCOCCUS</i> EQUI SUBSP. <i>ZOOEPIDEMICUS</i> PROVENIENTES DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES MEDIANTE <i>PULSED-FIEL GEL ELECTROPHORESIS</i>	
Retamar, G; Bustos, C; Casamayor, A; Becu, T; Ivanisovich, A; Mesplet, M; Muñoz, A; Vela Alonso, A	30
REVISIÓN DE LAS TÉCNICAS DE EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR UTILIZADAS EN EL ESTUDIO DE <i>RHODOCOCCLUS</i> EQUI DE ORIGEN EQUINO	
Leiva, R; Muñoz, A; Mesplet, M; Bustos, C	31
PRIMER REPORTE DE TOXOPLASMOSIS EN PUDÚ (<i>PUDU PUDA</i>) EN LA ARGENTINA (HALLAZGO DE NECROPSIA)	
Kim, A; Falzone, M; Lois, MF; D'Ambrosio, E	32
PRIMER REPORTE DE EVIDENCIA SEROLÓGICA DE LA EXPOSICIÓN A <i>TOXOPLASMA GONDII</i> EN JABALÍES (<i>SUS SCROFA</i>) DEL PARQUE NACIONAL CAMPOS DEL TUYÚ, BAHÍA SAMBOROMBÓN, BUENOS AIRES, ARGENTINA	
Condori, WE; Tammone Santos, A; Riveiro, MA; Tisnés, A; Caselli, AE; Gutiérrez, SE; Uhart, MM; Estein, SM	33
SISTEMAS DE INFORMACIÓN GEOGRÁFICA APLICADOS A LA IDENTIFICACIÓN DE ÁREAS DE INTERFAZ ANIMAL DOMÉSTICO-SILVESTRE EN EL PARQUE NACIONAL CIERVO DE LOS PANTANOS, BUENOS AIRES, ARGENTINA	
Berra, Y; Degregorio, OJ; Orozco, MM	34
SEROPOSITIVIDAD AL VIRUS DE HEPATITIS E EN JABALÍES DEL PARQUE NACIONAL EL PALMAR (ENTRE RÍOS, ARGENTINA) Y SU POTENCIAL VINCULACIÓN A ZONAS DE ANEGAMIENTO	
Tammone Santos, A; Rivero, MA; Tisnés, A; Condori, WE; Caselli, AE; Uhart MM; Gutiérrez, SE; Estein, SM	35
VIGILANCIA DE ARBOVIROSIS EN MONOS AULLADORES NEGROS Y DORADOS (<i>ALOUATTA CARAYA</i>) EN ÁREAS URBANAS Y PERIURBANAS DE CORRIENTES, ARGENTINA	
Citon, L; Boaglio, ER; Bay Jouliá, R; Natalini, MB; Sánchez- Gavier, F; Kowalewski, MM; Goenaga, S	36
DETERMINACIÓN DE LA PRESENCIA DE <i>SARCOCYSTIS AUCHENIAE</i> EN MATERIA FECAL DE CÁNIDOS EN DIVERSAS ZONAS DE CRÍA DE ALPACAS DEL ALTIPLANO PERUANO. RESULTADOS PRELIMINARES	
Vargas, C; Giuliano, S; Málaga, JL; Chávez, M; Florin-Christensen, M; Reátegui-Ordoñez, J	37
GARRAPATAS PRESENTES EN PERROS EN LAS INTERFASES URBANO-RURAL DEL PARTIDO DE EXALTACIÓN DE LA CRUZ, PROVINCIA DE BUENOS AIRES. RESULTADOS PRELIMINARES	
Labanchi Alurralde, M; González, S; Marcos, E; Degregorio, O; Cicuttin, GL	38
¿CÓMO CONTRIBUYE EL MUESTREO OPORTUNISTA DE ANIMALES SILVESTRES A LA VIGILANCIA SANITARIA EN ÁREAS PROTEGIDAS Y ZONAS DE INTERFAZ?	
Arnica, D; Blanco, P; Figini, I; Wiemeyer, G; Guillemi, EC; Li Puma, C; Orozco, MM	39
DISPONIBILIDAD DE MAMÍFEROS HOSPEDADORES DE GARRAPATAS EN AMBIENTES DEGRADADOS Y CONSERVADOS DE PARQUES NACIONALES MEDIANTE EL USO DE CÁMARAS TRAMPA	
Persingola, AS; Fernández, MP; Figini, I; Blanco, P; Arnica, D; Wiemeyer, G; Orozco, MM	40
PREVALENCIA DE ENDOPARÁSITOS EN REPTILES Y SU POTENCIAL ZONÓTICO	
Regner, P	41

ESTUDIO DE LA CIRCULACIÓN DEL VIRUS DVB EN RODEOS DE ARGENTINA Bellido, D; Wenz, D; Schang, M; Bermúdez, P; Mangioni, P; Niella, G; Harguindeguy, S; Lobosco, B; Dorronsoro, M; Copa, N; Benitez, D; Wigdorovitz, A	42
RELEVAMIENTO DE <i>ESCHERICHIA COLI</i> DIARREOGÉNICA EN AGUA NO POTABILIZADA DE CONSUMO HUMANO EN ASENTAMIENTOS PERIFÉRICOS DE USHUAIA, TIERRA DEL FUEGO Bonino, MP; Blanco Crivelli, X; Bentancor, A	43
TRICHINELLA EN ARGENTINA: REPORTE DE ESPECIES EN DIFERENTES ENTORNOS Y HOSPEDADORES Fariña, FA; Pasqualetti, MI; Winter, M; Abate, S; Daneri, G; Harrington, A; Aronowicz, T; Calvo, C; Lapuyade, C; D' Francisco, FA; Ribicich, MM	44
EVALUACIÓN DE LA CONTAMINACIÓN AMBIENTAL DE ZONAS BALNEARIAS POR COLIFORMES FECALIS Y CEPAS DIARREOGÉNICAS DE <i>ESCHERICHIA COLI</i> CON IMPACTO EN SALUD De La Cuesta, R; Sanin, M; Battaglia, F; Bentancor, A; Bonino, MP; Blanco Crivelli, X	45
DETECCIÓN DE CEPAS DIARREOGÉNICAS DE <i>ESCHERICHIA COLI</i> EN LAMA GUANICOE DE TIERRA DEL FUEGO Bonino, MP; Agnetti, M; Scotti, F; Xifra, S; Sanin, M; Flores, C; Bentancor, A; Blanco Crivelli, X; Cundon, C	46
DISTRIBUCIÓN ESTACIONAL DE PARASITOSIS GASTROINTESTINALES DE INTERÉS SANITARIO EN ANIMALES DE COMPAÑÍA Y DE PRODUCCIÓN DEL PARTIDO DE EXALTACIÓN DE LA CRUZ, BUENOS AIRES, ARGENTINA Bravo, J; Degregorio, OJ; Berra, Y	47
SEGUIMIENTO DE B-LACTAMASAS DE ESPECTRO EXTENDIDO Y GENES QNR DESDE LA MADRE AL LECHÓN EN DOS SISTEMAS PRODUCTIVOS DE URUGUAY Cóppola, N; Freire, B; Castro, G; Bado, I; Cordeiro, N; Vignoli, R	48
DETECCIÓN DE MECANISMOS DE RESISTENCIA TRANSFERIBLES A FLUOROQUINOLONAS Y POLIMIXINAS EN <i>ESCHERICHIA COLI</i> AISLADA DE EQUINOS EN URUGUAY Rios, C; Cópola, N; Luce, C; Cansela, G; Bado, I; Vignoli, R	49
DETECCIÓN DE BETA-LACTAMASAS DE ESPECTRO EXTENDIDO EN EQUINOS DE URUGUAY Luce, C; Cópola, N; Rios, C; Hernández, C; Cansela, G; Vignoli, R; Bado, I	50
ANTIMICROBIANOS DE USO FRECUENTE EN PRODUCCIONES LECHERAS DE LA CUENCA CENTRAL SANTAFESINA Peña, A; Miotti, C; Cicotello, J; Tello, F; Suarez Archilla, G; Welschen, N; Astesana, D; Zbrun MV; Signorini, M; Camussone, C; Molineri, A	51
USO DE ANTIMICROBIANOS Y PERCEPCIÓN DE RIESGO A LA RESISTENCIA ANTIMICROBIANA EN EL PARTIDO DE EXALTACIÓN DE LA CRUZ. (RESULTADOS PRELIMINARES). Safar, SL; Sierra, MF; Degregorio, OJ	52
RESISTENCIA ANTIMICROBIANA EN OVINOS DE LA ISLA DE TIERRA DEL FUEGO Crespi, E; Disalvo, V; Rumi, V; Bentancor, A	53
SIGNOLOGÍA CLÍNICA ASOCIADA A PARASITOSIS POR <i>EUCOLEUS</i> SPP. EN CANINOS Y FELINOS EN LA CIUDAD AUTÓNOMA DE BUENOS AIRES Soriano, M; Tesoriero, F; Di Benedetto, Y; Piazza, A; Ricart, MC; Passeri, MC.....	54
CRIPTOCOCOSIS CANINA: REPORTE DE UN CASO EN LA PROVINCIA DE CÓRDOBA Muller, B; Luque Aguada, L; Giana, K; Peralta Martinez, M; Arroyo, F; Gabriela, E; Zucotti, A	55
CONOCIMIENTO, PRÁCTICAS Y PERCEPCIÓN DE RIESGO DE ZONOSIS ENTRE CAZADORES DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES Basarena, D; Carpanetti, B	56
PREVALENCIA DE COCCIDIOSIS AVIAR E IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE ESPECIES EN GRANJAS DE AGRICULTURA FAMILIAR DE ARGENTINA Y CHILE Britez, JD; Tomazic, ML; Pisón Martínez, ML; Barbano, P; Cantín, B; Alegría-Morán, R; Ramírez-Tolosa, G; Rodríguez, AE	57
CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE <i>ANAPLASMA MARGINALE</i> : DIVERSIDAD DE VARIANTES EN UN CONTEXTO LIBRE DEL VECTOR GARRAPATA Pérez, AE; Cantón, GJ; Guillemi, EC; Farber, MD	58
PREVALENCIA DE <i>ESCHERICHIA COLI</i> SHIGATOXIGÉNICO (STEC) EN GANADO BOVINO. REVISIÓN SISTEMÁTICA Y METAANÁLISIS DE ARTÍCULOS CIENTÍFICOS Graciano, L; Bentancor, AB; Cundon, CC; Degregorio, OJ	59

El Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria, UBA (IIEV-UBA), desde la transdisciplina hasta Una Salud

MARCOS, ER

Director Organizador IIEV-UBA

Las Ciencias Veterinarias forman parte insustituible del concepto de “Una Salud”, enunciado hace dos décadas junto a la medicina humana y a las ciencias del ambiente. Hoy no se discute su imprescindible participación en los equipos de estudio de las enfermedades que amenazan a la salud pública y que reconocen una múltiple factorialidad. Pero no siempre primó esa amplitud de criterio ni la mirada integradora en el abordaje de los procesos de salud- enfermedad-atención. Diferentes intentos, realizados tanto desde la medicina veterinaria como desde su contraparte humana, bucearon en la multidisciplina, la interdisciplina y la transdisciplina, tras el objetivo de sintetizar el pensamiento sanitario para prevenir enfermedades. Ese avance generó marcos teóricos, conocimientos y tecnologías, y alcanzó a múltiples disciplinas, pero muy especialmente a la Epidemiología que mutó de estudiar factores relacionados con la presentación y distribución de enfermedades y cuantificar su impacto, a considerar a las enfermedades como el resultado de interacciones entre poblaciones humanas y animales, agentes biológicos y el ambiente donde interactúan; analizando las relaciones entre los factores físicos, biológicos y sociales que facilitarían la transmisión de las infecciones en ecosistemas bien caracterizados y considerando las particularidades de las interfases epidemiológicas generadas. Estas modificaciones coincidieron, en los últimos 50 años con la creciente valorización de las

zoonosis como enfermedades emergentes y de la vida animal silvestre como fuente de agentes patógenos factibles de ser transmitidos a otros animales y a humanos. Estos cambios fueron registrados por la FCV UBA: en 1988 creó el Instituto de Investigación en Ciencias Veterinarias; que en 2001 se transformó en Centro Transdisciplinario de Epidemiología y que en 2018 modificó su denominación a Centro de Estudios Transdisciplinarios de Epidemiología (CETE). En pocos años el CETE desarrolló su masa crítica de investigadores, sus recursos físicos y equipamientos, desarrolló investigaciones epidemiológicas en ámbitos urbano y rural, estableció lazos con instituciones del país y del exterior e integró la investigación a la docencia, la extensión y al desarrollo tecnológico-social. Este accionar culminó con la conversión del CETE en el actual IIEV UBA para propiciar la interrelación entre los diferentes grupos de investigación relacionados con la disciplina, posibilitar la optimización de los equipos y recursos, potenciando los resultados obtenidos en el desarrollo de líneas de investigación. El IIEV UBA favorece la difusión y divulgación de las actividades de investigación que propendan al avance científico y tecnológico y a la resolución de problemas de la temática, lo que redundará en una mejor y más amplia formación de investigadores y, a la vez, en la transmisión de los conocimientos a los estudiantes de grado y posgrado, propiciando, finalmente la mejor formación disponible en la disciplina.

Evolución de los estudios epidemiológicos de STEC

BENTANCOR, A

Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Veterinarias, Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria. Microbiología. Chorroarín 280, Ciudad Autónoma de Buenos Aires CP1427, Argentina

Escherichia coli shigatoxigénico (STEC) ocasiona cuadros de diarrea aguda sanguinolenta, síndrome urémico hemolítico (SUH) con trasplante renal a corto o largo plazo y muerte principalmente en niños. Su dosis infectiva es muy baja y carece de tratamiento específico. La vía de transmisión es fecal oral y la fuente de infección son los alimentos contaminados. Los rumiantes identificados como portadores asintomáticos de STEC, han sido involucrados en la ruta epidemiológica de la granja a la mesa. Las acciones en salud se centran en la prevención. Por ello el control de la contaminación de la canal por heces bovinas es un factor clave. Las cepas STEC O157 han sido implicadas local y mundialmente en la clínica asociados a grandes brotes, determinando esfuerzos para su rastreo por su baja carga, posteriormente la búsqueda se centró en siete serogrupos frecuentes en grandes brotes a nivel internacional. En Argentina la epidemiología de SUH endémica con eventos aislados, permite considerar que el riesgo potencial de los aislamientos de otras STEC no pueda definirse. En los estudios de portadores, hemos incluido algoritmos para STEC O157 y no-O157, contribuyendo a establecer información en la circulación de las cepas locales y su prevalencia. En respuesta a casos de SUH donde se desconocía la fuente de infección, analizamos factores geoespaciales, su asociación a dichos casos, el grado de contaminación de la carne y sumamos la percepción de riesgo de la población (PRP) en áreas con o sin riesgo epidemiológico. Sin embargo,

la fuente de infección no se identifica en todos los casos. Conociendo que el 60% de las enfermedades humanas tienen un origen animal, investigamos el riesgo de fuentes alternativas como los animales de compañía y el posible rol de los sinantrópicos, asociados o no con casos de SUH. Finalmente, dado que las tasas más altas de SUH en Argentina se encuentran en la región sur, estudiamos en la isla de Tierra del Fuego las posibles fuentes de infección y la PRP. Incluimos la contaminación de carne y carcasas ovinas, la prevalencia en bovinos y ovinos en pie, la contaminación de fuentes hídricas y animales silvestres que circulan en el área. A la luz de los intercambios genéticos entre las bacterias, y posibles emergentes, predecir el impacto de cada aislamiento es tarea compleja. Por ello los estudios de caracterización bioquímica, biotipos, serotipos, patrones de PULSE FIELD, WGS tienden a categorizar el impacto de cada aislamiento obtenido de una fuente de infección. Su impacto epidemiológico derivará de las habilidades del patógeno en ganar un nicho particular y generar daño en un hospedero susceptible. Nuestro grupo ha incluido para los aislamientos de STEC no-O157 la evaluación del riesgo molecular para jerarquizar el potencial de riesgo, como predictor de su posible impacto o patógeno emergente. Dichas herramientas han podido demostrar la circulación de cepas de serotipos poco frecuentes previamente asociadas a cuadros clínicos, que serían desestimadas bajo los criterios internacionales.

Vigilancia genómica de los patógenos asociados a las enfermedades transmitidas por los alimentos

CHINEN, I

Unidad de Gestión de Amenazas Infecciosas. Departamento de Emergencias en Salud. Organización Panamericana de la Salud (IHM/PHE/PAHO)

Las enfermedades transmitidas por los alimentos (ETA) son de gran preocupación a nivel mundial por el impacto que generan en la población y en la economía de los países, tanto en el área de salud como en los sistemas productivos. El estilo de vida actual en un mundo globalizado resalta la necesidad de optimizar los sistemas de vigilancia de las enfermedades infecciosas, y adaptarlos para enfrentar los complejos desafíos que se plantean. Entender la dinámica de evolución y transmisión de los patógenos asociados a estas enfermedades, es esencial para poder detectar los casos o brotes, y brindar una rápida respuesta para su control y prevención de manera más eficaz y sostenible. Para ello, es esencial avanzar en estrategias innovadoras, y trabajar en la integración de las áreas de estudio, colaboración entre países y movilizarnos hacia el uso de nuevas tecnologías. La epidemiología genómica se propone como un componente fundamental a incorporar en los sistemas de vigilancia de la Salud en los países. Su aplicación al estudio de las enfermedades infecciosas se basa en el uso de nuevas tecnologías de secuenciación, como la Secuenciación de Genoma Completo (SGC). Por su alto valor diagnóstico y alta resolución esta herramienta es utilizada para diagnóstico y vigilancia del agente patógeno. En este contexto, la SGC aporta a la detección temprana y el monitoreo continuo de las variantes genéticas en las poblaciones microbianas lo que facilita la

identificación de patrones, mutaciones o cambios genéticos relevantes que puedan tener implicancia en salud pública. La vigilancia genómica se basa en el análisis y recopilación sistemática de los datos clínicos, demográficos y epidemiológicos del caso, y de la información genómica del patógeno asociado. Los laboratorios en la región funcionan en redes para optimizar recursos e intercambiar conocimiento. Es así, que en el marco de la Red Regional PulseNet América Latina y el Caribe (PNALC) se está trabajando en el fortalecimiento de la vigilancia genómica mediante SGC de los patógenos asociados a ETA (*Salmonella* spp., *E. coli*, *Campylobacter* spp., *V. cholerae*, *Salmonella* Typhi y *S. Paratyphi*). La infraestructura para implementar esta estrategia en los países fue construida en forma gradual, y se logró gracias a la cooperación desde distintos estamentos de la Red PNALC y en el marco de colaboraciones regionales e internacionales. En la región, se cuenta con plataformas de secuenciación, capacidad informática y bioinformática, protocolos estandarizados de SGC para laboratorio y análisis de los resultados genómicos, y acuerdos de cooperación. Entendiendo de la emergencia y reemergencia de estos patógenos, la consolidación regional es fundamental, para que la vigilancia genómica funcione en forma permanente y en cada lugar, para prevenir y/o responder a situaciones potenciales, de impacto en la población.

Influencia de la biodiversidad en la emergencia de zoonosis

BLAS GIRAL, I

Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza (España)

La Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA) indica que al menos el 75% de los patógenos causantes de enfermedades emergentes que afectan al ser humano son de origen zoonótico, y estima que cada año aparecen cinco nuevas enfermedades humanas. Así mismo en los criterios de inclusión definidos en los Códigos Sanitarios de Animales Terrestres y Acuáticos se contemplan tres posibilidades: transmisión zoonótica, impacto sanitario significativo en los animales domésticos y/o en la fauna silvestre (y por tanto causando un impacto en la biodiversidad).

Diversos autores han descrito múltiples escenarios de salto interespecífico (*spillover*) considerando que una alta diversidad supondría una fuente potencial de múltiples patógenos y en consecuencia una mayor probabilidad de emergencia de zoonosis. Sin embargo, otros autores apuntan en sentido contrario considerando que una alta biodiversidad disminuye el riesgo de emergencia al producir un efecto dilución que repercute a dos niveles: reducción de las poblaciones de potenciales reservorios, y disminución de la carga infecciosa de los mismos, y en consecuencia se minimiza el riesgo de transmisión zoonótica.

En la actualidad existen numerosas evidencias que confirman que la emergencia de zoonosis es un proceso multifactorial que estaría condicionado por la presencia de reservorios supercompetentes, monocultivos (ganadería intensiva), tamaño de las poblaciones animales,

existencia de hospedadores comunes y diversidad de patógenos zoonóticos. Pero también habría que introducir en el modelo otros factores relacionados por la destrucción de hábitats y la consiguiente pérdida de diversidad. Entre estos factores habría que destacar el cambio climático y determinadas actividades antropogénicas.

Generalmente asociamos estos saltos zoonóticos a dos grupos de mamíferos: murciélagos y roedores ya que reúnen unas peculiaridades que los convierten en excelentes candidatos a ser reservorios de potenciales patógenos zoonóticos. Sin embargo, la mayoría de saltos zoonóticos en las últimas décadas se han asociado en primer lugar a rumiantes domésticos, seguidos de perros y gatos, y aves domésticas y silvestres en tercer lugar. Quedando relegados a continuación murciélagos y roedores. También hay que considerar la introducción de especies invasoras como factor de riesgo, no solamente de reservorios sino también de vectores competentes.

Todavía está muy presente la pandemia de Covid-19 como ejemplo de salto zoonótico, y cada vez es más preocupante la evolución de los virus de la influenza aviar A(H5N1), pero existen otros muchos ejemplos de emergencia y reemergencia de enfermedades zoonóticas que debemos analizar como son la enfermedad de Lyme, la fiebre del Nilo Occidental, la leishmaniosis, la viruela del mono (*mpox*) o la fiebre hemorrágica de Crimea-Congo, cuya incidencia está claramente relacionada con la biodiversidad.

Influenza aviar de alta patogenicidad (IAAP) en las Américas: situación epidemiológica, acciones globales y regionales

MINASSIAN, M

Asistente Técnico, Representación Regional de la OMSA para las Américas

Se detallan las acciones más relevantes en el ámbito de la salud y el bienestar de los animales desarrolladas la Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA).

La OMSA desarrolla estándares que sirven como base para el comercio internacional, actuando como referencia técnica ante la Organización Mundial del Comercio. Adicionalmente estos estándares son utilizados por sus Miembros como base para el desarrollo de sus normativas nacionales. Los estándares incluyen requisitos para garantizar el comercio seguro de animales y sus productos derivados, así como los criterios de calidad para el desarrollo, manufactura y aplicación de métodos de diagnóstico y vacunas.

Otra actividad es la gestión del Sistema Mundial de Información Zoosanitaria (WAHIS), que recopila tanto las notificaciones inmediatas, especialmente por la emergencia de enfermedades listadas en zonas o países libres, así como las recopilaciones de casos semestrales o anuales para aquellas enfermedades listadas e históricamente presentes en un país o territorio. Adicionalmente, se administra a la plataforma WAHIS-Wild, que recopila las notificaciones de enfermedades en fauna silvestre enviadas por sus Miembros.

Se presentan los conceptos y definiciones contenidos en el Capítulo 10.4 del *Código Sanitario*

para los Animales Terrestres sobre la Infección por los virus de la influenza aviar de alta patogenicidad. Esto incluye a los criterios de notificación para los casos en aves de corral y otras categorías, así como para los virus de influenza de baja patogenicidad. Adicionalmente, se mencionan los criterios para establecer programas de vacunación.

La expansión de la IAAP es seguida de cerca por la OMSA, junto con la *Red de Expertise de FAO/OMSA sobre Influenzas Animales* (OFFLU), involucrando también a la OMS. Asimismo, se han involucrado a otras organizaciones relevantes, teniendo en cuenta los eventos recientes en fauna silvestre y la detección en territorio antártico.

Se presentan los datos más recientes de notificaciones de la enfermedad, tanto para aves de corral como animales silvestres, incluyendo los patrones espaciales como temporales.

La OMSA elabora y publica reportes periódicos sobre la situación de la IAAP con énfasis en los eventos más recientes y el análisis de la información. Toda la información presentada es de acceso público, y puede consultarse en nuestro sitio web, en una sección dedicada disponible en <https://www.woah.org/es/enfermedad/influenza-aviar/>

Integrando datos abiertos: potenciando la epidemiología cuantitativa

MARDONES, F

Universidad Católica de Chile

La disponibilidad y el uso eficiente de datos abiertos están transformando la epidemiología veterinaria moderna. En esta conferencia magistral, examinaremos cómo el acceso a nuevas fuentes de información, su adecuada recolección, procesamiento y análisis mediante inteligencia artificial, está revolucionando la capacidad de los científicos para enfrentar los desafíos epidemiológicos en animales terrestres y acuáticos. Nos centraremos en cómo estas herramientas permiten mejorar la vigilancia y la toma de decisiones en el ámbito de la salud animal.

Un eje central de la charla será la integración de datos abiertos con los sistemas de información sanitarios. Esta integración no solo incrementa la precisión y robustez de los modelos epidemiológicos, sino que también permite la creación de estrategias más efectivas para el control y la prevención de enfermedades. Revisaremos fuentes de datos que van desde registros clínicos hasta bases de datos sobre biodiversidad, transporte animal, y redes de comercio que contribuyen a la transmisión de enfermedades.

También exploraremos el uso de técnicas avanzadas como la inteligencia artificial y el aprendizaje automático para mejorar la capacidad de predicción y el análisis de grandes volúmenes de datos. La charla discutirá cómo los avances en

estas áreas permiten procesar datos en tiempo real, lo que es crucial para detectar brotes tempranos y gestionar respuestas más eficientes.

Además, se abordarán métodos innovadores para el análisis de redes de contacto y la epidemiología espacial, destacando su papel en la visualización y mapeo de patrones de transmisión en diferentes escalas geográficas. El uso de datos geoespaciales y modelado de redes de contacto entre animales y seres humanos proporcionará ejemplos concretos de cómo estas herramientas pueden ayudar a identificar puntos críticos de transmisión y mejorar las intervenciones sanitarias.

Finalmente, se analizará cómo el cambio climático afecta la dinámica de las enfermedades, tanto en animales terrestres como en especies acuáticas. El análisis de estos datos nos permitirá predecir cómo las alteraciones en los ecosistemas pueden influir en la aparición de nuevas enfermedades o la reemergencia de enfermedades conocidas. La conferencia proporcionará un enfoque integrador que demostrará cómo la combinación de todas estas fuentes de datos puede transformar la epidemiología veterinaria y contribuir a una salud animal más sólida y resiliente frente a desafíos globales.

Zoonosis fúngicas en expansión, ¿estamos preparados para su prevención y control?

CÓRDOBA, S

Cátedra Micología Médica e Industrial, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata. La Plata. Buenos Aires. Argentina. Departamento Micología. Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas "Dr. C. G. Malbrán", Buenos Aires. Argentina

Las infecciones fúngicas asociadas con transmisión zoonótica o sapronótica son, a nivel global, un problema sin resolver en salud pública.

Más del 99% de los hongos potencialmente patógenos tiene su hábitat en la naturaleza, por eso el concepto de Una Salud tiene especial importancia al sustentarse en la estrecha vinculación entre la salud humana, la salud animal y la interacción con el medio ambiente. En la práctica diaria, el diagnóstico de las zoonosis de origen bacteriano, viral o parasitario es habitual para el médico veterinario, aunque el diagnóstico de las zoonosis de origen fúngico se limita casi exclusivamente a las dermatofitosis comunes, mientras que otras micosis no son parte del algoritmo de diagnóstico clínico.

En Argentina, *Sporothrix brasiliensis*, *Trichophyton benhamiae*, *Malassezia pachydermatis* son reconocidos por causar brotes zoonóticos, en algunos casos con desenlace fatal, tanto para los animales como para las personas infectadas.

La esporotricosis causada por *S. brasiliensis* es una zoonosis en franca expansión, la ruta alternativa de transmisión incluye la inevitable participación de los gatos (*Felis silvestris catus*) como parte importante en la cadena de transmisión, con la particularidad que algunos contagios interespecie pueden ocurrir sin mediar lesión cutánea para que el hongo invada los tejidos.

En nuestro país hemos demostrado la presencia de *S. brasiliensis* al menos, desde 1988. A la fecha, se comunicaron casos de esporotricosis en localidades linderas a la cuenca del Rio Reconquista, en El Tigre,

en Santa Cruz, Chaco, Rio Negro y Misiones. Esta micosis genera brotes zoonóticos de impacto negativo en salud (humana y animal).

Las dermatofitosis por *T. benhamiae* aparecieron en Argentina al incorporar a pequeños roedores como mascotas, en especial los cobayos (*Cavia porcellus*) que permanecen en estrecho contacto con menores. Las lesiones cutáneas suelen ser extensas, de difícil resolución, requieren aislamiento de los enfermos y tratamiento prolongado con antifúngicos.

La prevención y control de estas micosis representa un desafío que debe contar con la participación activa de veterinarios, médicos, biólogos y ecólogos para intervenir frente a la aparición de casos, así como para vigilar la circulación de los patógenos involucrados en los posibles brotes y mitigar los daños en salud pública.

La capacitación continua de profesionales de la salud, así como la concientización de la comunidad en el cuidado responsable de las mascotas son pilares fundamentales para prevenir la aparición o bien, minimizar la expansión de los patógenos.

El avance tecnológico de la mano de la secuenciación de genoma completo y la espectrometría de masas son herramientas de laboratorio que permiten detectar e identificar con certeza y rapidez a los patógenos, dirigir el tratamiento más adecuado y eficaz brindando la posibilidad de diseñar estrategias de prevención y control de las zoonosis fúngicas.

Rol zoonótico de las clamidias, psitacosis y más allá

RODRÍGUEZ FERMEPIN, M

Universidad de Buenos Aires. Facultad de Farmacia y Bioquímica. Cátedra de Microbiología Clínica. Hospital de Clínicas “José de San Martín”. Laboratorio de Inmunología y Virología Clínica. Buenos Aires, Argentina

La psitacosis (1895) es producida por *Chlamydia psittaci* y transmitida al hombre por contacto con aves enfermas, sus excretas o productos. Si bien la mayoría de los casos humanos tienen origen en loros, *C. psittaci* se ha demostrado en todas las especies de aves estudiadas.

La primera hipótesis de una enfermedad respiratoria transmitida por loros enfermos fue realizada en 1880 en Uster, Suiza, por J. Ritter. La epidemia de psitacosis de 1929-30, que comenzó en Córdoba por la importación de 5.000 loros brasileños y se propagó a más de 20 países de cinco continentes a partir de loros importados de Argentina, confirmó la teoría.

Hasta 1999 el nombre *Chlamydia psittaci* incluía a todas las cepas de origen animal, independientemente de la especie involucrada y del cuadro ocasionado. El estudio de las cepas mediante técnicas de biología molecular permitió en ese año una nueva propuesta de clasificación que generó algunas controversias y fue reformulada, por lo que, finalmente, el género *Chlamydia* quedó compuesto por: *C. abortus*, *C. caviae*, *C. felis*, *C. muridarum*, *C. pecorum*, *C. pneumoniae*, *C. psittaci*, *C. suis*, y *C. trachomatis*.

A partir de la investigación en distintas especies animales y de la secuenciación de genomas completos este listado aumenta continuamente.

Se han detectado nuevas especies infectando aves (*C. avium*, *C. buteonis*, *C. gallinacea* y unas cepas particulares de *C. abortus*), serpientes (*C. serpentis*) y tortugas (*C. poikilothermis*).

Además de *C. psittaci*, el rol zoonótico ha sido demostrado para muchas de las especies mencionadas:

C. abortus (cepas de mamíferos): principalmente infecta pequeños rumiantes en los que provoca abortos. La transmisión a partir de contacto con tejidos contaminados puede producir abortos, sepsis y neumonía atípica en seres humanos.

C. caviae: suele infectar cobayos, gatos, perros, conejos y caballos produciendo conjuntivitis e infecciones genitales. A partir del contacto cercano puede ocasionar conjuntivitis moderada y neumonía atípica en el hombre.

C. felis: produce conjuntivitis e infecciones respiratorias altas en los gatos. El contacto con animales enfermos puede ocasionar conjuntivitis en humanos. *C. gallinacea*: disminuye la ganancia de peso. Ha sido asociada a casos de neumonía atípica, principalmente en trabajadores de la industria avícola.

C. suis: en general causa cuadros de enteritis leve y conjuntivitis. Se ha demostrado su portación asintomática en granjeros.

La presencia de, principalmente, infecciones respiratorias en cuidadores de animales silvestres y de zoológicos que estuvieron asociados a animales enfermos en los que se detectó material genético de clamidias (que no pudieron ser identificadas) alienta a continuar investigando en la búsqueda de nuevas especies y en el riesgo zoonótico que pueden representar.

Microbiomas con una mirada epidemiológica en la Enfermedad de Crohn. Aportes del microbioma al diagnóstico de enfermedades

VIDAL, RM

Programa de Microbiología y Micología-ICBM Facultad de Medicina, Universidad de Chile. ANID - Programa Iniciativa Científica Milenio - Núcleo Milenio en Biología de la Microbiota Intestinal, Santiago, Chile

La mayor concentración y diversidad de microorganismos asociados a la microbiota humana reside en el intestino, estableciendo una relación comensal o mutualista con el hospedero, la cual puede verse interrumpida cuando la estructura y composición microbiana es alterada (disbiosis). La disbiosis puede estar asociada a cambios en la dieta, el uso de antibióticos y en una serie de enfermedades, entre ellas las enfermedades inflamatorias intestinales (EII) como Colitis Ulcerosa (CU) y Enfermedad de Crohn (EC). La disbiosis intestinal se ha asociado con el desarrollo y la progresión de la EII, pero no está claro si la alteración de estas comunidades microbianas son la causa o una consecuencia de estas enfermedades. En la mayoría de los adultos sanos, los filos Firmicutes y Bacteroidetes representan alrededor del 90% de las bacterias intestinales, pero en los pacientes con EII estos filos están drásticamente disminuidos. Ambos filos incluyen bacterias que pueden producir ácidos grasos de cadena corta (SCFA, por sus siglas en inglés) mediante la fermentación de fibras vegetales dietéticas que los humanos no podemos digerir. En pacientes con EII en estado activo la disbiosis de la microbiota intestinal se caracteriza por la disminución de bacterias comensales benéficas y un aumento de patobiontes proinflamatorios. Lo anterior, ha sustentado la idea de que la restauración del estado eubiótico de la microbiota intestinal es un blanco terapéutico en la EII. Nuestro grupo de investigación ha realizado

estudios para caracterizar la microbiota asociada a la mucosa intestinal en pacientes con EII (CU y EC) y en individuos control (CTL). Como resultado de estas investigaciones, y consistente con estudios realizados por otros investigadores, encontramos que la disbiosis en EII se caracteriza por una disminución de bacterias benéficas comensales (principalmente Firmicutes) y un aumento de bacterias proinflamatorias (principalmente Proteobacterias). Por lo tanto, la composición de la microbiota se correlacionó con el estado y severidad de la enfermedad y la disbiosis tuvo una composición poblacional similar tanto en CU como EC. Al comparar la microbiota, se encontraron bacterias biomarcadoras de eubiosis presentes en los individuos control y pacientes con EII en estado eubiótico (en remisión o inicio de la EII) y disminuidos o ausentes en los pacientes con disbiosis. Entre las especies indicadoras de eubiosis destacan *Faecalibacterium prausnitzii*, *Blautia wexlerae* y *Blautia luti* entre otros y un incremento en la población de *E.coli* asociada probablemente con un incremento del patobionte *E.coli* Adherente-Invasivo (ECAI). No existen reportes sobre la utilización de indicadores de eubiosis en forma de consorcio bacteriano para el tratamiento de la EII. No obstante, se han descrito en la literatura algunas de las funciones benéficas que cumplirían a nivel intestinal y en algunos casos también han sido identificadas como marcadores de buen pronóstico y remisión en EII.

COVID-19 y su impacto en la incidencia de micosis pulmonares, invasoras y sistémicas endémicas

CUESTAS, ML

Universidad de Buenos Aires. CONICET. Instituto de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Médica (IMPaM). Buenos Aires, Argentina.

La historia de la humanidad siempre estuvo azotada por distintas emergencias sanitarias a raíz de conflictos bélicos, catástrofes naturales y grandes epidemias o pandemias, con consecuencias devastadoras para la salud y la economía global. Según la Organización Mundial de Sanidad Animal, el 60 % de los agentes patógenos que causan enfermedades humanas tienen su origen en los animales domésticos o silvestres.

Entre 2019-2023 la pandemia por el coronavirus SARS-CoV-2, condujo a la muerte a más de 6 millones de personas en todo el mundo. El origen de este brote estuvo asociado con un mercado mayorista de pescados y mariscos de Huanan, en Wuhan (China), donde, además, se vendían animales salvajes exóticos para consumo alimenticio, algunos de ellos potenciales reservorios de los coronavirus (civetas, murciélagos, serpientes). En los inicios de la pandemia, antes del advenimiento de las vacunas, se documentó que el 14% -30% de los pacientes internados con COVID-19, progresaban a insuficiencia respiratoria grave, con necesidad de asistencia respiratoria mecánica. Asimismo, se describieron casos de micosis pulmonares, invasoras y sistémicas en pacientes con formas graves de COVID-19, en particular en aquellos con estadía prolongada en la unidad de cuidados intensivos, en quienes habían recibido tratamiento prolongado con antibióticos de amplio espectro

y tratamiento con corticoides. Por otra parte, el SARS-CoV-2 además de conllevar a una disfunción y/o desregulación del sistema inmune tanto a nivel local como sistémico (hiperinflamación, linfopenia y parálisis inmunológica) también causa un daño directo en el epitelio respiratorio, y una disfunción de la actividad mucociliar por parte de las células epiteliales. Toda esta crítica situación clínica asociada a la infección grave con el SARS-CoV-2 aumenta el riesgo de infecciones fúngicas graves, como aspergilosis pulmonar asociada a COVID-19 (CAPA), candidemias, mucormicosis. Pues el paciente con COVID-19 grave se comporta como un individuo inmunosuprimido grave. Pocos estudios han investigado las coinfecciones por hongos en esta población. En este trabajo, se describen las micosis invasoras y sistémicas más frecuentemente documentadas a nivel internacional asociadas a COVID-19 y las estudiadas en nuestra población de Argentina, las cuales incluyen casos de candidemia, histoplasmosis, criptococosis, CAPA, fusariosis y neumocistosis.

Muchos de estos agentes fúngicos también pueden afectar animales. Atender a la sanidad y el bienestar de los animales de forma sostenida contribuiría a mejorar la salud humana y, a su vez, la salud animal, idea englobada en el concepto de «una sola salud».

Traspassando barreras interespecies: influenza en bovinos

PICASSO RISO, C

Department of Large Animal Clinical Science – Michigan State University, MI, USA

Influenza Aviar Altamente Patógena (HPAI, por sus siglas en inglés) es una enfermedad zoonótica contagiosa que provoca una alta mortalidad en aves. En marzo de 2024, ocurrió una transmisión interespecies sin precedentes afectando el ganado lechero en EEUU. La infección en los rodeos lecheros está asociada a una disminución repentina en la producción de leche, y se han identificado altas cargas de excreción del virus en la leche de vacas infectadas. Siete meses después de que se identificara la granja índice, al menos 300 rodeos lecheros en 14 estados se han identificado como positivos al virus, y se han confirmado 10 casos humanos vinculados al

ganado infectado. La aparición de HPAI H5N1 en el ganado lechero representa una grave amenaza para la industria lechera, lo que requiere un enfoque que integre la salud humana, animal y ambiental. Mejorar la bioseguridad, incrementar la vigilancia y avanzar en la investigación son aspectos cruciales para gestionar este desafío. A través de esta presentación, discutimos los aspectos epidemiológicos y clínicos de HPAI H5N1 en ganado revisando la situación espaciotemporal de la enfermedad en los Estados Unidos, los signos clínicos y las pruebas que llevan a un caso confirmado, así como las medidas de vigilancia y control implementadas a nivel nacional y estatal.

Estrategias de manejo de los animales silvestres en la epidemiología de PPC y PPA

PÉREZ AGUIRREBURUALDE, S

Center for Animal Health and Food Safety, Minnesota University. US

La Peste Porcina Clásica (PPC) y la Peste Porcina Africana (PPA) son dos enfermedades virales altamente contagiosas que afectan tanto a los cerdos domésticos como a las poblaciones de jabalíes. Estas enfermedades comparten varias similitudes epidemiológicas que presentan oportunidades para transferir lecciones aprendidas, particularmente en áreas de diagnóstico y estrategias de vacunación. Las poblaciones de jabalíes juegan un papel clave como reservorios para ambas enfermedades, lo que contribuye a su persistencia y propagación. El movimiento a larga distancia y el comportamiento social de los jabalíes complican el control de los brotes. Las rutas de transmisión para la PPC y la PPA son similares, ya que implican principalmente el contacto directo entre animales infectados y susceptibles. Ambas enfermedades también pueden propagarse indirectamente a través de fómites contaminados (como vehículos y equipo agrícola) y mediante la alimentación con material infectado a los cerdos.

Uno de los principales desafíos en la gestión de estas enfermedades en la fauna silvestre es la dificultad de acceder y monitorear a las poblaciones de jabalíes. Los avances en diagnósticos de campo, especialmente en pruebas moleculares portátiles y métodos de muestreo no invasivo, han demostrado ser eficaces para detectar infecciones en estas poblaciones de difícil acceso. Las lecciones de la

gestión de la PPC, donde se han implementado con éxito diagnósticos de campo, pueden informar las estrategias de vigilancia de la PPA en los jabalíes.

Si bien las vacunas efectivas para la PPC han sido una herramienta clave en el control de la enfermedad, la situación es más compleja para la PPA, ya que aún no se dispone de una vacuna comercial viable. No obstante, la experiencia adquirida en la implementación de campañas de vacunación masiva contra la PPC en poblaciones de jabalíes de alta densidad puede ofrecer ideas valiosas para las futuras estrategias de vacunación contra la PPA, en caso de que se desarrolle una vacuna eficaz. Aprender de las campañas de vacunación contra la PPC sobre cómo administrar vacunas en entornos desafiantes puede potencialmente informar futuros esfuerzos para contener la PPA.

El manejo de la fauna silvestre en el control de la PPC y la PPA requiere un enfoque coordinado que integre la vigilancia activa, diagnósticos rápidos y, potencialmente, la vacunación. Al centrarnos en las características compartidas de estas dos enfermedades, podemos mejorar las estrategias de manejo y acelerar la adopción de nuevas tecnologías y enfoques para reducir el impacto devastador de estas enfermedades en la producción porcina global.

Vigilancia activa basada en riesgo y fiscalización inteligente

MARCOS, A

Coordinación General de Epidemiología, SENASA. Cátedra de Salud Pública, Facultad de Ciencias Veterinarias, UBA.

La vigilancia epidemiológica de patógenos consiste en la recolección sistemática de información, su procesamiento y análisis, y su oportuna utilización para limitar el impacto de las enfermedades animales.

El comercio de productos de origen animal, sumado al aumento de la población humana y el mayor contacto entre animales silvestres, domésticos y personas, son algunos de los factores que favorecen la diseminación de patógenos a nivel mundial.

La vigilancia activa es una actividad organizada en la cual quien realiza el diseño y recolecta la información es el responsable del análisis de la misma. Los fines de esta vigilancia pueden ser demostrar que un patógeno está ausente en un área o estimar la prevalencia de un patógeno en una población.

A los fines de lograr que la vigilancia activa sea más eficiente, logrando sus objetivos con menor uso de recursos, muchos muestreos se realizan basados en riesgo. Esto se aplica principalmente a la vigilancia cuyo objetivo es demostrar la ausencia de un patógeno. En este caso, la palabra riesgo está asociada a la posibilidad de que ocurra un peligro. Este concepto aplicado a la vigilancia activa significa que la búsqueda de un patógeno se enfocará allí donde sea más posible detectarlo. Si los factores de riesgo fueron correctamente identificados y las muestras correctamente seleccionadas, al resultar todas las muestras negativas podremos asumir que el patógeno no se encuentra presente. Este resultado podría extrapolarse a la población total, aunque el muestreo no sea aleatorio. Este tipo de

vigilancia se utiliza para demostrar la ausencia de circulación del virus de fiebre aftosa y de influenza aviar de alta patogenicidad en Argentina.

Además, el concepto de riesgo puede aplicarse para la fiscalización de la normativa sanitaria vigente. Para lograr una mayor eficiencia, las inspecciones enfocadas a detectar incumplimientos son dirigidas a ciertos establecimientos o actores. La selección de los sujetos pasibles de inspección se basa en indicadores de riesgo que se obtienen ponderando características propias o variables del sujeto a inspeccionar. En el caso de un establecimiento, será más probable que sea inspeccionado si realiza mayor cantidad de movimientos de animales, si tiene antecedentes de incumplimientos previos, si se han registrado mortandades en el mismo, si se encuentra en una zona de alta densidad productiva o en zonas de riesgo para cierto patógeno. Este tipo de fiscalización inteligente se aplica para establecimientos avícolas, vacunadores de fiebre aftosa, entes sanitarios y establecimientos que exportan a Unión Europea. La información para ponderar el indicador de riesgo se obtiene del Sistema Integrado de Gestión de Sanidad Animal del SENASA.

Los objetivos, tanto de la vigilancia activa basada en riesgo como de la fiscalización inteligente, son demostrar el estatus sanitario de la República Argentina, reducir el riesgo de diseminación de patógenos, mantener y mejorar las posibilidades de comerciar con otros países, proteger la sanidad animal y la salud pública utilizando los recursos disponibles de la manera más eficiente posible.

La necropsia y el análisis histopatológico como herramientas clave en la vigilancia de salud en fauna silvestre

OROZCO, M

Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IEGEB-CONICET), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.

Uno de los objetivos del Panel de Expertos de Alto Nivel en One Health (OHHLEP) para el periodo 2021-2026, convocado por la FAO, el PNUMA, la OMS y la WOA, es implementar una vigilancia sanitaria integral, sistemática y sostenible. En este contexto, la vigilancia de patógenos en fauna silvestre es esencial para la conservación de la biodiversidad y la mitigación de riesgos zoonóticos. Entre 2014 y 2024, se monitorearon episodios de mortalidad en ciervos de los pantanos (*Blastocerus dichotomus*) en Argentina, realizando 75 necropsias completas y 205 muestreos parciales. Se identificaron lesiones cerebrales por *Theileria cervi*; neumonía, edema y congestión pulmonar asociados con *Metastrongylus* spp.; enteritis por *Haemonchus* spp., *Trichostrongylidae* spp. y *Strongyloides* spp., y fibrosis hepática vinculada con *Fasciola hepática*. Estos resultados aportan información clave sobre la salud de los ciervos de los pantanos, destacando la presencia de patógenos relevantes para la fauna y potencialmente para la salud pública. La necropsia y el análisis histopatológico son herramientas diagnósticas esenciales para caracterizar patologías, diagnosticar enfermedades y evaluar el estado de salud de la fauna silvestre. La necropsia permite inspeccionar órganos y tejidos de manera exhaustiva, identificando alteraciones morfológicas que esclarecen causas de mortalidad,

frecuentemente asociadas a infecciones, malnutrición o intoxicaciones. Además, facilita la obtención de muestras biológicas para análisis microbiológicos, parasitológicos o toxicológicos. El análisis histopatológico complementa estos hallazgos mediante la evaluación microscópica de tejidos, ofreciendo una visión detallada de los procesos patológicos, lo que es fundamental para la detección precoz de patógenos emergentes. La combinación de ambas técnicas proporciona una evaluación diagnóstica integral, permitiendo diagnósticos específicos y completos. En términos ecológicos y epidemiológicos, la información obtenida a partir de estas metodologías permite la identificación de brotes epidémicos en poblaciones vulnerables, el apoyo a la toma de decisiones en gestión y conservación, y el diseño de medidas de control sanitario. Estas herramientas resultan esenciales para la vigilancia de la salud en fauna silvestre no solo por su valor diagnóstico, sino también por su contribución al conocimiento de la dinámica de las enfermedades en poblaciones animales. La implementación sistemática de estas técnicas en programas de monitoreo de fauna silvestre es clave para la conservación de la biodiversidad, así como para la prevención y el control de enfermedades zoonóticas.

Metodologías de muestreo en estudios epidemiológicos en fauna silvestre

DIAS, R

Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de San Pablo, Brasil.

Un seguimiento eficaz de la fauna silvestre es esencial para la conservación de la biodiversidad, ya que proporciona información importante sobre la dinámica de las poblaciones, la riqueza de especies y la salud del hábitat. Este estudio emplea un enfoque de muestreo exhaustivo de la fauna silvestre, integrando métricas de diversidad previas a la recogida y modelos de población posteriores a la recogida para evaluar la abundancia y distribución de las especies en poblaciones abiertas y cerradas. Antes de la recogida de datos, la diversidad de especies puede evaluarse mediante el índice de diversidad de Shannon, que cuantifica la riqueza y la uniformidad de las especies, la métrica de dominancia para identificar las especies predominantes, la uniformidad para medir la uniformidad de la distribución de las especies y la abundancia relativa para evaluar la presencia de especies en distintos hábitats. Estos índices proporcionaron un perfil ecológico inicial que sirvió de base para las estrategias de muestreo y la priorización de especies y zonas objetivo.

El análisis posterior al muestreo puede realizarse mediante modelos de población avanzados adaptados a la dinámica específica de la población. Para las poblaciones abiertas, se aplicó

el modelo Cormack-Jolly-Seber (CJS), que permite estimar las probabilidades de supervivencia y las tasas de captura, teniendo en cuenta la inmigración y la emigración de los individuos. Este modelo es especialmente eficaz para especies en hábitats con gran movilidad o migración. En cambio, para las poblaciones cerradas en las que la inmigración y la emigración son mínimas o inexistentes, se utilizaron modelos tradicionales de población cerrada para estimar el tamaño de la población y las probabilidades de captura.

Al integrar estas metodologías, un estudio proporciona estimaciones sólidas de las poblaciones de fauna silvestre, lo que permite tomar decisiones de gestión más informadas. La combinación de índices de diversidad previos a la recogida y modelos de población posteriores aumenta la precisión de las evaluaciones de población, ofreciendo un marco completo para el seguimiento de la biodiversidad. Los resultados de este estudio ponen de relieve la importancia de utilizar diversos métodos de muestreo para abordar la complejidad de las poblaciones de fauna salvaje en contextos ecológicos variados.

Puntos a considerar en el análisis de riesgo de las enfermedades parasitarias transmitidas por alimentos

SIGNORINI, M

Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (INTA – CONICET)

La evaluación de riesgos es un proceso mediante el cual se examinan los posibles efectos nocivos para la salud animal o pública como consecuencia de un peligro y se establecen opciones para mitigar esos riesgos. Este enfoque brinda una base de prevención para las medidas regulatorias para la sanidad animal y la inocuidad de los alimentos tanto a nivel nacional como internacional.

Las evaluaciones cuantitativas de riesgo están sustentadas en sólidas bases científicas, empleando los resultados de las investigaciones generadas a nivel nacional o internacional. Es posible realizar evaluaciones de riesgos para cualquier tipo de peligro (biológico, químico o físico), lo cual definirá el tipo y complejidad de modelo a desarrollar.

En términos generales, la clave para construir estos modelos probabilísticos de riesgo es analizar correctamente la realidad y emplear las distribuciones de probabilidad que mejor la describan. Los peligros de tipo parasitario no escapan a dicha regla. Supongamos que deseamos evaluar cuantitativamente la probabilidad de que una persona en nuestro país padezca trichinellosis por consumo de carne de cerdo, embutidos secos y salazones crudas. Comenzamos elaborando un modelo teórico que contemple todas las etapas que podrían influir sobre el riesgo a estimar y que sirva de guía a lo largo de la evaluación.

Posteriormente, es necesario realizar una búsqueda exhaustiva de información estadística y científica que permita modelar matemáticamente cada etapa del proceso. Continuando con nuestro

ejemplo, es necesario conocer los sistemas de producción porcina existentes en Argentina, su participación en la producción nacional y la prevalencia del parásito. En el frigorífico, se debe evaluar la proporción de cerdos que son analizados y la sensibilidad de la técnica diagnóstica en función de la carga parasitaria. Es menester conocer qué proporción de carne se deriva a la producción de diferentes alimentos. Debemos modelar cómo se almacena la carne fresca desde el frigorífico hasta el consumidor y cómo afecta la viabilidad de las larvas. El proceso de elaboración de embutidos y salazones genera pérdidas en la viabilidad parasitaria en función de diferentes parámetros que deben considerarse. Finalmente, se debe evaluar la forma de consumo de cada producto y su efecto sobre la viabilidad de las larvas, como la frecuencia de consumo y tamaño de la porción consumida. Una vez finalizada la etapa anterior, se debe comprender la relación entre la probabilidad de enfermar en función del número de larvas ingeridas.

Con la información generada en las etapas anteriores, se estima la probabilidad de que una persona en Argentina sufra trichinellosis por consumo de carne y productos cárnicos porcinos. Además, se pueden identificar las etapas del proceso de producción que más impacto tienen sobre la probabilidad de enfermar y, con base en esto, generar escenarios que modelen el efecto que tendría la adopción de diferentes medidas de gestión del riesgo.

Trichinellosis: análisis de riesgo, experiencias y nuevos desafíos

RANDAZZO, VR

Universidad Nacional del Sur. Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia. Cátedra de Microbiología y Parasitología. Bahía Blanca, Buenos Aires. Argentina.

La trichinellosis es una zoonosis parasitaria transmitida por alimentos, que en Argentina es endémica y afecta la salud pública impactando además en la sanidad animal, particularmente en la producción porcina. El ser humano adquiere la parasitosis al consumir carne de cerdo u otros animales (o bien sus subproductos) cruda o mal cocida infectadas con Larvas L1 de nematodos del género *Trichinella* spp. Se han aislado diez especies y tres genotipos de *Trichinella* que pueden afectar a mamíferos, aves y reptiles tanto en el ámbito doméstico como silvestre. Si bien durante años, la principal especie involucrada en brotes humanos y animales en nuestro país fue *T. spiralis*, en la actualidad han sido reportadas cuatro especies:

T. spiralis, *T. pseudospiralis*, *T. patagoniensis* y *T. britovi*. En el periodo 2014-2023, fueron notificados al Sistema Nacional de vigilancia en Salud (Ministerio de Salud de Argentina) un total de 7.683 casos de trichinellosis humana, evidenciándose una amplia dispersión de la zoonosis en todo el país. La situación epidemiológica de Argentina, se asocia frecuentemente a patrones culturales y carencias en los sistemas de prevención y control, y está íntimamente ligada a la producción y consumo de embutidos y/o chacinados provenientes de cerdos (u otros animales) criados en condiciones domiciliarias o traspatio, que pueden o no estar registrados bajo las autoridades sanitarias competentes, y tener o no los controles sanitarios. A mediados de 2023 docentes e Investigadores de distintas universidades nacionales públicas, y

representantes de instituciones de salud animal y humana, solicitaron a la Red de Seguridad Alimentaria del CONICET la realización de una evaluación de riesgo de Trichinellosis humana en Argentina asociada al consumo de carne de cerdo, y sus subproductos. Se conformó un grupo de trabajo ad hoc multidisciplinario con el objetivo de evaluar cuantitativamente la probabilidad de que una persona en nuestro país padeciera trichinellosis por consumo de carne de cerdo, embutidos secos y salazones crudas. La evaluación de riesgos abarcó la totalidad de la cadena cárnica porcina desde la producción primaria hasta la mesa del consumidor considerándose los aspectos generales de dicha cadena en diversos escenarios. En todos los casos el mayor riesgo se asoció al consumo de carne, embutidos y/o salazones de cerdos provenientes de sistemas no controlados, carentes de los análisis de Digestión enzimática correspondientes. La evaluación contribuyó a la comprensión de la realidad epidemiológica de la zoonosis en nuestro país y evidenció algunas falencias que deberán ser subsanadas. Como toda evaluación de riesgos, la misma podrá ser modificada y re-evaluada si se presentaran nuevas evidencias e información relevante. En ese sentido, el descubrimiento de nuevas especies y nuevas fuentes de infección (carne proveniente de animales silvestres) constituye un nuevo desafío, desplegando nuevos escenarios y realidades epidemiológicas.

Ecoepidemiología de *Fasciola hepatica*

PRUZZO, CI

Cátedra de Parasitología y Enfermedades Parasitarias, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata. Argentina.

La fasciolosis es una enfermedad cosmopolita producida por *Fasciola hepatica*, afecta a gran variedad de mamíferos herbívoros, omnívoros e incluso al humano. De gran relevancia en ovinos y bovinos por producir pérdidas productivas y económicas. Esta parasitosis ocurre en ambientes con presencia de agua dulce y un rango de temperatura que va de los 10 a 30° C, condiciones propicias para la presencia de Lymneidos, hospedadores intermediarios y para el desarrollo de los diferentes estadios larvales de *F. hepatica*.

El aumento de los casos enfermedades zoonóticas parasitarias estaría correlacionado con el incremento de la ganadería intensiva, factores socioeconómicos y culturales y de la presión humana sobre el ecosistema. El hábitat y las características climáticas condicionan la dinámica de la fasciolosis, de manera que en determinadas regiones endémicas hay épocas de mayor riesgo de infestación y en su incidencia anual, por lo que se han podido determinar factores de riesgo como las precipitaciones, la humedad o el tipo de suelo. Además el riesgo de infección en el ganado también depende del tipo de manejo que se realice en cada establecimiento, el ganado se infecta al beber agua o alimentarse con pasturas contaminadas, es por ello que el pastoreo y el acceso al agua son factores claves en la propagación de *F. hepatica*, ejemplo de ello es en el sur de la provincia de Entre ríos

donde los animales son alimentados en bañados por ser zonas menos propicias para la agricultura, o los mallines o canales de riegos a los cuales tiene accesos los animales en la Patagonia. Por otro lado, la fauna silvestre, es otro factor clave a considerar en su propagación, la expansión espacial de algunas especies de mamíferos, como por ejemplo el jabalí, antílope de la india, etc., sumado al aumento de la densidad del ganado, produce un aumento de la tasa de contacto entre el ganado y los animales silvestres y a un mayor intercambio de patógenos.

En Argentina la fasciolosis se controla en bovinos y ovinos mediante la aplicación de antiparasitarios, generalmente sin diagnóstico previo e intervención de médicos veterinarios. La falta de un plan integrado de control ha desencadenado la aparición de casos de resistencia de *F. hepatica* a los fármacos más utilizados como el albendazol y triclabendazol, es por ello que el control no debe estar solo enfocado a la aplicación de antiparasitarios, sino que deberían considerarse otras estrategias donde para prevenir la fasciolosis deberíamos aplicar un enfoque que contemple la relación entre la salud humana, animal y ambiental, concepto conocido como Una salud, debiendo de contemplar el ambiente, el parásito y sus hospedadores: caracoles, bovinos, ovinos y fauna silvestre y humanos.

Detección de *Rickettsia felis* en pulgas de la zona central de Argentina

GOENAGA, S¹; FRATI, D²; BOAGLIO, E³; FAINI, C²; BRIGNONE, J¹

¹Departamento de Investigación. Instituto Nacional de Enfermedades Virales Humanas (INEVH) "Dr. Julio I. Maiztegui" (INEVH-ANLIS) ²Cátedra de Epidemiología, Facultad de Ciencias Veterinarias - Universidad Nacional de Rosario ³Centro de Investigaciones y Transferencia del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (CITNOBA - UNNOBA - CONICET), Argentina.

Las pulgas y garrapatas son los ectoparásitos que con mayor frecuencia se encuentran en los perros y gatos domésticos. A su vez, estos ectoparásitos son considerados vectores de diferentes agentes patógenos, entre ellos *Rickettsias* y *Ehrlichia*. Debido al estrecho vínculo que las personas mantienen con sus mascotas es posible pensar que existe un mayor riesgo de contacto con estos agentes zoonóticos. El objetivo de este trabajo fue evaluar la infección de *Rickettsia spp.* en pulgas y garrapatas de gatos y perros que asisten a los consultorios del Hospital Escuela de Grandes y Pequeños Animales (HEGyPA) de la Facultad de Ciencias Veterinaria de la Universidad Nacional de Rosario. Se colectaron los ectoparásitos desde octubre a diciembre inclusive de 2019. Los ejemplares se identificaron con lupa estereoscópica y de acuerdo a la especie se conformaron *pooles* para el análisis. Los *pooles* se maceraron en microtubos conteniendo una perla de tungsteno de 3 mm y 1 ml de una solución de PBS pH 7,4; 0,75% de albúmina bovina al 4,5%, penicilina (100 U/ml) y estreptomycin (100 µg/ml) por un minuto a 20 ciclos por segundo usando un Bead Ruptor 24 Elite (OMNI international, Kennesaw, Georgia, EUA). Los homogeneizados fueron clarificados por centrifugación a 5000xG por 10 minutos a 4°C. Se realizó la extracción de ADN de las muestras por medio de kit de columnas DNeasy Blood & Tissue (QIAGEN) y seguidamente se efectuó PCR convencional genérica del gen *gltA*, que codifica la

enzima citrato sintetasa. En los *pooles* con resultado positivo, se efectuó una PCR específica para el gen *ompB*, el cual amplifica un fragmento de 820 pb y codifica para la proteína de membrana Sca5, que es conservada en bacterias del género *Rickettsia*. La identificación de la especie de *Rickettsia* se efectuó por medio de la secuenciación nucleotídica del gen *ompB*. Como resultado, se revisaron un total de 136 mascotas, provenientes de distintas localidades de las provincias de Santa Fe, Córdoba, Entre Ríos y Buenos Aires. Se colectaron 309 ectoparásitos de los cuales 159 (51,5%) correspondieron a pulgas y 150 (48,5%) a garrapatas. Sobre un total de 144 *pooles* analizados, se detectaron 26 *pooles* de la especie *Ctenocephalides felis* con *Rickettsia felis*. Este estudio pone en evidencia la circulación de *R. felis* en las áreas de influencia del HEGyPA y permite sentar las bases para definir posibles escenarios de riesgo y abordar medidas preventivas que disminuyan los mismos. Si bien *R. felis* ya fue identificada en *C. felis* en todo el mundo, incluso en Argentina, la significancia de *R. felis* como agente patógeno aún no ha sido bien identificada en Argentina. Posiblemente, los casos pasen desapercibidos y la enfermedad no está siendo bien caracterizada. Estos resultados remarcan la necesidad de investigar diferentes patógenos zoonóticos en animales con contacto estrecho en la población.

Detección molecular del curso de la infección por *Sarcocystis aucheniae* en alpacas

NEYRA, L¹; VILCA, K¹; MALAGA, JL¹; BARRIGA, X¹; GIULIANO, S²; CHAVEZ, M¹; FLORIN-CHRISTENSEN, M³; REATEGUI, J¹

¹Universidad Católica Santa María, Arequipa, Perú ²Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires, Argentina

³Instituto de Patobiología Veterinaria, INTA- CONICET, Hurlingham, Argentina.

Sarcocystis aucheniae es un protozoo parásito que forma quistes macroscópicos en la musculatura de camélidos sudamericanos (CS), quienes actúan como sus hospedadores intermediarios. El perro, su hospedador definitivo, se infecta al consumir carne con quistes, y elimina formas infectivas con las heces que contaminan agua y pasturas. Cuando éstas son ingeridas por los CS, los parásitos se diseminan por el torrente sanguíneo, invaden fibras musculares y forman quistes blanquecinos, donde se multiplican asexualmente y llegan a generar millones de individuos. El hallazgo de quistes en la carne de llamas, alpacas y guanacos durante la faena provoca su decomiso, con el consecuente impacto económico. Existen pocas investigaciones sobre el curso de la enfermedad, epidemiología y factores de riesgo, y no existen vacunas para su prevención ni drogas para su tratamiento. El presente trabajo tuvo como objetivo determinar el curso de la infección por *Sarcocystis aucheniae* en función del tiempo en alpacas del Centro de Desarrollo Alpaquero de Tocra, Perú. Para ello, se obtuvieron muestras de 5 ml de sangre entera de la vena yugular de 37 alpacas macho adultas utilizando citrato de sodio como anticoagulante. Los muestreos se repitieron mensualmente por 3 (n=1), 5 (n=17), 9 (n=2) o 10 (n=17) meses y las muestras se conservaron a -20 °C hasta su uso. El ADN de cada muestra fue extraído con un kit comercial y se utilizó como template para la

detección molecular de *S. aucheniae* mediante una PCR semianidada que amplifica un segmento específico del gen 18S ARNr del parásito. Esta PCR tiene un formato dúplex, ya que también se amplifica un segmento del gen 16S ARNr mitocondrial de CS, que sirve como control de extracción y amplificación. Los productos de PCR fueron analizados por electroforesis horizontal en geles de agarosa. Los resultados mostraron que 8 alpacas (21,6%) tuvieron detección positiva de *S. aucheniae* durante algún momento del período estudiado. En 6 de estos animales, se detectó ADN del parásito sólo en uno de los muestreos mensuales, siendo el resto de los meses negativos, mientras que, en los otros 2 animales, la detección tuvo lugar en 2 meses consecutivos. Finalmente, una alpaca mostró una fluctuación siendo positiva un mes, luego negativa dos meses y finalmente positiva nuevamente los dos meses subsiguientes. Estos resultados indican que: (1) hay circulación de *S. aucheniae* en la región estudiada; (2) la detección de la parasitemia a lo largo del tiempo es transitoria, y (3) la parasitemia puede fluctuar, ya sea por recirculación del parásito en un animal infectado o por reinfección. Esta investigación aporta información novedosa y necesaria para comprender la epidemiología de la sarcocistosis de CS y poder diseñar estrategias de control (Financiado por CONCyTEC PE501079385-2022 e INTA, PDi114).

El jabalí, el cerdo silvestre y el cerdo doméstico: ¿actúan como mantenedores de la tuberculosis animal en las producciones extensivas de Argentina?

PONCE, L.C.^{1,2}; CABALLERO, A.²; ROSSO COPPOLA, P.²; PIRAS, I.²; VALDEZ CAICEDO, M.L.²; MARFIL, M.J.^{1,2}; BARANDIARAN, S.^{1,2}

¹CONICET-Universidad de Buenos Aires. Instituto de Investigaciones en Producción Animal (INPA). Buenos Aires, Argentina.

²Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Veterinarias, Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria, cátedra de Enfermedades Infecciosas. Buenos Aires, Argentina.

El jabalí, el cerdo silvestre y sus híbridos (*Sus scrofa*) son considerados una de las especies exóticas invasoras (EEI) más perjudiciales para el ambiente, ampliamente distribuidas en todo el mundo. En Argentina, estas especies ocupan casi la mitad del territorio, invadiendo todas las ecorregiones y expandiéndose de manera constante. Al igual que en otros países donde han sido introducidas, generan impactos negativos en la biodiversidad, la economía y la salud pública. El jabalí se destaca entre las EEI por ser reservorio de patógenos transmisibles a fauna, animales domésticos y humanos, y por presentar una alta hibridación con cerdos domésticos y silvestres, lo que facilita la propagación de enfermedades entre estas poblaciones. Dentro de los patógenos de mayor preocupación podemos mencionar a las especies del complejo *Mycobacterium tuberculosis* (CMT), especialmente a *Mycobacterium bovis*, por ser el agente más reportado como causante de tuberculosis animal. El objetivo de este estudio fue caracterizar, mediante técnicas moleculares, las cepas de *M. bovis* aisladas de jabalíes, cerdos silvestres y domésticos en Argentina y compararlas con otros hallados en animales de las mismas áreas. Para ello, se analizaron 311 muestras de jabalíes cazados en seis localidades de cuatro provincias entre 2016 y 2020, provenientes de áreas protegidas (AP) y no protegidas (ANP). Se recolectaron linfonódulos

submandibulares y mesentéricos, los cuales fueron procesados utilizando cultivos bacteriológicos y técnicas moleculares para identificar al CMT y otras micobacterias no tuberculosas (NTM). Se obtuvieron 63 aislamientos, de los cuales 34 corresponden al CMT y 29 a NTM. Mediante la técnica de spoligotyping, se identificaron 12 espoligotipos de *M. bovis* diferentes. Estos espoligotipos fueron compartidos con cerdos domésticos (58%) y fauna (50%), reforzando la hipótesis de que los jabalíes podrían actuar como transmisores de *M. bovis* en Argentina. En relación a las AP y ANP, los resultados del estudio indican algunas diferencias interesantes. El espoligotipo más frecuente, SB0140 (37,5%), fue identificado en ambas, compartido con el ganado bovino, cerdos domésticos y fauna, lo que sugiere su amplia prevalencia. Sin embargo, los espoligotipos SB1793 y SB2534 fueron exclusivos de ANP (Mercedes, Corrientes, y Adolfo Alsina, Río Negro) y no se encontraron en AP. Esto podría sugerir que algunas variantes genéticas podrían estar limitadas a ciertas zonas de producción extensiva y no estarían presentes en AP por ser ambientes de mayor biodiversidad. La hibridación entre cerdos domésticos y silvestres, junto con su capacidad para compartir territorio con el ganado, podría estar generando "puentes epidemiológicos" que favorecen la persistencia y dispersión de la enfermedad y el fracaso de los planes de control.

Diagnóstico de tuberculosis bovina con la prueba cervical simple: tamaño de las reacciones y efecto del número de lactancia

COMIN, W¹; DEL FRABBRO, M¹; GARBACCIO, S²; GARRO, C²

¹Actividad privada ²Instituto de Patobiología Veterinaria. Centro de Investigaciones en Ciencias Veterinarias y Agronómicas. INTA

La tuberculosis bovina (TB) es una importante enfermedad infecciosa zoonótica que afecta al ganado. Es escasa la información local sobre la respuesta esperada a la prueba cervical simple (PCS) y/o los factores asociados. El objetivo de este estudio es describir en bovinos de leche el tamaño de reacción a la PCS y evaluar la potencial relación con el número de lactancia. Un estudio observacional transversal se realizó en un rodeo lechero con 1627 bovinos del biotipo lechero cruza Holstein-Jersey. Para aplicar la PCS, a cada animal se le rasuró un sector del tercio medio de la tabla del cuello y se cuantificó con cutímetro el espesor del pliegue de piel previo a la inyección del PPD bovino. A las 72 hs, se observó y exploró por palpación la región de la piel rasurada en búsqueda de signos de edema y/o inflamación. En caso de detectar alteraciones, se cuantificaba el tamaño del pliegue. Luego se calculó la diferencia de tamaño y las reacciones se clasificaron en inconclusas (1 y 2 mm) y positivas (≥ 3 mm). La variable respuesta fue el tamaño de reacción en bovinos positivos. La variable predictora fue el cuartil de lactancia siendo el cuartil 1: primera lactancia, cuartil 2 segunda lactancia; cuartil 3 tercera y cuarta lactancia y cuartil 4 de cinco o más lactancias. Se utilizó un modelo lineal generalizado con una función de ajuste de varianza del paquete "nlme". Se seleccionó el modelo con menor AIC y BIC. Las comparaciones múltiples se realizaron con el paquete "emmeans", bajo entorno RStudio. A modo descriptivo, las reacciones positivas se

clasificaron en estándar (3-10 mm), grandes (11-20 mm) y muy grandes (21-40 mm). El 28% de los bovinos resultaron positivos (470/1627) a la PC y un 5% (85/1627) fueron reacciones inconclusas. Entre los bovinos positivos, no hubo diferencias significativas ($p > 0,1$) en el tamaño de reacción entre bovinos de primera (5,4 mm; IC95% 4,8- 6, $n = 178$), segunda (5,3 mm; IC95% 4,5 - 6,2; $n = 87$) y tercera- cuarta (5,4 mm; IC95% 4,7-6,2; $n = 127$) lactancia. Sin embargo, los bovinos con cinco o más lactancias tuvieron un tamaño de reacción significativamente menor (4,2 mm; IC95% 3,8-4,5; $n = 78$) en comparación con bovinos de primera ($p=0,004$), segunda ($p=0,061$) y tercera-cuarta ($p=0,015$) lactancia. Las reacciones positivas fueron: 93,4% (439/470) de tamaño estándar, un 5,1% (24/470) grandes y el 1,5% (7/470) muy grandes. Estos resultados se registran en el contexto de un rodeo con un historial de diez años de aplicación sistemática de la prueba de la tuberculina (4 veces/año). Por lo que, estas observaciones podrían no ser extrapolables a rodeos bovinos en otro contexto epidemiológico. Estos hallazgos sugieren que, en animales con TB, podrían existir cambios en el sistema inmunológico con la edad y/o el número de lactancia que podrían afectar la magnitud de respuesta a la PCS. La medición objetiva del pliegue a través de un cutímetro, limitaría el potencial impacto negativo de la reducción del tamaño de la reacción sobre la sensibilidad diagnóstica a la PCS, en bovinos con más de cinco lactancias.

¿Es el virus de la hepatitis es una amenaza zoonótica silente en las producciones porcinas familiares del partido de Tandil?

GUTIÉRREZ, SE^{1,2}; ARCE, L³; VIZOSO PINTO, G³; SANCHEZ, F²; MONTERO, S²; LAFITTE, A²; TISNÉS, A⁴; ESTEIN, SM^{1,2}; RIVERO, MA^{1,2}

¹Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (UNCPBA-CICPBA-CONICET), Tandil, Buenos Aires, Argentina ²Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Veterinarias, Tandil, Buenos Aires, Argentina ³Laboratorio de Biología de las Infecciones, INSIBIO (CONICET-UNT), San Miguel de Tucumán, Argentina ⁴Facultad de Ciencias Humanas (UNCPBA)- CIG-IGEHCs-CONICET, Tandil, Buenos Aires, Argentina.

Las enfermedades zoonóticas transmitidas por cerdos son una amenaza para el personal a cargo de las piaras y para los consumidores. La producción porcina de escala familiar representa una elevada proporción del stock nacional. Los controles higiénico-sanitarios son escasos en este tipo de producción y el contacto cercano entre personas y cerdos dificulta el control de agentes infecciosos, afectando la salud pública. La hepatitis E, una zoonosis emergente causada por el virus de la hepatitis E (VHE), tiene como principal reservorio al cerdo doméstico y silvestre. Aunque los cerdos no enferman, transmiten el virus al hombre a través de la exposición ocupacional, consumo de carne de cerdo mal cocida y aguas contaminadas con materia fecal. El objetivo de este estudio fue generar información epidemiológica sobre la seroprevalencia, factores de riesgo y patrones de distribución espacial del VHE en producciones porcinas familiares del partido de Tandil. Como parte del Plan Integral de Ordenamiento Porcino, el Municipio de Tandil, el Cluster Porcino y la Facultad de Ciencias Veterinarias de la UNCPBA recolectaron 533 muestras de suero de cerdos de 71 producciones periurbanas y rurales que fueron georreferenciadas. Se realizaron encuestas en 56 de las 71 producciones sobre aspectos productivos, de salud y ambientales. La presencia de anticuerpos IgG anti-VHE se determinó mediante un ELISA

indirecto estandarizado. Se estimó la positividad serológica a nivel animal y de producción, y se analizó la asociación entre presencia de anticuerpos y variables en estudio mediante regresión de Poisson. Se estudiaron agrupamientos espaciales con un modelo Poisson. El 47% de los sueros resultó reactivo, y el 69% de las granjas presentó al menos un animal seropositivo. Además, el 83% de las producciones encuestadas informó que elaboran chacinados a partir de los animales criados en sus instalaciones. Se identificaron varios factores de riesgo asociados con la seropositividad al VHE. La utilización de alimento balanceado o de restos de barrido y limpieza de silos se encontró positivamente asociado al riesgo de infección. En contraste, la presencia de plástico o tierra en el piso de las producciones actuó como un factor protector en comparación con el uso de cemento. Adicionalmente, se observaron otros factores de riesgo importantes, como el préstamo de padrillos, la presencia de agua estancada y la cantidad de madres en las producciones. Por último, se determinó una distribución espacial diferencial de la infección, lo que sugiere la necesidad de estrategias de control específicas según la ubicación geográfica. De acuerdo a los resultados obtenidos en este estudio y a los comunicados previamente, la infección por HEV sería endémica en las producciones estudiadas.

Producción de factores de virulencia en aislamientos de *Malassezia pachydermatis* de caninos y su relación con antecedentes de tratamiento y factores predisponentes

SMITH, V.L¹; GIRGENTI, D¹; BENTANCOR, A¹; COLOMBATTI OLIVIERI, MA¹; RUMI, MV¹

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria. Cátedra Microbiología. Buenos Aires, Argentina.

Malassezia pachydermatis es una especie de levadura que se encuentra comúnmente como parte de la microbiota normal de la piel y los conductos auditivos externos de caninos, y se la considera un patógeno zoonótico potencial ya que puede transmitirse a humanos. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la producción de diversos factores de virulencia (fosfolipasa, lipasa, hemolisinas, proteasa, biofilm, hidrofobicidad, capacidad de desarrollo a diferentes pH y producción de melanina) de aislamientos de *M. pachydermatis* provenientes de caninos enfermos del Área Metropolitana de Buenos Aires. Se evaluaron 60 aislamientos provenientes de animales con otitis o dermatitis, de los cuales 21 tuvieron o estaban bajo tratamiento con antifúngicos. Por otro lado, se consideraron la presencia o no de factores predominantes a la aparición de infecciones por *M. pachydermatis*: presencia de pulgas, tumores, déficit de higiene, antecedentes de alergia o atopía, endocrinopatías (hipotiroidismo), enfermedades inmunosupresoras, piodermias y tratamientos prolongados con antibióticos y/o glucocorticoides. El 71,6% de los aislamientos provenían de animales con presencia de factores predisponentes. La producción de fosfolipasas y lipasas se detectó en agar Sabouraud (aSab) con yema de huevo, las hemolisinas en aSab con sangre ovina y la proteasa en aSab con seroalbúmina bovina. La producción de biofilm se evaluó mediante cultivo en placas de 96 pocillos seguido de tinción con cristal violeta y la

hidrofobicidad se determinó mediante un sistema bifásico con octano como solvente. Además, se evaluó el desarrollo a pH 6, 7, 8 y 9 en medio mDixon cultivado a 35 °C por 2 a 5 días. La producción de melanina se determinó en medio de cultivo mínimo suplementado con Vitamina B1 y L-DOPA y la producción de pigmentos se determinó en caldo con L-triptófano en oscuridad. Como control positivo de producción de fosfolipasa, proteasa y biofilm se utilizó la cepa *C. albicans* ATCC 10231. Los aislamientos provenientes de animales enfermos con antecedente de tratamiento resultaron tener menor producción de hemolisina y fosfolipasa. En cuanto a los aislamientos provenientes de animales con presencia de factores predisponentes resultaron tener menor producción de fosfolipasa. No se encontraron diferencias significativas en el resto de los factores de virulencia. Además, se realizó el análisis estadístico de Spearman para detectar correlaciones entre los factores de virulencia, encontrándose solo correlación positiva entre hemolisina e hidrofobicidad (p-valor=0,048), y lipasa con fosfolipasa y proteasa (ambas p-valor<0,0001). Continuar los estudios de virulencia en *M. pachydermatis* permitirá conocer más sobre su epidemiología y ayudará a comprender la patogenidad de este microorganismo y el potencial rol zoonótico de esta especie.

Información para la mejora en la prevención de la hidatidosis desde el enfoque Una Salud. Hallazgos compatibles con quistes hidatídicos decomisados en faena registrada

ARONOWICZ, T^{1,2}; FARIÑA, FA^{2,3}; PASQUALETTI, MI^{2,3}; MARCOS, A^{1,4}

¹Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria-Dirección Nacional de Sanidad Animal-Coordinación General de Epidemiología-Dirección de Planificación y Estrategia de Sanidad Animal. Buenos Aires, Argentina ²Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria. Cátedra de Parasitología y Enfermedades Parasitarias. Buenos Aires, Argentina. ³Universidad de Buenos Aires, CONICET, Instituto de Investigaciones en Producción Animal (INPA), Buenos Aires, Argentina ⁴Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria, cátedra de Salud Pública. Buenos Aires, Argentina.

La hidatidosis es una zoonosis parasitaria que genera importantes repercusiones en la salud humana, la producción pecuaria y el medio ambiente. En Argentina, la vigilancia epidemiológica de esta enfermedad en animales de producción se lleva a cabo mediante la trazabilidad de los establecimientos afectados, utilizando sistemas informáticos que registran los hallazgos durante el proceso de faena. El Sistema Integrado de Gestión y Calidad Agroalimentaria (SIGICA) del SENASA centraliza la información suministrada por los frigoríficos, generando una base de datos accesible y actualizada que permite coordinar las acciones de control sanitario de manera eficiente. Para evaluar los hallazgos de hidatidosis en faenas comerciales, se analizaron las bases de datos de SIGICA correspondientes a los años 2020-2023, en las especies bovina, ovina, caprina y porcina. Se excluyeron órganos no representativos de la enfermedad, como riñón y corazón, centrándose en el análisis de hígado y pulmón, órganos comúnmente afectados por la hidatidosis. De acuerdo con los datos obtenidos, las provincias con mayor prevalencia de hallazgos fueron Buenos

Aires (46%), Entre Ríos (12%), Santa Fe (12%), y Córdoba (10%). El porcentaje de decomisos asociados a hallazgos compatibles con hidatidosis (sin confirmación parasitológica) fue del 2,802%, lo que representó en términos absolutos

568.272 bovinos, 25.419 ovinos, 311 caprinos y 33.677 porcinos afectados. En cuanto a los órganos comprometidos, el hígado fue el más frecuentemente decomisado (38%), seguido por el pulmón (35%). De los órganos excluidos, el 17% de los decomisos correspondió a riñones, seguido por corazón y un ítem sin datos con el 4%. Este análisis se basó exclusivamente en los datos proporcionados por el SENASA y no incluyó faenas domiciliarias. La presencia de hallazgos en órganos no asociados típicamente con la hidatidosis, como el riñón, intestinos o fetos, aunque menos frecuente, introduce un sesgo en la interpretación de los resultados. Esto pone de manifiesto la necesidad de reforzar la capacitación del personal de los establecimientos faenadores para garantizar un registro más preciso y ajustado a la realidad epidemiológica de la enfermedad.

Estudio de aislamientos de *Streptococcus equi* subsp. *zooepidemicus* provenientes de la provincia de Buenos Aires mediante *Pulsed-field gel electrophoresis*

RETAMAR, G.^{1,2}; BUSTOS, C.^{1,2,3}; CASAMAYOR, A.⁶; BECU, T.⁴; IVANISSEVICH, A.⁵; MESPLET, M.^{1,2}; MUÑOZ, A.^{1,2}; VELA ALONSO, A.⁶

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Cátedra de Enfermedades Infecciosas. Buenos Aires, Argentina.

²Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria (IIEV). Buenos Aires, Argentina. ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) ⁴ Clínica Equina S.R.L., Buenos Aires, Argentina ⁵Cresal S.A., Buenos Aires, Argentina ⁶Centro de Vigilancia Sanitaria Veterinaria (VISAVET), Universidad Complutense de Madrid. España.

Streptococcus equi subsp. *zooepidemicus* (*S. zooepidemicus*) es un comensal de la vagina en yeguas y es considerado un patógeno oportunista ya que en determinadas situaciones puede ascender al útero y generar endometritis. Se trata de una bacteria con elevada diversidad genética lo que le conferiría una mayor capacidad de adaptación a diferentes nichos. Actualmente, existen numerosas técnicas moleculares con aplicación en epidemiología molecular. Entre las utilizadas frecuentemente en *S. zooepidemicus*, se encuentran la técnica *Multilocus sequence typing* (MLST) donde se analizan siete genes *housekeeping* y la técnica de *Pulsed-field gel electrophoresis* (PFGE) que se basa en el polimorfismo de los fragmentos del ADN cromosomal digerido con enzimas de restricción de corte poco frecuente y separado por electroforesis en campo pulsado. El objetivo del trabajo fue tipificar aislamientos de *S. zooepidemicus* obtenidos entre 2005 y 2016 en la provincia de Buenos Aires mediante PFGE. Para ello, se trabajó con 19 aislamientos de *S. zooepidemicus* aislados de útero de yeguas pertenecientes al cepario de la Cátedra de Enfermedades Infecciosas, FCV-UBA y de los laboratorios Clínica Equina y CRESAL que previamente habían sido analizados mediante MLST. La técnica PFGE se realizó en el Servicio de Identificación y Caracterización Molecular (ICM) del Centro VISAVET, UCM, Madrid, España. A partir de los aislamientos en agar sangre COS (bioMérieux) incubados a 37° C durante 24 horas, se realizó la lisis bacteriana y la restricción enzimática utilizando las enzimas *BspI* y *SmaI* (Thermo Scientific). Como marcadores de peso

molecular se utilizaron la cepa de *Salmonella braenderup* H9812 digerida con la enzima *XbaI* (Thermo Scientific) y un marcador molecular para PFGE (MidRanger II PFG marker, Biolabs). Los fragmentos de ADN fueron separados en el equipo CHEF-DR III (Bio-rad) a 6V/cm y con un ángulo de inclinación de 120° C durante 25 horas, con un *switching time ramped* de 0.1 a 15 s a 14° C La relación genética de los aislamientos fue evaluada siguiendo el criterio de Tenover *et al.* Los 19 aislamientos analizados fueron clasificados en 18 pulsotipos diferentes con variaciones de más de tres bandas entre ellos. Se observó que los aislamientos CE918 y CE919 provenientes de San Antonio de Areco y aislados en 2016 presentaron el mismo patrón de bandas con ambas enzimas, por lo que podría considerarse como el mismo clon. Se obtuvieron resultados similares en un estudio realizado con la técnica MLST, ya que estos aislamientos también presentaron el mismo secuenciotipo (ST). En el resto de los aislamientos se observó variabilidad similar entre PFGE y MLST. La gran diversidad encontrada entre los aislamientos analizados en este estudio sugiere que las yeguas pueden ser colonizadas por diferentes cepas con potencial patógeno de *S. zooepidemicus* y que no es posible establecer una relación clonal entre las cepas productoras de endometritis.

Este trabajo fue financiado por UBACyT 20020220300093BA y Universidad Complutense de Madrid. España. Gabriela Retamar participó del Programa ERASMUS + KA107 - UBA/UCM

Revisión de las técnicas de epidemiología molecular utilizadas en el estudio de *Rhodococcus equi* de origen equino

LEIVA, R^{1,2,3}; MUÑOZ, A^{2,3}; MESPLET, M^{2,3}; BUSTOS, C^{1,2,3}

¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas ²Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Cátedra de Enfermedades Infecciosas. Buenos Aires, Argentina. ³Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria. Buenos Aires, Argentina.

La epidemiología molecular (EpMol) es clave para identificar y confirmar brotes, evaluar rutas de diseminación y realizar análisis de clonalidad. Las técnicas moleculares utilizadas para subtipificar patógenos deben ser reproducibles, fáciles de interpretar, tener alto poder discriminatorio y costos accesibles. En medicina veterinaria, *Rhodococcus equi* (*R. equi*) es un patógeno relevante que causa bronconeumonías graves en potrillos de establecimientos endémicos. Destacamos que la virulencia de *R. equi* está ligada al plásmido pVAPA y que actualmente hay una expansión del clon multirresistente (MDR) 2287. Debido a esto, numerosos estudios moleculares buscan explicar el comportamiento epidemiológico de *R. equi*. El objetivo del trabajo es evaluar la aplicabilidad y limitaciones de las técnicas moleculares clásicas y de nueva generación en el estudio epidemiológico de *R. equi*, con especial atención al seguimiento y caracterización de clones multirresistentes como el MDR 2287. Clásicamente, se han utilizado las técnicas de *Restriction Fragments Length Polymorphism* (RFLP) del pVAPA y *pulsed field gel electrophoresis* (PFGE) en *R. equi*. Hasta la actualidad, con RFLP sólo se reportaron 12 variantes plasmídicas a nivel mundial, indicando un bajo poder discriminatorio. En Argentina, solo se han reportado dos variantes siendo diferente la frecuencia de cada una según el origen de las cepas (equinos vs ambiente). Varios trabajos utilizan PFGE, identificando una gran diversidad de pulsotipos tanto dentro de un mismo haras como en diferentes por lo que su utilidad sería

limitada. Sin embargo, un estudio en Polonia detectó pulsotipos idénticos o similares en los mismos establecimientos o entre los que se mueven caballos. En 2017, un trabajo propone un esquema de MLST para *R. equi* que se encuentra disponible en PubMLST. Si bien se encontraron diferentes secuencio-tipos, no pudo establecerse relación epidemiológica en los de origen equino. Adicionalmente, un estudio evidenció que MLST no logró diferenciar clones de cepas francesas resistentes y sensibles a rifampicina. El aumento al acceso a herramientas de secuenciación de nueva generación (NGS) presenta ventajas significativas en estudios de EpMol. La secuenciación del genoma permitió estudiar en mayor detalle la difusión internacional del clon MDR-RE 2287 tras su aparición en Estados Unidos en los 2000. En ese contexto, un trabajo reciente reporta que MLST y el análisis filogenético de los genomas basados en core *Single Nucleotide Polymorphism* (core SNP) pueden distinguir clones MDR de sensibles, mientras que PFGE no. En conclusión, existen diversas técnicas moleculares cuya utilidad puede ser controversial debido a su limitado poder discriminatorio. Actualmente, con el uso de NGS permite obtener información del DNA cromosómico y plasmídico con relevancia epidemiológica ya que es útil para identificar y estudiar la distribución temporo-espacial de aquellos clones MDR de gran impacto en la salud equina mundial.

Primer reporte de toxoplasmosis en Pudú (*Pudu puda*) en la Argentina (hallazgo de necropsia)

KIM, A¹; FALZONE, M²; LOIS, MF²; D'AMBROSIO, E^{1, 3}

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Cátedra de Patología. Buenos Aires, Argentina. ²Fundación Temaikén. ³Actividad privada: RDB Patología animal.

El Pudú (*Pudu puda*) es un cérvido que habita en los bosques andino-patagónicos, en climas húmedos, templados y fríos del sur de la Argentina y Chile. Hoy en día son especies clasificadas en la categoría Vulnerable según SAyDS-SAREM 2019. Este trabajo tiene como objetivo describir las lesiones asociadas a la presencia de *Toxoplasma gondii* en esta especie. Se realizó la necropsia de un ejemplar de pudú, macho, joven que murió con mal estado general, compatible con cuadro infeccioso generalizado. Se tomaron muestras de diversos órganos en formol al 10% para el estudio histopatológico, se procesaron por técnicas de rutina de inclusión en parafina y se tiñeron con hematoxilina y eosina. Al realizar la necropsia se observó congestión y edema pulmonar, focos

de necrosis en hígado, congestión en el bazo y pérdida de la consistencia en linfonódulos mesentéricos. El estudio histopatológico mostró edema pulmonar y daño alveolar difuso, hepatitis, esplenitis y linfadenitis necrotizante con presencia de quistes y taquizoítos intralesionales, vinculables a *Toxoplasma spp.* Se realizó el estudio inmunohistoquímico para *Toxoplasma gondii* sobre el taco de parafina, resultando positivo. Este hallazgo es importante ya que podría aportar información sobre el papel de los rumiantes silvestres en la propagación de la enfermedad. Según la literatura disponible este es el primer caso de toxoplasmosis reportado en pudúes en el país.

Primer reporte de evidencia serológica de la exposición a *Toxoplasma gondii* en jabalíes (*Sus scrofa*) del Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires, Argentina

CONDORÍ, WE^{1,2,3}; TAMMONE SANTOS, A^{1,2,3}; RIVEIRO, MA^{2,3}; TISNÉS, A⁴; CASELLI, AE^{1,2}; GUTIÉRREZ, SE^{2,3}; UHART, MM⁵; ESTEIN, SM^{2,3}

¹Programa de Conservación Comunitaria del Territorio. Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires ²Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires ³Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (UNCPBA-CICPBA-CONICET) ⁴Facultad de Ciencias Humanas (UNCPBA)-CIG-IGEHCs-CONICET ⁵One Health Institute, School of Veterinary Medicine, University of California Davis. California, USA.

La toxoplasmosis es una de las enfermedades parasitarias de transmisión alimentaria más relevantes a nivel mundial. El agente causal es el protozoario *Toxoplasma gondii* cuyo ciclo de vida tiene distintos estadios. El hombre y diferentes especies de animales domésticos y silvestres se infectan cuando consumen agua o alimentos contaminados con los ooquistes excretados en la materia fecal de los felinos (hospedador definitivo), o bien cuando ingieren quistes presentes en el músculo de distintos hospedadores intermediarios. Entre las especies silvestres, el jabalí (*Sus scrofa*) es considerado uno de los reservorios más importantes de este parásito y un bioindicador de la circulación de *T. gondii* en el ecosistema. El aumento de las poblaciones de jabalí y el consumo de carne cruda o mal cocida, o de subproductos derivados de esta especie, conllevan un importante riesgo para la salud pública. El objetivo de este trabajo fue determinar la presencia de anticuerpos contra *T. gondii* en *S. scrofa* abatidos durante las acciones de control de mamíferos exóticos invasores en el Parque Nacional Campos del Tuyú (Bahía Samborombón, Buenos Aires). Entre 2021 y 2022 se colectaron muestras de sangre de 34 animales: 29 adultos (16 machos y 13 hembras) y 5 juveniles (1 macho y 4 hembras) y se georreferenciaron los sitios donde fueron abatidos. Los sueros obtenidos se conservaron a -20°C hasta su análisis con el kit de

ELISA comercial PrioCHECK™ Porcine Toxoplasma Ab. Se detectaron anticuerpos IgG anti-*T. gondii* en 25/34 (73,53%). No se encontraron diferencias significativas en cuanto a categoría de edad o sexo. Se detectaron 2 *clusters* espaciales donde la proporción de animales seropositivos es mayor coincidiendo con áreas de mayor anegamiento. Este es el primer reporte de seropositividad a *T. gondii* en *S. scrofa* de la Bahía Samborombón. El porcentaje de seropositivos es considerablemente superior a lo reportado previamente en estudios similares realizados en nuestro país. Por ejemplo, en el noreste de la Patagonia se detectaron anticuerpos anti-*T. gondii* por inmunofluorescencia indirecta en 18/144 (12,5%) jabalíes muestreados. Por otra parte, en países de Europa, Corea del Sur, Estados Unidos, Suecia y Rumania se han reportado prevalencias entre 5 y 56,7 % utilizando distintas técnicas serológicas. Los hallazgos de este trabajo sugieren que *T. gondii* estaría circulando en el área de estudio y que el consumo de jabalí podría representar un riesgo no sólo para los humanos que consumen su carne sin adecuada cocción, sino también para otras especies animales (caninos, felinos y carroñeros, entre otros) que pudieran alimentarse con carne o vísceras de esta especie. Se continuarán realizando estudios en un mayor número de muestras de *S. scrofa* y de otras especies simpátricas de la zona.

Sistemas de información geográfica aplicados a la identificación de áreas de interfaz animal doméstico-silvestre en el Parque Nacional Ciervo de los Pantanos, Buenos Aires, Argentina

BERRA, Y¹; DEGREGORIO, OJ¹; OROZCO, MM^{2,3}

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria. Cátedra de Salud Pública. Buenos Aires, Argentina. ²Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Departamento de Ecología, Genética y Evolución. ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Instituto de Ecología Genética y Evolución de Buenos Aires.

Los humedales son ecosistemas diversos y productivos, amenazados por factores antropogénicos como la expansión agrícola-ganadera y la depredación por perros domésticos. Esto ha causado la pérdida y fragmentación del hábitat y la biodiversidad. En este contexto, aumenta la probabilidad de contacto entre las poblaciones de animales domésticos y silvestres, que se asocia a un mayor riesgo de transmisión de patógenos. El Parque Nacional Ciervo de los Pantanos (PNCP) en la eco- región Delta e Islas del Río Paraná, Argentina, es hábitat de diversas especies como carpinchos y ciervos de los pantanos, que enfrentan condiciones ambientales adversas que amenazan sus poblaciones. Los Sistemas de Información Geográfica (SIG) utilizan datos cartográficos para describir, analizar y predecir patrones, permitiendo conocer la distribución espacial de poblaciones de animales hospedadores. El objetivo del presente trabajo es utilizar herramientas de los SIG para identificar potenciales áreas de interfaz animal doméstico-silvestre en el PNCP. El análisis espacial se basó en la georreferenciación (GPS Garmin E-trex 20) de muestras de materia fecal recolectadas del ambiente de especies silvestres (ciervos de los pantanos, carpinchos y zorros grises) y domésticas (vacas, caballos y perros). El muestreo se desarrolló durante los años 2017 y 2018 y se basó en un diseño por conveniencia en líneas transectas. Se utilizaron los programas QGIS 3.26.1- Buenos Aires y SaTScan 9.9.1 (dominio público) para analizar los datos.

Se empleó un modelo multinomial y se confirmó con un modelo Bernoulli. Se colectaron un total de 159 muestras de materia fecal. El 36,5% (58/159) pertenecían a especies silvestres (30 de carpincho, 23 de ciervo de los pantanos y 5 de zorro gris). El 63,5% (101/159) eran de especies domésticas (38 de caballo, 46 de vaca y 17 de perro). Se identificó una agrupación espacial (AE) estadísticamente significativa (p-valor: 0,0001). Dentro de la AE hay entre 7 y 10 veces mayor probabilidad de observar, en forma conjunta, muestras de materia fecal de carpincho, ciervo de los pantanos y perro que fuera de ella. El análisis de Bernoulli respalda estos resultados. En el PNCP, las especies domésticas están presentes en todas las transectas en estudio. Los perros se posicionan como la especie doméstica más estrechamente vinculada a las especies silvestres, debido a su capacidad para compartir el hábitat. Investigaciones previas los han señalado como una de las principales causas de daño ambiental en el área, dado su rol depredador y potencial reservorio de patógenos infecciosos. Su abundancia y su capacidad para desplazarse largas distancias refuerzan esta problemática. Este estudio subraya la urgente necesidad de mitigar la creciente interacción entre animales domésticos y silvestres, fundamental para proteger la salud ecosistémica, la conservación del ambiente y su biodiversidad.

Seropositividad al virus de hepatitis E en jabalíes del Parque Nacional El Palmar (Entre Ríos, Argentina) y su potencial vinculación a zonas de anegamiento

TAMMONE SANTOS, A^{1,2,3}; RIVERO, MA^{2,3}; TISNÉS, A⁴; CONDORÍ, WE^{1,2,3}; CASELLI, AE^{1,2}; UHART MM⁵; GUTIÉRREZ, S.E^{2,3}; ESTEIN, SM^{2,3}

¹Programa de Conservación Comunitaria del Territorio. Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires ²Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires ³Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (UNCPBA-CICPBA-CONICET) ⁴Facultad de Ciencias Humanas (UNCPBA)-CIG-IGEHC-CONICET ⁵One Health Institute, School of Veterinary Medicine, University of California Davis. California, USA.

El virus de la hepatitis E (VHE) es un patógeno zoonótico que representa un problema de salud pública a nivel global y una enfermedad emergente en Argentina. Los cerdos y jabalíes (*Sus scrofa*) son considerados los principales reservorios y diseminadores de la infección, aunque el rango de hospedadores es más amplio. La infección se transmite fundamentalmente por la vía oral, a través de agua contaminada con materia fecal. El genotipo 3 del VHE (VHE-3) se transmite además por contacto directo con animales infectados o por la ingestión de carne (cruda o mal cocida) o subproductos derivados de cerdo o de animales de caza. En la región centro de nuestro país, el VHE ha sido detectado, sin un patrón estacional, en aguas superficiales en lagos, ríos y aguas residuales. Sin embargo, se conoce poco sobre su distribución y prevalencia en especies reservorio. El jabalí es una especie invasora en el Parque Nacional El Palmar (PNEP) (Entre Ríos), sujeta a un plan de control mediante caza selectiva. Los animales abatidos son destinados a consumo humano. El PNEP se caracteriza por un paisaje de llanura plana y suavemente ondulada que se ubica a lo largo del Río Uruguay y se encuentra atravesado por distintos arroyos. El objetivo del presente trabajo fue determinar la seroprevalencia de VHE en jabalíes abatidos para control y su relación con factores ambientales como los cursos de agua y la altitud del terreno. Se colectaron muestras de sangre de jabalí (n=75) entre marzo de 2018 y noviembre de 2019. Los sueros se separaron y se conservaron (- 20°C) hasta su análisis con el *kit* de ELISA comercial

VHE Ab Ultra (DIA.PRO). Los apostaderos donde los animales fueron abatidos se georreferenciaron y las localizaciones se visualizaron mediante cartografía descriptiva utilizando el programa QGis 3.10.3. Se realizó un modelo de Bernoulli para la detección de agrupamientos espaciales de tasas altas y bajas para detectar patrones espaciales asociados a la exposición al agente utilizando el software SaTScan, v10.0.2. Se evaluaron asociaciones entre altitud (m.s.n.m) y distancia (m) a los principales arroyos y al Río Uruguay con la positividad serológica mediante el *test* de Wilcoxon. Los resultados obtenidos revelaron una seropositividad del 36,66% (29/75). Se detectó *cluster* espacial de tasa alta en la zona cercana al río Uruguay (p=0,051) el cual coincide con una zona más deprimida. A su vez el grupo de animales seropositivos se encontró a menor altitud y más cerca del río Uruguay comparado con el grupo seronegativo. Los resultados obtenidos indican que la seroprevalencia es mayor en los animales abatidos en cercanía de cursos de agua y zonas anegadas. Esto sugiere que esas áreas deberían ser objeto de esfuerzos de detección de contaminación con VHE, para determinar circulación y potencial riesgo de transmisión, en jabalíes y otras especies del PNEP, al mismo tiempo informar a consumidores de carne de caza sobre los riesgos de exposición a este agente zoonótico.

Vigilancia de arbovirosis en monos aulladores negros y dorados (*Alouatta caraya*) en áreas urbanas y periurbanas de Corrientes, Argentina

CITON, L.¹; BOAGLIO, E.R.^{2,3}; BAY JOULIÁ, R.¹; NATALINI, M.B.¹; SÁNCHEZ-GAVIER, F.¹; KOWALEWSKI, M.M.¹; GOENAGA, S.²

¹Estación Biológica Corrientes (EBCo), Centro de Ecología Aplicada (CECOAL), CONICET, Universidad Nacional del Nordeste (UNNE), Corrientes, Argentina ²Instituto Nacional de Enfermedades Virales Humanas "Dr. Julio I. Maiztegui" (INEVH-ANLIS), Pergamino, Buenos Aires, Argentina ³Centro de Investigaciones y Transferencia del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (CITNOBA - UNNOBA - CONICET), Argentina.

Los factores que favorecen la distribución de enfermedades reemergentes son diversos e incluyen el cambio climático, cambio de uso de la tierra y urbanización no planificada en áreas naturales. El 80% de las enfermedades infecciosas que afectan a los humanos son zoonóticas y muchas de ellas son transmitidas por contacto directo o indirecto con la fauna silvestre o por intermedio de vectores. Durante las últimas décadas se ha observado un aumento de la circulación de arbovirus a nivel mundial. Los primates no humanos pueden actuar como hospedadores en el ciclo de estas enfermedades y podrían intervenir en el mantenimiento de los agentes virales. La vigilancia en áreas donde se superponen las actividades humanas y la fauna silvestre permitiría predecir una posible ocurrencia de brotes. En Argentina, se detectó la circulación en humanos de Encefalitis de San Luis (ESL) en la región centro, Dengue en gran parte del país y Fiebre Amarilla (FA) en el nordeste. Además en poblaciones de mono aullador negro y dorado (*Alouatta caraya*) de Corrientes y Chaco se detectó la circulación de FA, Fiebre del Nilo Occidental, ESL y Dengue 1 y 3. *Alouatta caraya* es altamente susceptible a la FA, presentando altas tasas de mortalidad, por lo que son considerados centinelas de la salud pública, permitiendo la detección y alerta temprana de la circulación del virus. El objetivo de este trabajo fue evaluar la presencia de genomas virales en individuos de *A. caraya* que habitan en áreas urbanas y periurbanas de Corrientes (27° 29'

00' S, 58° 49' 00" W), Argentina. Durante 2022 y 2023 se colectaron muestras de sangre, por punción de vena femoral o axilar, de *A. caraya* (n=37) bajo anestesia. La muestra se centrifugó a 5000 rpm por 15 minutos para separar coágulo y suero. Para el análisis de viremia, el suero se conservó a -80°C hasta su análisis en el Instituto Nacional de Enfermedades Virales Humanas "Dr. Julio I. Maiztegui" (INEVH-ANLIS). A su vez, se realizaron necropsias de individuos que murieron por diferentes causas y se colectaron muestras de tejidos (n=7). Para la detección de genoma, se efectuó inicialmente la extracción de ARN, utilizando el kit QIAGEN para muestras de suero y TRIzol para tejidos, y se realizó una RT-PCR genérica para detectar flavivirus, alfavirus y bunyavirus. En todos los casos se utilizó ARN viral como control positivo (Dengue para flavivirus, Chikungunya para alfavirus y Maguari para bunyavirus) y agua como control negativo. Se analizaron 44 muestras (10 juveniles y 34 adultos), resultando todas negativas para la detección de genoma viral. El monitoreo de arbovirus resulta imprescindible desde un punto de vista epidemiológico y de conservación de primates, ya que brinda información sobre el posible rol que podría desempeñar *A. caraya* en el mantenimiento de virus con potencial patógeno, permitiendo entender mejor la dinámica y ciclos de transmisión y evaluar el riesgo que podría representar para humanos y/o otros animales.

Determinación de la presencia de *Sarcocystis aucheniae* en materia fecal de cánidos en diversas zonas de cría de alpacas del altiplano peruano. Resultados preliminares

VARGAS, C¹; GIULIANO, S²; MÁLAGA, JL¹; CHÁVEZ, M¹; FLORIN-CHRISTENSEN, M³; REÁTEGUI-ORDOÑEZ, J¹

¹Vicerrectorado de Investigación. Universidad Católica Santa María, Arequipa, Perú ²Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Buenos Aires, Argentina. ³Instituto de Patobiología Veterinaria, INTA-CONICET, Hurlingham, Argentina.

La venta de carne de camélidos sudamericanos (CS) alpaca y llama se ve muy afectada por la infestación con quistes macroscópicos producidos por el protozoario *Sarcocystis aucheniae*. La presencia de estos quistes impide que se pueda garantizar la seguridad alimentaria ya que, para evitar el decomiso en los camales oficiales, gran parte de la faena de CS se realiza en lugares informales, sin condiciones sanitarias adecuadas. Actualmente, la prevalencia de esta parasitosis es del 60 al 100%. Se ha demostrado experimentalmente que el perro actúa como hospedador definitivo de este protozoario y elimina esporoquistes infectivos en su materia fecal (MF). Sin embargo, nunca se han realizado estudios para confirmar a los cánidos como agentes transmisores de *S. aucheniae* en condiciones naturales o de carga parasitaria en los campos de cría de CS, para evidenciar si esta es su principal fuente de infección. El objetivo de este estudio fue realizar un relevamiento de la presencia del parásito en MF de cánidos en diferentes zonas de cría de alpacas y llamas de Perú, y que cuenten con cánidos. Las zonas muestreadas (n=10) se encuentran a una altitud promedio de 4200 msnm. Cada muestra consistió en aproximadamente 10 g de MF de cánido que se conservaron con dicromato de potasio a 4 °C hasta su procesamiento. Luego se analizaron mediante el método de concentración por doble

centrifugación con posterior flotación con solución saturada de sacarosa y el flotante fue examinado por microscopía óptica (400X). Aquellas muestras en las que se detectaron esporoquistes compatibles con *Sarcocystis* sp. fueron sometidas a extracción de ADN mediante un kit comercial. Luego, se aplicó una PCR semianidada. Los productos obtenidos se separaron mediante electroforesis horizontal y se observaron en un transiluminador UV. La ubicación de la MF se determinó mediante GPS. Se obtuvieron y analizaron un total de 101 muestras de MF de las cuales 17 fueron positivas a *Sarcocystis spp.* por microscopía y 8 fueron positivas a *S. aucheniae* por PCR. Una de las muestras positivas proviene de un perro (por confirmación visual), por lo que este estudio demuestra por primera vez a este cánido como hospedador definitivo del parásito en condiciones naturales. Las 7 muestras restantes serán analizadas por PCR y secuenciación para confirmar si son originarias de perro o zorro andino, los únicos cánidos presentes en las regiones muestreadas. Los resultados obtenidos significan un avance en el entendimiento de la epidemiología de esta parasitosis de CS y abre nuevas líneas de investigación para su control, (Financiado por CONCYTEC PE 501079385-2022-PROCIENCIA e INTA, PDI114).

Garrapatas presentes en perros en las interfases urbano-rural del partido de Exaltación de la Cruz, provincia de Buenos Aires. Resultados preliminares

LABANCHI ALURRALDE, M^{1,2}; GONZÁLEZ, S^{2,3}; MARCOS, E¹; DEGREGORIO, O¹; CICUTTIN, G.L^{1,4}

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria. Cátedra Salud Pública. Buenos Aires, Argentina. ²Universidad de Buenos Aires. Becario UBACYT Categoría Maestría ³Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Cátedra de Estadística. Buenos Aires, Argentina. ⁴Instituto de Zoonosis Luis Pasteur. Ministerio de Salud. Gobierno de la Ciudad Autónoma de Buenos Aires.

La expansión demográfica ha influenciado la forma en la que definimos y clasificamos los distintos ambientes; las migraciones urbanizadoras modifican los ecosistemas y generan zonas periurbanas o de interfaz. Esto permite que vectores como las garrapatas se adapten a nuevos ambientes y hospedadores, incluido el humano, aumentando el riesgo de transmisión de patógenos. En Exaltación de la Cruz, Buenos Aires, existe una interfase urbano-rural de interés epidemiológico, debido al solapamiento de áreas urbanas, periurbanas y rurales que evidencia la necesidad de estudiar las especies de garrapatas presentes en el área y su potencial riesgo para la salud pública. El objetivo del presente estudio fue analizar la riqueza específica y distribución estacional de las garrapatas presentes en perros de los barrios Pavón, La Sidrera y San Isidro del partido de Exaltación de la Cruz. Entre septiembre del 2021 y junio del 2023 se colectaron garrapatas de perros, mediante revisión de todo el animal, en jornadas estacionales en los tres barrios. Los ejemplares colectados se conservaron en etanol al 70% hasta su identificación mediante lupa estereoscópica según las claves taxonómicas. Se calculó la estadística descriptiva y las asociaciones entre variables mediante pruebas de Chi-Cuadrado en EpiInfo. Se revisaron 197 perros de los cuales 56 animales tenían garrapatas (28,4%), siendo las prevalencias (perros infestados/perros revisados) de esta especie de 46,6% (27/58) en Pavón, 24,1% (19/79) en San Isidro y 16,7% (10/60) en La Sidrera, habiendo resultado significativamente

mayor en Pavón respecto de los otros barrios ($p<0,05$). A su vez, se estudiaron variables como la época del año y los hábitos de los perros; la prevalencia fue significativamente mayor en la época estival que en la invernal ($p<0,05$); en cuanto a los hábitos, en Pavón las prevalencias fueron significativamente diferentes al comparar perros vagabundos con perros peridomiciliarios y domiciliarios ($p<0,05$), en La Sidrera solo fué significativa la diferencia entre perros vagabundos y domiciliarios ($p<0,05$) y para el barrio San Isidro, no hubo diferencias significativas en relación a los hábitos. En total se obtuvieron 182 garrapatas, todas identificadas como *Rhipicephalus sanguineus* sensu lato. La garrapata común del perro, *R. sanguineus* s.l., es vector de *Rickettsia massiliae* (agente de rickettsiosis humana del grupo de fiebres manchadas), *Anaplasma platys* (agente de la trombocitopenia infecciosa canina) y *Ehrlichia canis* (agente de la ehrlichiosis monocítica canina). Esta especie de garrapata se encuentra ampliamente distribuida en el país, especialmente en ambientes urbanos-suburbanos con gran presencia de perros, su hospedador principal; además, esta garrapata ha sido hallada parasitando humanos en zonas donde la prevalencia en perros es muy alta. Siendo este el primer estudio sobre garrapatas presentes en perros del partido de Exaltación de la Cruz, resulta relevante continuar con la investigación sobre la temática incluyendo estudios tanto en garrapatas de vida parasitaria como de vida libre.

¿Cómo contribuye el muestreo oportunista de animales silvestres a la vigilancia sanitaria en áreas protegidas y zonas de interfaz?

ARNICA, D.^{1,2,3}; BLANCO, P.^{2,3}; FIGINI, I.^{2,3}; WIEMEYER, G.^{2,5}; GUILLEMI, EC.^{2,4}; LI PUMA, C.¹; OROZCO, MM.^{2,3,4}

¹Parque Nacional Ciervo de los Pantanos, Administración de Parques Nacionales (PNCP, APN) ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Universidad de Buenos Aires. Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEBA). ³Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FCEN). Buenos Aires, Argentina. ⁴Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO) ⁵Facultad de Veterinaria. Universidad Nacional de La Pampa.

La vigilancia oportunista en fauna silvestre, enmarcada en el enfoque "Una Salud", aprovecha los hallazgos de morbilidad y mortalidad de animales en el campo para obtener información sobre su ecología y estado sanitario. Este enfoque no solo permite monitorear la salud de las especies silvestres, sino también entender los riesgos que enfrentan estas y los ecosistemas a los que pertenecen. El monitoreo oportunista es especialmente valioso en áreas protegidas y sus zonas de interfaz con ambientes antropizados, donde el acceso puede ser limitado. El objetivo de este trabajo es describir la contribución de los muestreos oportunistas a las estrategias de vigilancia de salud en fauna silvestre. En 2022 se inició un muestreo oportunista en tres Parques Nacionales de Argentina: Iberá (PNIB), Mburucuyá (PNM) y Ciervo de los Pantanos (PNCP) y la interfaz de cada uno, mediante recorridos y notificaciones a través de redes locales y de la aplicación móvil "Marandu". Cada animal fue evaluado *in situ*, recolectando muestras de sangre y tejidos. Se muestrearon 121 animales de 16 especies, incluyendo ciervos de los pantanos, carpinchos y cánidos silvestres como los más representativos. El 61,2% de los casos ocurrió en el PNCP, el 35,5% al PNIB y el 3,3% al PNM. Un 5,8% de los casos involucró animales vivos que fueron rescatados, mientras que la mayoría de los hallazgos correspondió a animales muertos, un 35,5% por causas naturales o desconocidas, un 30,6% por atropellamientos y un 21,5% por caza furtiva. También se documentaron muertes

por ataques de carnívoros (5,8%) y por incendios (0,8%). Del total de casos, en el 61,9% se pudo determinar la condición corporal, con un 80% presentando condición buena. En el 71,9% de los animales muertos se hallaron lesiones macroscópicas que determinaron la principal causa de muerte o permitieron arribar a un diagnóstico presuntivo de la misma. Las muestras obtenidas fueron analizadas mediante técnicas moleculares revelando la presencia de *Trypanosoma* sp., *T. evansi*, *T. theileri*, *Anaplasma marginale* y *Theileria cervi*. Estos hallazgos evidencian la circulación activa de estos agentes en las áreas de estudio, lo que tiene implicancias tanto para la conservación de las especies como para la salud pública en las áreas circundantes. El muestreo oportunista es una herramienta efectiva y no invasiva que permite detectar patógenos y tóxicos sin la necesidad de capturar animales sanos, lo que reduce el estrés en las poblaciones silvestres, proporcionando una visión más completa del estado de salud de las especies y facilitando la identificación de patógenos en un área. Los datos obtenidos permiten implementar medidas preventivas tanto para la fauna como para las poblaciones humanas cercanas, contribuyendo a una gestión integrada de la conservación y la salud pública. Además, este método accesible y de bajo costo es importante en áreas con recursos limitados, ayudando a establecer una línea de base sanitaria y a detectar amenazas emergentes.

Disponibilidad de mamíferos hospedadores de garrapatas en ambientes degradados y conservados de parques nacionales mediante el uso de cámaras trampa

PERSINGOLA, A.S¹; FERNÁNDEZ, M.P⁵; FIGINI, I^{1,2}; BLANCO, P^{1,2}; ARNICA, D^{1,2,4}; WIEMEYER, G³; OROZCO, M.M^{1,2}

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Departamento de Ecología, Genética y Evolución. Ciudad Autónoma de Buenos Aires, C1428EGA, Argentina, ²CONICET - Universidad de Buenos Aires. Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, C1428EGA, Argentina, ³CONICET - Universidad Nacional de La Pampa, Facultad de Ciencias Veterinarias, Instituto de Zoonosis, La Pampa, CP6360, Argentina, ⁴Parque Nacional Cervo de los Pantanos, Administración de Parques Nacionales (PNCP, APN), Rómulo Otamendi 1127. Campana, Buenos Aires, CP2804, Argentina, ⁵Paul G. Allen School for Global Health, Washington State University, Pullman, WA 99163.

Los proyectos de vigilancia epidemiológica en fauna silvestre cumplen un papel clave en la detección y prevención de enfermedades emergentes, muchas de las cuales son transmitidas por vectores. Algunas especies de garrapatas del género *Amblyomma* están involucradas en la transmisión de patógenos zoonóticos como *Ehrlichia chaffeensis* y *Rickettsia parkeri* y su distribución depende de la distribución de meso y macromamíferos que actúan como hospedadores del vector y/o reservorios de los patógenos asociados. Este trabajo tiene como objetivo comparar la diversidad y abundancia relativa de mamíferos hospedadores de garrapatas entre ambientes conservados y degradados y analizar su asociación con la abundancia de garrapatas en el Parque Nacional Cervo de los Pantanos, Buenos Aires, Argentina. La densidad de garrapatas está asociada a la disponibilidad de hospedadores que además, varía entre ambientes. Durante la primavera-verano de 2022 y 2023, y el otoño-invierno de 2023, se instalaron un total de 24 cámaras trampa, en dos ambientes representativos de una zona conservada (Laguna Grande, n=12) y una zona degradada (Arroyo Pescado, n=12). Las cámaras permanecieron activas por 7 días. En cada temporada y en los mismos sitios, se muestrearon garrapatas utilizando un paño de arrastre sobre la vegetación mediante la técnica de 'tick-dragging' y se estimó su densidad cada 100 m² en cada sitio. A partir de las imágenes obtenidas se estimó la abundancia relativa mediante la tasa de encuentro (TE) para los mamíferos registrados en cada

ambiente. La TE es la razón entre las imágenes de cada especie y el tiempo total de funcionamiento de las cámaras en horas. Se utilizó el índice de diversidad de Shannon (IS) para evaluar la diversidad de mamíferos en cada ambiente. En la zona conservada los hospedadores más abundantes fueron el carpincho (0,07 imágenes h⁻¹), zorro gris (0,04 imágenes h⁻¹) y ciervo de los pantanos (0,03 imágenes h⁻¹). En la zona degradada las mayores abundancias corresponden también al carpincho (0,28 imágenes h⁻¹), zorro gris (0,09 imágenes h⁻¹) y ciervo de los pantanos (0,06 imágenes h⁻¹) sumándose especies domésticas como el caballo y el cerdo (ambos con 0,02 imágenes h⁻¹). Respecto a la densidad de garrapatas, en la zona conservada se obtuvo un valor medio de 14,33 individuos cada 100 m² mientras que en la zona degradada la media fue de 13,25 individuos cada 100 m². No se observaron diferencias significativas entre las TE de los hospedadores entre ambientes. Sin embargo, la diversidad de mamíferos fue mayor en los ambientes degradados debido a la inclusión de especies domésticas (IS: 1,26 vs. 1,21 en ambientes conservados). Si bien no se pudo determinar que la densidad de garrapatas dependiera significativamente de la TE de algún hospedador ni que esté asociada a algún ambiente. Las cámaras trampa y el muestreo de garrapatas aportan una visión integral para guiar proyectos en el área de la conservación y salud de los ecosistemas.

Prevalencia de endoparásitos en reptiles y su potencial zoonótico

REGNER, P^{1, 2, 3}

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Cátedra de Producción, Manejo y Conservación de Fauna Silvestre. Buenos Aires, Argentina. ²Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Médicas. 1° Cátedra de Toxicología, Área de Zootoxicología / Serpentario. Buenos Aires, Argentina. ³Universidad del Salvador, Facultad de Ciencias Agrarias y Veterinarias, Recursos Faunísticos, Pilar, Provincia de Buenos Aires, Argentina.

Las últimas grandes epidemias que afectaron al mundo (SARS, H7N9, H1N1, MERS, Ébola, SARS-CoV2, etc.) fueron enfermedades zoonóticas y esto no es de extrañar ya que tres cuartas partes de las enfermedades emergentes o reemergentes lo son. Esta predisposición se debe principalmente a la creciente presión que ejerce el humano sobre los ambientes naturales y al comercio de fauna silvestre. Los cambios socioculturales y la globalización han llevado, en las últimas décadas, al aumento de la tenencia de estas especies como animales de compañía, motivando el traslado de los mismos desde y hacia todos los continentes. Pero como sabemos, cada uno de estos individuos es un ecosistema en sí mismo, un recipiente que contiene diferentes microorganismos, virus y parásitos que se trasladan conjuntamente y de los que, en muchos casos, no tenemos información. Este trabajo busca describir, desde un punto de vista epidemiológico, los resultados obtenidos de la evaluación de 7395 análisis coproparasitológicos realizados a individuos de 73 especies de reptiles durante el período 2004-2024. Los individuos testeados no poseían historial de desparasitación previa. Se obtuvieron muestras de materia fecal tanto fresca como en solución de formol bufferada al 5%. Las muestras se procesaron por métodos directos, para la detección de protozoarios flagelados y ciliados y por métodos de concentración (Telemann modificado y Sheather). Se realizó tinción de Kinyoun para *Cryptosporidium spp.* Se observó una prevalencia de parásitos mayor

dentro del Orden Squamata (53%) al observado en el Orden Testudines (49%). Si solo observamos dentro del orden de los escamosos, los más afectados fueron los saurios, donde la prevalencia ascendió a 68% siendo de 41% en serpientes. La especie más afectada fue *Eublepharis macularius* con un 85%, seguido por *Pogona vitticeps* (73%), *Chlamidosaurus kingii* (60%), *Python regius* (51%) y *Chamaleo calyptratus* (50%). Si tomamos el origen de los individuos podemos observar que el 94% de los mismos es exótico y proviene de importación. Como observamos, la prevalencia de parasitosis interna en reptiles bajo condiciones controladas es alta, siendo una de las principales causas de consulta en la clínica de estas especies. Dentro de los parásitos observados existen especies potencialmente zoonóticas y otras de las cuales se desconoce su ecología, por lo que ignoramos cuál sería el impacto de estos parásitos en los humanos, en nuestro ambiente natural y sobre nuestros animales autóctonos si llegaran a estar en contacto con ellos. Más allá de esto, consideramos que la prohibición del comercio de reptiles podría ser contraproducente, ya que fomentaría su extracción de la naturaleza en forma ilegal. Por lo que una solución sería desestimular la importación masiva de ejemplares, fomentar el desarrollo de criaderos en el país, conjuntamente con el aumento en la presión de exigencias y controles que se realizan sobre los mismos y desarrollar protocolos de cuarentena y medicina preventiva que deban aplicar los mismos criaderos.

Estudio de la circulación del virus DVB en rodeos de Argentina

BELLIDO, D^{1,2}; WENZ, D¹; SCHANG, M¹; BERMÚDEZ, P¹; MANGIONI, P¹; NIELLA, G¹; HARGUINDEGUY, S¹; LOBOSCO, B¹; DORRONSORO, M³; COPA, N⁴; BENITEZ, D⁵; WIGDOROVITZ, A^{2,6}

¹Vetanco SA ²Bioinnovo SA ³Laboratorio Dorronsoro ⁴EEA INTA Cerrillos; ⁵EEA INTA Mercedes ⁶IVIT, INTA Castelar

El virus de la diarrea viral bovina (DVB) es un patógeno muy importante para la producción ganaderal local, responsable de importantes pérdidas económicas debido a problemas respiratorios, cuadros reproductivos y a la inmunosupresión que genera en los animales infectados, lo que facilita la aparición de enfermedades secundarias. Con el objetivo de mejorar las indicaciones diagnósticas y de manejo específicas para cada rodeo, se analizó la circulación de este virus en diversos establecimientos productivos del país. Se evaluó la circulación del virus DVB mediante la medición de anticuerpos anti P80, una proteína no estructural del virus, que no se encuentra presente en las vacunas no replicativas que se utilizan en Argentina. Esto permite asociar con precisión la presencia de anticuerpos anti P80 con la infección por el virus DVB. Se analizaron 4718 muestras de 250 rodeos tanto de cría como de

tambo provenientes de 10 provincias argentinas: Buenos Aires, Chaco, Córdoba, Corrientes, Entre Ríos, Formosa, Salta, San Luis, Santa Fe y Santiago del Estero. A nivel individual, el 64,04% de las muestras fueron positivas (3021/4718) mientras que el 35,96% resultaron negativas (1697/4718). A nivel rodeo, sólo el 20% de los rodeos tiene una seroprevalencia menor al 20%; mientras que, por el otro lado, el 47% de los rodeos presenta una seroprevalencia igual o mayor al 80%. A su vez, el 15% de los establecimientos presentan una seroprevalencia entre el 60 y el 80%. Estos datos confirman la elevada circulación de este virus a nivel nacional y subrayan la importancia de conocer la situación epidemiológica de cada rodeo para implementar las estrategias de manejo adecuadas tendientes a disminuir la circulación del virus DVB y, de esta manera, lograr una mejora en los parámetros productivos del establecimiento.

Relevamiento de *Escherichia coli* diarreogénica en agua no potabilizada de consumo humano en asentamientos periféricos de Ushuaia, Tierra del Fuego

BONINO, MP^{1,2}; BLANCO CRIVELLI, X¹; BENTANCOR, A¹

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Instituto de Investigación Epidemiología Veterinaria. Cátedra de Microbiología. Buenos Aires, Argentina. ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

De acuerdo con la Organización Mundial de la Salud, la mortalidad por enfermedades asociadas al agua excede los cinco millones de personas al año, siendo una de las principales causas la ingestión de agua contaminada con materia fecal humana o animal. El Código Alimentario Argentino incluye a *Escherichia coli* dentro de los indicadores microbiológicos del agua potable. Se reconoce como principal vía de transmisión de *E. coli* diarreogénica (DEC) a la fecal-oral asociada a la ingestión de agua o alimentos contaminados. Dentro de DEC se incluyen a los patovares *E. coli* shigatoxigénico (STEC), *E. coli* enteropatógeno (EPEC), *E. coli* enteroagregativa (EAEC), *E. coli* enteroinvasiva (EIEC), *E. coli* de agregación difusa (DAEC) y *E. coli* enterotoxigénica (ETEC). En Argentina, Tierra del Fuego (TDF) presenta elevadas tasas de síndrome urémico hemolítico (SUH) y diarreas agudas, observándose en Ushuaia las mayores tasas de enfermedad y crecimiento de asentamientos informales con cloacas a cielo abierto río arriba de la ciudad. El objetivo del presente estudio fue analizar la presencia de contaminación hídrica en Ushuaia, TDF. Se realizó un estudio epidemiológico transversal a fin de establecer la presencia de cepas DEC en agua no potabilizada utilizada para consumo en Ushuaia. Para el diseño del estudio, en un primer momento se identificaron las fuentes de agua no potabilizadas utilizadas para consumo por la población. Se tomaron muestras en los cursos de agua lindantes a sitios de asentamiento, así como por encima y por debajo de los mismos,

registrándose las coordenadas de cada punto. Además, se observó el sistema de recolección de agua que utiliza la población, en forma individual y/o comunitaria, y se decidió incorporar muestreos domiciliarios. Se realizó un muestreo en 2021 y otro en 2024. En cada punto muestreado se obtuvieron 200 ml de agua. Las muestras fueron tomadas por duplicado transcurridos 14 días para contemplar variaciones propias del recurso, y filtradas dentro de las 24 h en un laboratorio local. Como método de muestreo alternativo se utilizaron hisopos de Moore. Los filtros y los hisopos de Moore en medio Stuart se trasladaron al laboratorio de la cátedra de Microbiología (FCV-UBA) donde se analizó la presencia de cepas DEC mediante algoritmos establecidos, identificando marcadores genéticos por PCR. Se identificaron en terreno 5 cursos de agua principales y 8 accesorios que abastecen los barrios informales. Se tomaron 145 muestras de agua totales (115 de cursos de agua y 30 de muestras domiciliarias) y se recuperaron 23 hisopos de Moore.

Con respecto a detección de genes de cepas DEC, se obtuvieron 5% STEC (7/135), 8% EAEC (11/135), 7% EPEC (10/135), 0,7% ETEC (1/135). Se obtuvo un aislamiento EAEC. Los resultados preliminares muestran la posible participación del agua no potabilizada utilizada para consumo en la cadena epidemiológica de enfermedades producidas por cepas DEC. La caracterización de las cepas aisladas es necesaria para establecer el posible impacto de las mismas en la población.

Trichinella en Argentina: reporte de especies en diferentes entornos y hospedadores

FARIÑA, FA^{1,2}; PASQUALETTI, MI^{1,2}; WINTER, M³; ABATE, S³; DANERI, G⁴; HARRINGTON, A² ARONOWICZ, T^{1,5}; CALVO, C⁶; LAPUYADE, C⁶; D' FRANCISCO, FA⁶; RIBICICH, MM^{1,2}

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria. Cátedra de Parasitología y Enfermedades Parasitarias. Buenos Aires, Argentina. ²Universidad de Buenos Aires, CONICET, Instituto de Investigaciones en Producción Animal (INPA). Buenos Aires, Argentina. ³Universidad Nacional de Río Negro, Sede Atlántica. Centro de Investigaciones y Transferencia de Río Negro ⁴Laboratorio de Sistemática, Anatomía y Bioecología de Mamíferos Marinos, División Mastozoología, Museo Argentino de Ciencias Naturales, "Bernardino Rivadavia"- CONICET ⁵Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria-Dirección Nacional de Sanidad Animal (SENASA) -Coordinación General de Epidemiología-Dirección de Planificación y Estrategia de Sanidad Animal ⁶Cátedra de Parasitología y Enfermedades Parasitarias, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Pampa.

Trichinella es un parásito de distribución global que infecta a una amplia variedad de animales domésticos y silvestres. En Argentina, se ha identificado la presencia de *Trichinella spiralis*, *Trichinella patagoniensis* y *Trichinella pseudospiralis* infectando tanto a animales domésticos como silvestres. El objetivo de este estudio es presentar los hallazgos sobre la presencia de *Trichinella* en muestras recolectadas de animales domésticos y silvestres en Argentina entre 2019 y 2024. Se empleó un muestreo por conveniencia a partir de los tejidos musculares que fueron recibidos por el Laboratorio de Parasitología y Enfermedades Parasitarias de la Universidad de Buenos Aires y el Laboratorio de la Sede Atlántica de la Universidad de Río Negro. Un total de 216 muestras de animales domésticos y silvestres fueron sometidas a digestión artificial. En aquellos casos en que se detectó la presencia de larvas de *Trichinella*, las mismas se analizaron mediante PCR del segmento ESV. Las muestras incluyeron 16 especies animales, entre ellas: 3 *Puma concolor*,

16 *Lycalopex gymnocercus*, 3 *Leopardus geoffroyi*, 7 *Galictis cuja*, 5 *Chaetophractus villosus*, 71 *Sus scrofa domesticus*, 74 *Sus scrofa*, 3 *Didelphis albiventris*, 1 *Conepatus chinga*, 5 *Pontoporia blainvillei*, 1 *Delphinus delphis*, 18 *Otaria flavescens*, 7 *Spheniscus magellanicus*, 1 *Larus dominicanus*, y 1 *Delphinidae* no identificado. De los animales analizados, 52 resultaron positivos para *Trichinella* spp., incluyendo 2 pumas infectados con *T. patagoniensis*, 43 cerdos domésticos de los cuales 34 aislamientos fueron identificados como *T. spiralis*, y 7 jabalíes, de los cuales 5 se identificaron también como *T. spiralis*. Este estudio contribuye a mejorar nuestra comprensión sobre la distribución y las dinámicas de transmisión de *Trichinella* en los animales domésticos y silvestres en Argentina.

El presente trabajo fue posible gracias a los siguientes financiamientos: PICT-2021-I-INVI- 00826, PICT-2018-01203, UBACyT 20020220300148BA y UBACyT 20020220400184BA.

Evaluación de la contaminación ambiental de zonas balnearias por coliformes fecales y cepas diarreogénicas de *Escherichia coli* con impacto en salud

DE LA CUESTA, R¹; SANIN, M¹; BATTAGLIA, F¹; BENTANCOR, A¹; BONINO, MP^{1,2}; BLANCO CRIVELLI, X¹

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria. Cátedra de Microbiología. Buenos Aires, Argentina. ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

Las bacterias coliformes fecales son un grupo de bacterias con características bioquímicas comunes que se encuentran en el intestino de humanos y animales, muchas veces utilizadas como indicador de contaminación en alimentos y agua. *Escherichia coli* forma parte de este grupo de microorganismos. Su importancia radica en que existen cepas que presentan diversos factores de virulencia pudiendo dar origen a enfermedades intestinales y extraintestinales. Los objetivos del presente trabajo fueron: a-determinar el grado de contaminación por coliformes fecales en arena y agua de playas de la ciudad Mar del Plata, b-determinar la presencia de *Escherichia coli* shigatoxigénico (STEC), *Escherichia coli* enteroagregativo (EAEC) y *Escherichia coli* enteropatógeno (EPEC) en arena y agua de playas de la ciudad Mar del Plata. Se realizó un muestreo en verano en las playas de Piletones de Camet (PC), Playa Bristol (PB) y Playa Grande (PG). Se recolectaron muestras de arena en superficie y a 10 cm de profundidad a lo largo de 4 transectas perpendiculares a la línea de la costa, y muestras de agua a lo largo de una transecta trazada a un metro de las orilla, dentro del mar. Las muestras de arena y agua fueron analizadas mediante la técnica de número más probable. Brevemente, en muestras de arena, 10 g de muestra se diluyeron en solución fisiológica (1:10), posteriormente se realizaron 5 diluciones de la misma en base 10. Un ml de cada dilución se sembró en 9 ml de caldo MacConkey (CMC) con campana de Durham. En muestras de agua se trabajó con tres series de tres tubos cada una. Una serie con 9,9 ml de CMC con campana de Durham, en la que se sembraron 0,1 ml de muestra por tubo; la otra con 9 ml en la que se sembró 1ml de muestra por tubo, y la tercera serie con 10 ml de CMC doble concentración en la que se sembraron 10 ml de la muestra. En ambos casos las muestras se incubaron a 37°C

96 hs. Se consideraron positivos aquellos tubos en los que hubo fermentación de lactosa con producción de gas. Los datos fueron volcados en la tabla de Mc Crady y corregidos por el % de humedad de la muestra. Para la determinación de coliformes fecales se seleccionaron los tubos positivos y se sembraron en CMC con campana de Durham cultivándose a 45 +/- 0,5 °C 24hs. En muestras positivas se buscó llegar al aislamiento e identificación bacteriana. Para determinar la presencia de STEC, EPEC, EAEC en muestras de arena se realizó la extracción de ADN utilizado kit de extracción para muestras de suelo (ADN Puri-Prep suelo kit; Inbio Highway), posteriormente se realizó PCR de genes marcadores. Se tomaron un total de 44 muestras arena (16 de PC, 14 de PB y 14 de PG) y 6 muestras de agua (2 en cada playa). La presencia de coliformes totales se detectó en 7/38 muestras de arena (3/16 de PC, 3/14 de PB y 1/14 de PG) y 0/6 muestras de agua con NMP/g MS entre 500 y 9. La presencia de coliformes fecales se detectó en 1/7 muestras de arena (tomada en PB), con NMP 4 /g MS, no habiéndose identificado *E. coli*. En el análisis de las muestras de arena mediante PCR no se detectaron genes marcadores de STEC, EAEC, ni EPEC. Si bien la presencia de coliformes totales se observó en las 3 playas muestreadas, sólo en una se hallaron coliformes fecales con bajos índices de contaminación, la cual podría ser de origen animal o antrópica. En el estudio de la interfase humano-animal-ambiente, evaluar el grado de contaminación de las playas resulta crucial para determinar la necesidad de implementar acciones de saneamiento a fin de mitigar riesgos y garantizar un entorno seguro y saludable para la población que disfruta de actividades recreativas.

Detección de cepas diarreogénicas de *Escherichia coli* en *Lama guanicoe* de Tierra del Fuego

BONINO, MP^{1,2}; AGNETTI, M.¹; SCOTTI, F¹; XIFRA, S¹; SANIN, M¹; FLORES, C³; BENTANCOR, A¹; BLANCO CRIVELLI, X¹; CUNDON, C¹

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria. Cátedra de Microbiología. Buenos Aires, Argentina. ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)

³Centro de Investigaciones y Transferencia de Tierra del Fuego – CONICET.

En el estudio epidemiológico de las enfermedades transmisibles, las diarreas agudas (DA) y diarreas agudas sanguinolentas (DAS) resultan de impacto en la población en general; mientras que el síndrome urémico hemolítico (SUH) afecta a niños menores a 5 años. La provincia de Tierra del Fuego (TDF) se caracteriza por altas tasas de estas enfermedades. Entre los agentes etiológicos más frecuentes de estas patologías se encuentran las cepas diarreogénicas *E. coli* (DEC) cuya principal vía de transmisión es fecal-oral. *E. coli* productor de toxina Shiga (STEC), *E. coli* enteropatógeno (EPEC) y *E. coli* enteroagregativa (EAEC), constituyen los patovares DEC de mayor impacto en la infancia. En TDF los terrenos que se utilizan para ganadería, a su vez son asentamientos de diversas poblaciones silvestres nativas entre las que se destaca el guanaco (*Lama guanicoe*) con una amplia distribución en la isla. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la presencia de cepas STEC, EPEC y EAEC en *Lama guanicoe* de TDF. Se realizó un muestreo por conveniencia y accesibilidad a no más de 500 m de las rutas centro y norte de TDF, en estercoleros donde se avistaba la especie. Las muestras de materia fecal correspondieron a 8 áreas productivas ganaderas (APG) en estancias con población de herbivoría mixta silvestre-doméstico (guanaco-ganado bovino y/u ovino) y 1 área con exclusión de ganadería (AEG) desde hace 8 años donde la población de guanacos es frecuente. Estableciéndose 26 puntos de muestreo en la provincia. Las muestras fueron acondicionadas en bolsas tipo ziploc con medio

de transporte Stuart y enviadas refrigeradas al laboratorio de microbiología. Las muestras fueron suspendidas 1/10 p/v con caldo tripteína soya y homogeneizadas durante 2 min con stomacher. A partir de la suspensión se realizó el algoritmo para la detección de cepas DEC que incluyó siembra en agar MacConkey y agar MacConkey sorbitol con posterior rastrillaje de genes marcadores. En muestras positivas potenciales se buscó el aislamiento en hasta 50 UFC. Se analizaron 69 muestras. De los puntos de muestreo, 13/26 fueron *stx* positivos potenciales, 3/26 *stx* y *eae* positivos potenciales y 1/26 *eae* positivos potenciales. La presencia de genes marcadores para STEC (*stx1* y *stx2*) y *rfbO157* se detectó en 29/69 (8/29 *rfbO157*, 9/29 *stx1* y 12/29 *stx2*) muestras y 4/69 para EPEC (*eae*), no observándose la presencia de genes marcadores para EAEC (*aggR*). A partir de muestras positivas al screening se obtuvieron 4 aislamientos: 1/4 *stx2* (APG), 1/4 *rfbO157* (AEG), 1/4 *stx2/rfbO157* (APG) y 1/4 *eae* (APG).

Estos resultados preliminares sugieren que el guanaco podría desempeñar un rol clave en la cadena epidemiológica de patógenos diarreogénicos. Su potencial como portador o reservorio de cepas STEC y EPEC en áreas ganaderas y su posible diseminación en áreas no ganaderas resalta la importancia de seguir investigando su participación en la dinámica de estas infecciones en la región.

Distribución estacional de parasitosis gastrointestinales de interés sanitario en animales de compañía y de producción del partido de Exaltación de la Cruz, Buenos Aires, Argentina

BRAVO, J¹; DEGREGORIO, OJ¹; BERRA, Y¹

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria. Cátedra de Salud Pública. Buenos Aires, Argentina.

Los factores ambientales influyen en la dinámica de las parasitosis, afectando la viabilidad y la prevalencia estacional de los parásitos. Su distribución depende de la temperatura, la humedad, el hábitat y la interacción con los hospedadores. Esto puede facilitar la transmisión entre poblaciones impactando en la salud pública. El objetivo de este trabajo fue determinar la asociación entre la presencia de parásitos de interés sanitario en muestras de materia fecal de animales domésticos y la estación del año. Se colectaron muestras de materia fecal de forma estacional y por conveniencia, en zonas del Partido de Exaltación de la Cruz. Las áreas de muestreo fueron Capilla del Señor, Diego Gaynor y Pavón. El diagnóstico coproparásitológico se realizó con la técnica de Telemann modificada con observación microscópica con yodo de lugol y la técnica de Ziehl-Neelsen modificada y visualización al microscopio óptico a 100X con objetivo de inmersión. Se analizaron los resultados con EpiInfo 1.4.3 (dominio público). Se usó el test de chi-cuadrado (χ^2) para evaluar relación entre la frecuencia parasitaria y la estación del año, estratificado por especie. Se recolectaron 388 muestras de materia fecal, pertenecientes a caninos (195), bovinos (78), equinos (48), ovinos (33), porcinos

(30) y felinos (4). En caninos se encontró asociación significativa ($p \leq 0.05$) entre la estación del año y la presencia de *Cryptosporidium* spp., *Capillaria* spp. y *Toxocara canis*. La frecuencia de *Cryptosporidium* spp. fue significativamente mayor ($p:0.0003$) en invierno (20.8%) en

comparación las otras estaciones. *Capillaria* spp. se detectó solo en invierno (4.2%) y en primavera (10.8%) sin diferencias significativas entre estas, aunque se observaron diferencias ($p:0.012$) entre primavera y las estaciones de verano y otoño. La presencia de *Toxocara canis* fue significativamente mayor ($p:0.04$) en primavera (10.8%) en comparación con las demás estaciones. En el resto de las especies animales estudiadas, no hubo asociación significativa de las variables en estudio. Los resultados indicarían que, en caninos, las condiciones invernales podrían favorecer el desarrollo y transmisión de *Cryptosporidium* spp. La mayor frecuencia de *Toxocara canis*. en primavera podría relacionarse con un aumento en la actividad de los caninos y la exposición a ambientes propicios para el ciclo de vida de este parásito. Las variaciones estacionales de *Capillaria* spp. señalan una reducción en su presencia en las estaciones más cálidas. Los hábitos de los caninos y su interacción con entornos pueden influir en la presencia de parásitos según la estacionalidad, a diferencia de los animales de producción, donde la frecuencia de parásitos suele ser constante durante el año. Estos resultados destacan la importancia de considerar la estacionalidad en el control y prevención de parasitosis, así como la necesidad de desarrollar estrategias específicas para cada especie y tipo de parásito según las condiciones ambientales.

Seguimiento de β -lactamasas de espectro extendido y genes Qnr desde la madre al lechón en dos sistemas productivos de Uruguay

CÓPPOLA, N^{1,2}; FREIRE, B³; CASTRO, G³; BADO, I¹; CORDEIRO, N¹; VIGNOLI, R¹

¹Unidad Académica de Bacteriología y Virología, Facultad de Medicina, Universidad de la República ²Unidad Académica de Salud Pública Veterinaria, Facultad de Veterinaria, Universidad de la República ³Unidad Académica Animales de Granja, Facultad de Veterinaria, Universidad de la República.

La resistencia antimicrobiana (RAM) es un problema de salud global que ilustra el concepto de "Una Salud", ya que afecta tanto a humanos como animales y está en aumento a niveles peligrosos. Las fluoroquinolonas y cefalosporinas de tercera generación (C3G) son antibióticos críticos de máxima prioridad en medicina. Los microorganismos multirresistentes presentes en los sistemas productivos representan una amenaza tanto para la salud humana como animal. En Uruguay, se ha detectado la circulación de resistencia transferible a C3G en enterobacterias productoras de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE), como las CTX-M, y resistencia a fluoroquinolonas mediada por los genes Qnr en sistemas productivos de cerdos. El objetivo de este estudio fue determinar la presencia de enterobacterias resistentes a C3G y fluoroquinolonas en muestras fecales de madres (M), recién nacidos (RN) y lechones (L) en dos sistemas de producción de cerdos de Uruguay: uno de cría intensiva en confinamiento y otro de cría extensiva a campo. Se muestrearon 5 madres, 3 recién nacidos por madre (pooles de 5) y 3 lechones por madre (pooles de 5) en cada sistema entre septiembre de 2022 y diciembre de 2023. Los aislamientos de enterobacterias resistentes se realizaron en medios suplementados con ceftriaxona (CRO) y ciprofloxacina (CIP). Las colonias fueron identificadas por MALDI-TOF, y los perfiles de resistencia se determinaron mediante el método de difusión en disco de Kirby-Bauer. Los genes de resistencia fueron identificados mediante PCR. En el sistema intensivo, se obtuvieron 20

aislamientos resistentes (10 en M, 4 en RN y 6 en L, todos *Escherichia coli*). De estos, 14 mostraron resistencia a CRO, 11 a amoxicilina-ácido clavulánico (AMC), 4 a ceftazidima (CAZ),

4 a cefoxitina (FOX), 10 a gentamicina (CN), 11 a amikacina (AK), 11 a trimetoprim-sulfametoxazol (SXT), y 11 a enrofloxacin (ENR) y CIP. Los genes *qnrS* y *bla*CTX-Mg4 se encontraron en los tres grupos estudiados, mientras que el gen *qnrB* fue detectado en RN y L, y *bla*CTX-Mg3 en M y RN. En el sistema extensivo, se trabajó con 17 aislamientos resistentes (10 en M, 7 *E. coli* y 3 *Klebsiella pneumoniae*, 2 en RN y 5 en L, todos *E. coli*). Se detectó resistencia a CRO en 6 aislamientos, a AMC en 2, a CAZ en 1, a FOX en 3, a CN en 1, a AK en 3, a SXT en 4, y a ENR y CIP en 5. Los genes *qnrB* circularon en los tres grupos, mientras que *qnrS* se encontró en M y L, y *qnrE* solo en L. El gen *bla*CTX-Mg4 se observó en M y RN, mientras que *bla*CTX-Mg3 fue detectado en RN. Estos resultados demuestran la transmisión de enterobacterias portadoras de BLEE y genes Qnr desde las madres a los recién nacidos, persistiendo hasta los lechones. El sistema de cría intensiva mostró una mayor proporción de multirresistencia en ambos grupos, sugiriendo que este tipo de producción es un mayor reservorio de genes de RAM y microorganismos multirresistentes. Esto refuerza la importancia de un uso prudente de los antimicrobianos en la producción animal y la relevancia del enfoque "Una Salud".

Detección de mecanismos de resistencia transferibles a fluoroquinolonas y polimixinas en *Escherichia coli* aislada de equinos en Uruguay

RIOS, C³; CÓPPOLA, N^{1,3}; LUCE, C³; CANSELA, G²; BADO, I¹; VIGNOLI, R¹

¹Unidad Académica de Bacteriología y Virología, Facultad de Medicina, Universidad de la República ²Veterinario de libre ejercicio de la profesión ³Departamento de Salud Pública, Unidad Salud Pública Veterinaria, Facultad de Veterinaria.

La resistencia antimicrobiana (RAM) representa una amenaza global que impacta gravemente en la salud humana y animal, así como en la economía. Entre los antibióticos críticos según la OMS y la OMSA para el tratamiento de infecciones por bacilos gramnegativos, las quinolonas como ciprofloxacina (CIP) y las polimixinas como la colistina (COL) son considerados de alta prioridad. En Uruguay, se ha detectado resistencia transferible a fluoroquinolonas (genes *qnrB*, *qnrE*, *qnrS*) en enterobacterias aisladas de aves, cerdos y bovinos, así como resistencia a colistina (genes *mcr*) en aves y cerdos. No obstante, la presencia de *Escherichia coli* con resistencia transferible a CIP y COL en equinos no ha sido investigada previamente. El objetivo de este estudio fue identificar la presencia de *E. coli* resistente a CIP y COL en muestras fecales de equinos del hipódromo de Maroñas, Montevideo, Uruguay. Se calculó el tamaño muestral basado en una estimación de proporciones, con un nivel de confianza del 95% y una precisión del 5%. Se muestrearon 80 equinos pura sangre de carrera (PSC) (50 machos y 32 hembras), con edades entre 2 y 6 años (promedio 2,65). Las principales patologías observadas fueron heridas, seromas y lesiones osteoarticulares. Según entrevistas, los antibióticos más frecuentemente usados por los profesionales son penicilina, estreptomicina, gentamicina y quinolonas. La búsqueda de *E. coli* resistentes a CIP y COL se realizó mediante el aislamiento en medios suplementados con

estos antibióticos, la identificación por Maldi-Tof, y la determinación de perfiles de resistencia por difusión en disco. La búsqueda de genes de resistencia transferible se llevó a cabo mediante PCR. De los 80 equinos muestreados, 58 presentaron *E. coli* con crecimiento en medios suplementados con CIP, y 23 en COL. Se analizaron 83 aislamientos de *E. coli* no repetidos. Las tasas de resistencia observadas fueron: 18% (15/83) no susceptible a amoxicilina-ácido clavulánico, el 5% (4/83) a ceftriaxona, el 5% (4/83) a ceftazidima, el 53% (44/83) a gentamicina, el 72% (60/83) a amikacina, el 14% (12/83) a trimetoprima-sulfametoxazol y el 76% (63/83) a ciprofloxacina y enrofloxacin. Ninguno de los aislamientos con crecimiento en COL mostró resistencia confirmada mediante macro dilución en placa. Se detectaron genes de resistencia a quinolonas *qnrB*, *qnrE* y *qnrS*, así como el gen *bla*_{CTX-M1}, asociado a resistencia a cefalosporinas. Este estudio preliminar demuestra la circulación de genes de resistencia a fluoroquinolonas en equinos de competición en Uruguay, junto con resistencia a otras clases de antibióticos. Esto pone de manifiesto el papel potencial de los equinos en la diseminación de bacterias resistentes con capacidad zoonótica. Para abordar este desafío, resulta esencial aplicar un enfoque interdisciplinario basado en el concepto de "Una Salud".

Detección de beta-lactamasas de espectro extendido en equinos de Uruguay

LUCE, C³; CÓPPOLA, N^{1,3}; RIOS, C³; HERNÁNDEZ, C²; CANSELA, G²; VIGNOLI, R¹; BADO, I¹

¹Unidad Académica de Bacteriología y Virología, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, Universidad de la República

²Veterinario de libre ejercicio de la profesión. ³Departamento de Salud Pública, Unidad Salud Pública Veterinaria, Facultad de Veterinaria, Universidad de la República.

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) es un desafío mundial, y las cefalosporinas de tercera generación (C3G) son consideradas antibióticos críticos de máxima prioridad para la medicina humana, según la OMS. En Uruguay, se ha reportado la circulación de beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE) en sectores productivos como la avicultura, porcicultura y bovinos, pero existe poca información sobre este fenómeno en equinos. El objetivo de este estudio fue detectar la presencia de *Escherichia coli* resistente a C3G en muestras fecales de equinos del Hipódromo Nacional de Maroñas. Se recolectaron heces de 50 equinos pura sangre de carreras (PSC) y se realizaron aislamientos en agar McConkey Lactosa suplementado con ceftriaxona (CRO). Las colonias sospechosas fueron identificadas mediante MALDI-TOF, y se evaluó la susceptibilidad antibiótica mediante disco difusión. Se buscó la presencia de mecanismos de resistencia a beta-lactámicos (BLEE, AmpC) y fluoroquinolonas (genes *qnr*) mediante PCR. Además, se llevaron a cabo ensayos de conjugación plasmídica, estudios de clonalidad por electroforesis en campo pulsado (PFGE) y secuenciación del genoma completo de un aislamiento. De los 50 equinos muestreados, 11 presentaron 13 aislamientos de *E. coli* resistentes a CRO. Los perfiles de resistencia mostraron que: 10 aislamientos fueron no susceptibles a amoxicilina-ácido clavulánico, 8 a ceftazidima, 1 a cefoxitina, 12 a cefepima, 13 a gentamicina y estreptomina, 11 a amikacina, 10 a tetraciclina, 6 a trimetoprima-

sulfametoxazol, 8 a cloranfenicol y 10 a ciprofloxacina. Se detectó el gen *blaCTX-M* en 12/13 aislamientos, y el gen *blaCMY* en 1/13. Además, se identificaron los genes de resistencia a quinolonas *qnrE* y *qnrS*. En los ensayos de conjugación plasmídica, 10/13 aislamientos transfirieron exitosamente los genes *blaCTX-M*-grupo1 y *qnrS* a transconjugantes. El análisis clonal reveló la presencia de cinco pulsotipos (PT), siendo el PT IV el más común, identificado en 5 aislamientos. La secuenciación del genoma completo de uno de los aislamientos (*E. coli* PSC 26.1) mostró que pertenece al ST744 y posee cinco plásmidos: IncR, IncN, IncY y ColE10. Se encontraron genes de resistencia a diversos antimicrobianos, que confieren resistencia a tetraciclinas (*tet(B)*), beta-lactámicos (*blaTEM-33*, *blaCTX-M-1*), macrólidos (*mph(A)*), quinolonas (*qnrS1*), aminoglucósidos (*aac(3)-IId*, *aph(3'')-Ib*), sulfonamidas (*sul2*) y cloranfenicol (*catA1*). El gen *qnrS* se localizó en un plásmido IncR. Estos hallazgos demuestran la circulación de BLEE y resistencia transferible a quinolonas en equinos de competición en Uruguay, así como a otras familias de antibióticos. Esto refuerza la necesidad de un uso responsable de los antimicrobianos en la salud animal y subraya la importancia del enfoque de "Una Salud", dada la posibilidad de transmisión de bacterias resistentes entre equinos y humanos, con potencial zoonótico.

Antimicrobianos de uso frecuente en producciones lecheras de la cuenca central santafesina

PEÑA, A¹; MIOTTI, C¹; CICOTELLO, J¹; TELLO, F¹; SUAREZ ARCHILLA, G¹; WELSCHEN, N¹; ASTESANA, D¹; ZBRUN M.V^{1,2}; SIGNORINI, M^{1,2}; CAMUSSONE, C¹; MOLINERI, A¹

¹Grupo de epidemiología y enfermedades infecciosas, Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (INTA-CONICET), Estación Experimental Agropecuaria Rafaela, Ruta 34, Km 227, Rafaela, Santa Fe, Argentina ²Departamento de Salud Pública. Fac. de Cs. Veterinarias. Universidad Nacional del Litoral. Esperanza, Santa Fe, Argentina.

El uso de antimicrobianos (AM) contribuye a la aparición y proliferación de bacterias resistentes, con su conocido impacto en Una Salud. En veterinaria, se utilizan terapéuticamente para tratar enfermedades infecciosas y también con fines profilácticos (terapia de vaca seca). El uso terapéutico en bovinos se dirige principalmente al tratamiento de mastitis, neumonía, metritis e infecciones podales. Los AM más usados en bovinos a nivel mundial son las tetraciclinas y penicilinas. En Argentina, la información sobre el uso de AM es escasa, siendo los betalactámicos y aminoglucósidos los AM más usados en producción lechera. El objetivo de este trabajo fue cuantificar el uso de drogas AM en vacas lecheras en establecimientos de la Cuenca Central Santafesina. Se realizaron visitas mensuales a 30 establecimientos durante un período de un año. En cada uno se dejaron recipientes para depositar los envases vacíos de productos veterinarios usados en ese periodo de tiempo. En cada visita se registró el número de envases vacíos de AM y sus características. Con esta información se creó una base de datos que incluía: mes del conteo, establecimiento, nombre comercial de los productos AM cuantificados con sus respectivos principios activos y concentración, vía de administración (inyectable (INY), intramamaria (IMM), tópica, intrauterina, oftálmica, oral), volumen del envase, número de envases cuantificados y categoría animal a la que fueron aplicados. Para unificar las unidades de las concentraciones de las drogas se aplicó el factor de conversión para convertir las UI a mg, siendo de 0,0006 para las penicilinas y de 0,0012 para la estreptomicina y 0,0013 para kanamicina. Se realizó la sumatoria de los mg totales anuales por droga AM de todos los establecimientos relevados y se estimó la

proporción empleada según vía de administración de los cinco AM más usados. Los AM más utilizados en orden de importancia fueron: oxitetraciclina, ceftiofur, estreptomicina, cloxacilina y amoxicilina. El 99,73% de la oxitetraciclina se administró vía INY y el 0,27% vía tópica. Ceftiofur, estreptomicina y amoxicilina fueron principalmente usados vía INY (99,94%, 99,63% y 91,45%, respectivamente) seguida por la vía IMM. La cloxacilina fue utilizada sólo por vía IMM. En la metodología empleada en el presente trabajo, existen sesgos de medición que se reducirían utilizando complementariamente el relevamiento del registro de los tratamientos. Está demostrado que la combinación de ambos métodos contribuye a reducir dichos sesgos. Los resultados se basan exclusivamente en el recuento de envases vacíos, dado que los datos de los registros de tratamientos de los tambos incluidos fueron escasos. Además, se informan mg totales anuales por droga, por lo que faltaría estandarizar esta información, relativizándola a las dosis y al número de animales. Sin embargo, los resultados de AM más utilizados coinciden con lo encontrado a nivel nacional e internacional. Cabe destacar que el ceftiofur fue clasificado por la OMS como de máxima prioridad, por lo que su uso en veterinaria debería reducirse al máximo. Estos resultados ponen en perspectiva la necesidad de promover estrategias de uso responsable de AM como: prevenir enfermedades, realizar diagnósticos certeros, estimar la sensibilidad AM de los patógenos, realizar tratamientos selectivos de las mastitis y secado selectivo de las vacas y, siempre que sea posible, optar por AM no considerados de máxima prioridad por la OMS, para reducir el impacto de la medicina veterinaria en Una Salud.

Uso de antimicrobianos y percepción de riesgo a la resistencia antimicrobiana en el partido de Exaltación de la Cruz. (Resultados preliminares)

SAFAR, SL^{1,2}; SIERRA, MF¹; DEGREGORIO, OJ¹

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria. Cátedra Salud Pública. Buenos Aires, Argentina. ²Becaria, UBACYT Maestría.

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) es considerada una de las principales amenazas para la salud pública a nivel mundial, poniendo en riesgo la salud humana, animal y ambiental. La misma, ocurre cuando microorganismos desarrollan mecanismos de acción para hacer frente a los antimicrobianos (ATM). El uso indebido de ATM genera presión de selección, lo que lleva a la aparición de progenie con resistencia, dificultando cada vez más la instauración de tratamientos eficaces. El objetivo de este trabajo es analizar conocimientos, actitudes, prácticas y percepciones de diversos grupos sociales identificados como de interés y relacionados directa e indirectamente con la aparición de RAM. Para ello, en una primera instancia se confeccionó un mapa de los actores sociales que participan en el ciclo de los ATM. A partir del cual, se identificaron actores sociales considerados claves, particularmente, veterinarios, productores y población en general. Para cada grupo en estudio se desarrolló una encuesta epidemiológica. En lo que respecta al grupo de veterinarios se realizaron 14 encuestas de manera presencial, considerando cinco secciones: 1. Caracterización del encuestado, 2. Uso de antibióticos, 3. Uso de antiparasitarios, 4. ATM en general y 5. Percepción sobre la RAM. El 64,3% (9/14) consideró que la información obtenida durante su formación profesional sobre ATM y sus usos fue regular o mala. A su vez, el 85,7% (12/14) describió que la información obtenida durante su formación profesional sobre RAM fue regular o mala. El 71,4% (10/14), estableció que

no utiliza ATM con fines profilácticos, pero si lo hace, es principalmente dentro de protocolos prequirúrgicos. Los antibióticos mencionados con mayor frecuencia fueron: Cefalexina (64,3%; 9/14), Amoxicilina + Ácido. Clavulánico (64,3%; 9/14), Enrofloxacin (64,3%; 9/14), Doxiciclina (57,1%; 8/14). Mientras que, los antiparasitarios más citados fueron: Prazicuantel (88,9%; 8/14); Fenbendazol (88,9%; 8/14); Ivermectina (88,9%; 8/14) y Doramectina (66,7%; 6/14). Todos (14/14) consideran que la RAM es un problema muy importante o importante para la salud humana, animal y ambiental. El 71,4% (10/14), considera que la automedicación es el factor que más influencia la aparición de RAM. Sin embargo, un tercio (35,7%; 5/14) respondió que casi nunca realiza cultivo y antibiograma antes de indicar antibióticos y sólo el 57,1% (8/14), estuvo de acuerdo que como profesionales de la salud deberían generar más conciencia en la población sobre este tema. El 100% (14/14) considera que se encontrarán nuevas formas para tratar humanos y animales, siendo la opción más mencionada como factible la aparición de nuevos antibióticos (64,3%; 9/14). Los resultados de este estudio se comparan con los obtenidos en el 2020 en 168 veterinarios de CABA y la Prov. de Bs As. Estos estudios permiten tener una visión integral de los conocimientos, actitudes y conductas respecto al empleo de ATM y evaluar las percepciones de riesgo referidas a la RAM.

Resistencia antimicrobiana en ovinos de la isla de Tierra del Fuego

CRESPI, E^{1,2}; DISALVO, V³; RUMI, V¹; BENTANCOR, A¹

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria. Cátedra de Microbiología. Buenos Aires, Argentina ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) ³Laboratorio de Sanidad Animal Provincial “Dr. Raúl Chifflet”, Ministerio de Producción y Ambiente, Gobierno de Tierradel Fuego, AeIAS. Río Grande, Provincia de Tierra del Fuego, AeIAS.

La Isla de Tierra del Fuego (TDF) cuenta con producción de carne propia en un sistema productivo de ciclo de cría completo y cerrado, debido a las restricciones sanitarias existentes en la región patagónica. La ganadería ovina es de carácter extensivo sobre pastizales naturales. El uso de antibióticos en la cría de animales contribuye a la selección y diseminación de cepas resistentes en el medio ambiente y a lo largo de la cadena de producción alimentaria. Se ha documentado la conexión entre los animales destinados al consumo humano y la aparición de resistencia antimicrobiana (RAM) en la salud humana, especialmente en bacterias comensales y zoonóticas como *Escherichia coli*, que presenta patovares con un impacto significativo en la salud y ser reservorios de genes de resistencia. Antibióticos (AB), como las fluoroquinolonas y cefalosporinas, que se emplean en la producción ganadera, son considerados críticos para la salud humana. El objetivo fue relevar la resistencia de *E. coli* frente a AB de impacto en la producción animal y en la salud humana aisladas de ovinos de TDF. Se estudió una cohorte de 200 hisopados rectales recolectados en Diciembre 2021, provenientes de 6 estancias (Ea.). Se suspendieron en 2 ml de CTS y sembraron por diseminación 0,1ml en AMC, AMC- cefotaxima (CTX) 1µg/ml, AMC- gentamicina (GEN) 4µg/ml y AMC-ciprofloxacina (CIP) 0,5µg/ml. Luego del cultivo se seleccionaron los microorganismos resistentes (R) y dos sensibles por cada muestra con tinción de Gram, prueba de

oxidasa y óxido fermentación de la glucosa para la identificación de *E. coli* por pruebas bioquímicas y moleculares. La sensibilidad fue determinada mediante antibiograma por difusión (CLSI, 2019). En los aislamientos R se ensayaron los AB propuestos en el plan nacional de vigilancia de RAM para animales de consumo. En AMC desarrollaron 188/200 hisopados rectales, 96/188 en AMC-GEN y 1/188 desarrolló en AMC- CIP. Al rastrillaje del 26 al 56% de las muestras por Ea. fueron compatibles con RAM. De los 97 aislamientos al tamizaje en AMC-AB, se descartó la R a CIP y GEN y se determinó R en 27% (51/188) de las muestras provenientes de las 6 Ea. La proporción de aislamientos R según la Ea. varió del 3 al 42%. La R para cada AB fue: 12 a cefalotina (provenían de la Ea.1-3, 5 y 6); 15 a ampicilina (Ea. 1, 2, 5 y 6); 2 a tetraciclina (Ea. 5 y 6), 4 a amikacina (Ea.1) y 35 a estreptomycin (Ea. 1-5). La RAM varió según Ea. en proporción (3-47%) y en su perfil, incluyendo hasta 4 AB. Es importante señalar que el 6% de las muestras provenientes de ovinos (12/188), fueron resistentes a cefalosporinas, pero no de aquellas consideradas críticas para la salud humana. El monitoreo de la dispersión de esta R debe ser analizada a lo largo del tiempo dada su relevancia en salud. Es necesario profundizar los estudios de RAM en una población poco estudiada como es la ovina y de gran relevancia para la producción en TDF bajo el enfoque Una Salud.

Signología clínica asociada a parasitosis por *Eucoleus spp.* en caninos y felinos en la Ciudad Autónoma de Buenos Aires

SORIANO, M¹; TESORIERO, F¹; DI BENEDETTO, Y²; PIAZZA, A¹; RICART, MC²; PASSERI, MC²

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Hospital Escuela. Buenos Aires, Argentina. ²Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Clínica Médica de Pequeños Animales. Buenos Aires, Argentina.

Eucoleus spp. es un nematodo perteneciente a la familia *Capillariidae* que parasita a las vías aéreas de caninos y felinos. *E. aerophilus* y *E. bohemii* afectan el tracto respiratorio bajo y alto respectivamente. En la actualidad su distribución es mundial; sin embargo, debido a su variabilidad de presentaciones clínicas (dependientes de la carga parasitaria), el desconocimiento de su prevalencia y la similitud de sus huevos a los de otras especies, raramente son diagnosticados. Las alteraciones producidas por estos parásitos incluyen una variedad de signos clínicos desde leves como descarga nasal y estornudos hasta convulsiones. El objetivo de este trabajo fue realizar una descripción de la variabilidad de la signología clínica en animales parasitados por *Eucoleus spp.* Se estudiaron 10 animales, 9 caninos y 1 felino, que concurrieron al Hospital Escuela de la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad de Buenos Aires, con diagnóstico positivo a *Eucoleus spp.* en un análisis coproparasitológico seriado mediante test de flotación. Los huevos de *Eucoleus spp.* presentan un embrión multicelular, tapones polares asimétricos con respecto al axis de los huevos, y superficie porosa, con un tamaño de alrededor de 60 x 30 µm. De los animales estudiados, cuatro presentaron tres o más signos clínicos, cinco entre uno y dos, y uno solo fue asintomático (el felino). De la signología más

frecuente se destaca la tos sonora, seguida por rinitis mucosa, aumento del murmullo broncoalveolar, anorexia y vómitos, y por último los menos frecuentes fueron convulsiones y eosinofilia. Además, algunos de estos animales presentaron concomitancia de otras enfermedades (otras parasitosis en tres de los animales, enfermedad periodontal en otros tres, Ehrlichiosis en dos de ellos y Dirofilimosis en uno). Para el tratamiento de *Eucoleus spp.* se administró fenbendazol 50 mg/kg/24 hs durante 10 días PO, observándose una mejoría clínica del cuadro respiratorio. Las infestaciones por *Eucoleus spp.* presentan una signología clínica bastante variable, por lo tanto, debe considerarse dentro de los diagnósticos diferenciales, aunque esta misma sea leve. Tener en cuenta la posible presencia de estos parásitos para realizar un correcto diagnóstico nos permite la instauración de un tratamiento en forma temprana, evitando signos clínicos más graves al no llegar a cargas parasitarias elevadas. Posteriores estudios de la prevalencia de estos parásitos podrían ser útiles para analizar el impacto de los mismos en la región.

Financiamiento: 20720220200015BA: Proyecto UBACyT de investigación clínica 2023, Mod II.

Criptococosis canina: reporte de un caso en la provincia de Córdoba

MULLER, B¹; LUQUE AGUADA, L²; GIANA, K³; PERALTA MARTINEZ, M¹; ARROYO, F⁴; GABRIELA, E⁵; ZUCOTTI, A²

¹Fundación para el progreso de la medicina, Laboratorio Veterinario (CEBIA) ²Fundación para el progreso de la medicina, Laboratorio de Microbiología ³Laboratorio privado de patología ⁴Universidad Católica de Córdoba, Cátedra de Parasitología

⁵Clínica privada (Nefroncovet)

La criptococosis es una micosis sistémica oportunista causada por una levadura capsulada perteneciente al Complejo de especies *Cryptococcus neoformans/gattii*, en el cual se incluye a *Cryptococcus neoformans* con sus 2 variedades (*grubii* y *neoformans*) y a *C. gattii*. La enfermedad tiene escasa prevalencia en los perros. El microorganismo ingresa por vía inhalatoria hacia los pulmones y desde allí se disemina por vía hemática hacia los distintos órganos del animal, teniendo predilección por el sistema nervioso central. Nuestro objetivo es contribuir al conocimiento epidemiológico de las especies circulantes en nuestro país con el reporte de un caso clínico.

Caso Clínico: Perra mestiza, hembra, de 4 años de edad, derivada por posible linfoma, con nódulos linfáticos submandibulares aumentados de tamaño. Se le realiza punción nodular que arroja como resultado proceso inflamatorio mixto. Presenta, además, otitis profunda del lado derecho de más de un año de evolución con abundante secreción, leve incoordinación a la marcha y lateralización de cabeza. Se le realiza limpieza ótica y tratamiento con tramadol, dipirona y dexametasona. A los tres días se presenta nuevamente con ataxia y paresia del tren posterior, afebril. Se le realiza ecografía observándose el bazo reactivo. Se le coloca doxiciclina. Cuarenta y ocho horas después regresa a la consulta con paresia de los cuatro miembros, pobre respuesta fotopupilar con periodos de exaltación y delirio, taquipnea. Se le coloca dexametasona, complejo

vitamínico B y nalbufina. Se inicia tratamiento con itraconazol por vía oral, pero fallece a las horas. Cabe destacar que el paciente realizó consultas en diversas veterinarias, lo que posiblemente dificultó el diagnóstico y seguimiento. Por la presentación clínica y sospecha de meningitis se decidió, pos mortem, realizar biopsia de nódulo linfático submandibular; las muestras fueron remitidas al laboratorio de Anatomía patológica y laboratorio de Microbiología. En el laboratorio de micología la muestra fue cultivada en los medios de Sabouraud con cloranfenicol y Cerebro corazón sin antibióticos e incubada a 28°C y 37°C respectivamente; al cabo de cuatro días se pudo observar el crecimiento de colonias levaduriformes en todos los medios. El hongo fue identificado por metodología automatizada VITEK 2.0 como Complejo *Cryptococcus neoformans/gattii*. En el examen directo con KOH al 40% como en las respectivas coloraciones de Giemsa y Gram se observaron elementos fúngicos compatibles con levaduras de *Cryptococcus* spp. A los fines epidemiológicos se decidió remitir la muestra al centro de Referencia "Departamento de Micología INEI "Dr. Carlos G. Malbrán"- ANLIS para la identificación de la cepa y realización de sensibilidad antifúngica. La cepa fue identificada como *Cryptococcus neoformans* por la metodología de MALDI-TOF con valores de CIM arrojados por el método de referencia de EUCAST de Anfotericina B 0,25 mg/L, Fluconazol 8 mg/L y Voriconazol 0,25 mg/L.

Conocimiento, prácticas y percepción de riesgo de zoonosis entre cazadores de la provincia de Buenos Aires

BASARENA, D¹; CARPANETTI, B¹

¹Área Gestión Ambiental/Ecología, Instituto de Ciencias Sociales y Administración, Universidad Nacional Arturo Jauretche

Las enfermedades zoonóticas representan un riesgo para la salud pública y la fauna silvestre, especialmente en áreas donde la interacción entre humanos y animales es frecuente, como en la actividad cinegética. En esta investigación se utilizó una encuesta dirigida a los cazadores de Buenos Aires para indagar sobre el conocimiento que tienen acerca de las zoonosis, su percepción del riesgo en relación a contraer una enfermedad zoonótica, y las medidas de protección personal empleadas en la caza, faena y consumo del animal. El objetivo del trabajo es, además de analizar la percepción del riesgo, promover prácticas seguras y lograr un aprovechamiento sustentable del recurso faunístico en la provincia. Los datos obtenidos fueron analizados para identificar posibles correlaciones, tendencias y causalidades entre la percepción de riesgo de zoonosis y las prácticas cinegéticas llevadas a cabo, el tipo de animal cazado (caza mayor o menor), la frecuencia de caza y las medidas de protección personal usadas. Se obtuvieron 150 respuestas. Del total de los encuestados, un 75,3% está más expuesto a contraer una enfermedad zoonótica por cazar animales como jabalíes y cerdos salvajes que,

por los patógenos que portan, representan un alto riesgo zoonótico. Sin embargo, solo un 11% del total utiliza elementos de protección personal frecuentemente, y un 2% percibe como alto al riesgo de contraer enfermedades al cazar, manipular o consumir animales silvestres. En relación al consumo, más del 75% de los cazadores toma recaudos para garantizar la seguridad de la carne, y un 22% remarca la importancia de realizar análisis previos al consumo para descartar enfermedades como la Triquinosis. La percepción del riesgo no coincide con el riesgo real, aun cuando el 81% de los encuestados expresó conocer el término “zoonosis”. Existe la oportunidad de mejorar el panorama actual mediante la promoción de prácticas seguras, educación sobre zoonosis, sus riesgos, síntomas, consecuencias a largo plazo e impactos, así como también fomentar el uso de elementos de protección personal para minimizar el riesgo de contagio al manipular los animales silvestres. Se debe reforzar la importancia del cuidado entre el cazador, el círculo que lo acompaña a cazar, y la sociedad con la que se relaciona.

Prevalencia de coccidiosis aviar e identificación molecular de especies en granjas de agricultura familiar de Argentina y Chile

BRITZ, JD^{1,2}; TOMAZIC, ML^{1,3}; PISÓN MARTÍNEZ, ML¹; BARBANO, P⁴; CANTÍN, B⁵; ALEGRÍA-MORÁN, R⁶; RAMÍREZ-TOLOZA, G⁵; RODRÍGUEZ, AE⁷

¹Instituto de Patobiología Veterinaria (IPVET), INTA-CONICET ² Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Cátedra de Parasitología. Buenos Aires, Argentina. ³ Universidad de Buenos Aires. Facultad de Farmacia y Bioquímica. Cátedra de Biotecnología. Buenos Aires, Argentina. ⁴ Estación Experimental Agropecuaria, Luján, (INTA) ⁵ Universidad de Chile, Facultad de Cs. Veterinarias y Pecuarias, Laboratorio de Parasitología y Enfermedades Parasitarias. Santiago de Chile (SC), Chile ⁶ Escuela de Medicina Veterinaria, Sede Santiago, Facultad de Recursos Naturales y Medicina Veterinaria, Universidad Santo Tomás, SC, Chile; ⁷ Instituto de Patobiología (IP), IPVET, INTA-CONICET.

La coccidiosis es una enfermedad causada por protozoos del género *Eimeria* spp. Desde hace tiempo se reconocen 7 especies que parasitan una región intestinal específica en pollos y gallinas. Esta enfermedad produce grandes pérdidas productivas; sin embargo, tanto su prevalencia como las especies circulantes son poco conocidas en la agricultura familiar (AF) de Argentina y Chile. El objetivo de este trabajo fue evaluar la prevalencia de *Eimeria* spp. e identificar las especies infectantes en producciones de carne y de huevo en granjas de AF. Se tomaron 96 muestras de materia fecal (MF) y 9 intestinos de granjas ubicadas en el Área Metropolitana de la ciudad de Buenos Aires y en la provincia de Buenos Aires en Argentina (ARG); y en la Región Metropolitana de Santiago y Región O'Higgins de Chile (CH), todas las regiones ubicadas en la misma latitud (-33.0000, -37.5000). Se realizó: i. El diagnóstico por cuantificación de los ooquistes por gramo de MF (OPG); ii. La observación macroscópica de las lesiones intestinales y se les asignó un puntaje (G0-G4) según la escala de Johnson & Reid; iii. La observación microscópica de estadios parasitarios a partir de raspajes seriados de la mucosa intestinal; iv. La valoración de signos y síntomas de las aves durante los muestreos; y v. La identificación de especies en simultáneo mediante PCR- múltiple (PCR-m) previa purificación mediante flotación en solución sobresaturada de NaCl (D=1,2 g/ml) en muestras con más de 10⁵ ooquistes de *Eimeria* spp. La prevalencia general hallada fue de 85,4%, siendo 100,0% en granjas de producción de carne y 75,0% y 89,7% en producciones de huevos ARG y CH, respectivamente. Se encontraron diferencias significativas ($p < 0,05$) en los valores de OPG entre los dos tipos de producción en ARG. La mayor

proporción (63,8%) de OPGs hallada fue de niveles bajos (< 1.000). El 13,8% arrojó valores negativos; 10,6% valores entre 1.001-5.000; y 11,7% valores altos (> 5.001). La valoración de lesiones intestinales varió desde G0 a G3; sin embargo, se hallaron formas parasitarias y ooquistes en todas las partes analizadas. Los signos y síntomas registrados principalmente fueron: diarreas con sangre, tamaño disparejo, apatía y plumas erizadas, los mismos se observaron solamente en las aves de producción de carne ARG. En las producciones de huevo de ambos países se hallaron valores bajos de ooquistes y aves con baja sintomatología; sin embargo, en las producciones de carne la coccidiosis resultó ser relevante con valores de OPGs altos y presencia de signos y síntomas lo que indica una fuerte presencia de *Eimeria* spp. en este tipo de producción. Se hallaron por PCR-m las 7 especies, y su prevalencia general en las granjas relevadas fue: *E. mitis* (70,3%), *E. acervulina* (62,2%) y *E. tenella* (59,5%) seguido de *E. maxima* (43,2%), *E. praecox* (32,4%), *E. necatrix* (18,9%) y *E. brunetti* (5,4%). No se encontraron diferencias significativas ($P = 0,9764$) entre ambos tipos de producciones. Se concluye que la coccidiosis aviar es altamente prevalente en ambos sistemas productivos de la AF de ARG y CH analizados en este trabajo, pudiendo manifestarse la enfermedad tanto en su forma clínica como subclínica. La distribución de especies mostró una gran diversidad y demuestra la importancia de las herramientas moleculares para la detección certera de las especies de *Eimeria* aún en casos asintomáticos. Este trabajo constituye un aporte importante para el diseño de novedosas y mejores estrategias profilácticas en este tipo de producciones.

Caracterización molecular de *Anaplasma marginale*: diversidad de variantes en un contexto libre del vector garrapata

PÉREZ, AE¹; CANTÓN, GJ²; GUILLEMI, EC¹; FARBER, MD¹

¹Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO) INTA-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina

²Instituto de Innovación para la Producción Agropecuaria y el Desarrollo Sostenible (IPADS), INTA Balcarce-CONICET, Balcarce (7620) Argentina.

Anaplasma marginale es una bacteria intracelular obligada que infecta los eritrocitos de rumiantes y de algunas otras especies. La anaplasmosis produce cuadros de anemia que pueden comprometer la vida de los animales infectados y generan pérdidas económicas a la producción ganadera. En Argentina, la anaplasmosis es endémica en la región norte debido a su asociación con la garrapata *Rhipicephalus microplus* que actúa como vector biológico de *A. marginale*. Fuera del área de distribución de la garrapata, la bacteria puede transmitirse de forma iatrogénica además de por otros vectores hematófagos. El objetivo de este trabajo fue estudiar la diversidad genética de *A. marginale* en bovinos de un rodeo para carne del partido de Lincoln (provincia de Buenos Aires), donde la garrapata *R. microplus* no está presente. El trabajo incluyó muestras correspondientes a 2 años: una del 2019, año en el cual se presentó un brote de anaplasmosis en un rodeo de toros, con una elevada mortandad. Luego, en el año 2021 se estudiaron muestras de sangre de otros 20 toros clínicamente sanos, que habían convivido inicialmente en el rodeo afectado en 2019. Se extrajo ADN a partir de 400 µl de sangre bovina con kit comercial (Inbio Highway). Se detectó *A. marginale* por medio de la amplificación

del gen *msp1β* y luego se realizó la cuantificación del agente con PCR en tiempo real. Por último, sobre las muestras positivas se amplificó, clonó y secuenció un fragmento del gen *msp1α* que contiene repeticiones en tándem ampliamente utilizadas en la epidemiología molecular de *A. marginale*. Se detectaron 15 animales positivos además del caso 2019. En la muestra del brote se detectó un solo genotipo circulante mientras que en los animales de 2021 se detectaron dos genotipos distintos del anterior. Además, la cuantificación mostró que el caso 2019 tenía una alta carga de *A. marginale* en contraste con los animales analizados en 2021 que presentaron niveles de bacteriemia equivalentes a infecciones crónicas. Estos resultados sugieren que existiría una circulación activa de *A. marginale* a pesar de no estar presente la garrapata en la región. Los niveles de bacteria en sangre detectados en los animales clínicamente sanos sugieren que estos individuos serían sostenedores y fuentes de infección de la anaplasmosis. La transmisión entre bovinos sería responsable de eventos de superinfección que se ven reflejados en la coexistencia de más de un genotipo en un mismo hospedador.

Prevalencia de *Escherichia coli* shigatoxigénico (STEC) en ganado bovino. Revisión sistemática y metaanálisis de artículos científicos

GRACIANO, L.¹; BENTANCOR, A.B.²; CUNDON, C.C.²; DEGREGORIO, O.J.¹

¹Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria. Cátedra de Salud Pública. Buenos Aires, Argentina. ²Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Veterinarias. Instituto de Investigaciones en Epidemiología Veterinaria. Cátedra de Microbiología. Buenos Aires, Argentina.

Escherichia coli shigatoxigénico (STEC) es un patógeno zoonótico de relevancia en salud pública por ser agente causal de síndrome urémico hemolítico (SUH). La transmisión es fecal-oral a través de los alimentos contaminados y, en particular la carne cruda se asocia con el 50% de los casos de SUH. El ganado bovino es el principal reservorio de STEC O157 y no-O157. En esta especie se han reportado prevalencias muy variables, con valores por encima del 40%. Por esta razón, se realizó una revisión sistemática y metaanálisis con el objetivo de evaluar la prevalencia de STEC en bovinos productores de carne. Se incluyeron en el estudio artículos científicos que evaluaron la prevalencia de STEC en bovinos en pie utilizados para la producción de carne sin signos de enfermedad. Se consideraron animales positivos a aquellos cuyas muestras de hisopados anorrectales y de materia fecal fueron positivas a STEC. Se incorporaron artículos que detallaron el tamaño de la muestra, los datos del sistema de producción y se consideraron estudios descriptivos y observacionales transversales publicados en inglés o en español entre enero de 2010 y enero de 2024. Los repositorios bibliográficos utilizados fueron PubMed, ScienceDirect, Scielo, Redalyc y el Sistema Nacional de Repositorios Digitales. El proceso de revisión tuvo tres fases. La primera fue de identificación y se excluyeron los artículos según criterios a partir

del título y resumen. La segunda fue de análisis y se examinaron los artículos en su totalidad. La última fase fue de inclusión final de artículos. Para analizar las prevalencias reportadas, se hizo un metaanálisis de proporciones. Se usó el método de transformación de arcoseno y se ejecutó la función *metaprop* en el programa RStudio®. En los resultados se usó un modelo de efectos aleatorios y se cuantificó la heterogeneidad con el estadístico I^2 . Se consideró baja con valores < 50%, moderada con 50-75% y alta con > 75%. Se analizaron 1767 artículos, en la identificación se excluyeron 1394 por el título y 267 por el resumen. En la etapa de análisis completa de los artículos se excluyeron 83 y al finalizar el proceso de revisión, se incluyeron 23 artículos. Para un mejor análisis, se desglosaron los artículos en 49 registros en una base de datos. Se separaron como distintos reportes de un mismo autor aquellos resultados con distintas etapas de muestreo. Con un 95% de confianza se estimó una prevalencia total de 29,37% ($p < 0,001$) con un I^2 de 98,9%. La elevada heterogeneidad podría estar explicada por diversos factores, entre ellos la diversidad en el diseño de los estudios. Sería interesante investigar esta característica según la calidad de los artículos y las modificaciones del efecto mediante el análisis de subgrupos.