IV CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

MEMORIAS - 2019

Construyendo puentes para la conservación en Latinoamérica

16 AL 19 DE JULIO, 2019- SAN JOSÉ, COSTA RICA

INDICE

Información General 3–6
Mesa Directiva 3
Comité Organizador 4
Comité Científico 5
Comité Editorial 6

Ponencias 7–76
Magistrales 7-9
Moderadores 10
Orales 11–35
Tipo Cartel 36–76

Organización 77-78
Instituciones Organizadoras 77
Instituciones Auspiciadoras 78

MESA DIRECTIVA

Gerardo Suzán, *Presidente, México*

Pedro Enrique Navas-Suárez, *Vice Presidente, Colombia*

Andrea Chaves, *Secretaria, Costa Rica*

Marina Galvão Bueno, *Secretaria, Brasil*

Pablo Regner, *Tesorero, Argentina*

Luis Fernando Guerra, *Tesorero, Guatemala*

Gilbert Alvarado, *Representante Estudiantil, Costa Rica*

IV CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

CONSTRUYENDO PUENTES PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

COMITE ORGANIZADOR

Andrea Chaves, *Coordinadora, UC Davis, Awá Science & Conservation - Costa Rica*

Alejandra Calderón Hernández, *Universidad Nacional, Costa Rica*

Kinndle Blanco, *Universidad Nacional, Costa Rica*

Sofía Bernal Valle, *Universidad Federal Rural de Pernambuco, Brasil*

Paloma Alcázar, *Awá Science & Conservation - Costa Rica*

Luis Fernando Guerra, *Wildlife Conservation Society - Guatemala*

Jorge Rojas, *Nãí Conservation - Costa Rica, Awá Science & Conservation - Costa Rica*

Gilbert Alvarado, *Universidad de Costa Rica*

COMITE CIENTIFICO

Andrea Chaves, *UC Davis, Awá Science & Conservation - Costa Rica*

Alejandra Calderón Hernández, *Universidad Nacional, Costa Rica*

Kinndle Blanco, *Universidad Nacional, Costa Rica*

Marina Galvão Bueno, *Fundación Oswaldo Cruz, Brasil*

Mario Baldi, *Universidad Nacional, Costa Rica*

Randall Arguedas, *Awá Science & Conservation - Costa Rica*

Oscar Rico-Chávez, *Universidad Nacional Autónoma de México*

Rafael Ojeda, *Universidad Nacional Autónoma de México*

Antonio Abella, *Universidad Nacional Autónoma de México*

Sonia Hernández, *Universidad de Georgia, USA*

Fernando Esperón, *Centro de Investigación en Sanidad Animal (INIA-CISA), España*

Javier Millán, *Universidad Andrés Bello, Chile*

IV CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

CONSTRUYENDO PUENTES PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

COMITE EDITORIAL

Andrea Chaves, *Coordinadora, UC Davis, Awá Science & Conservation - Costa Rica*

Kinndle Blanco, *Universidad Nacional, Costa Rica*

Alejandra Calderón Hernández, *Universidad Nacional, Costa Rica*

Sofía Bernal Valle, *Universidad Federal Rural de Pernambuco, Brasil*

PONENTES MAGISTRALES

Conservation Medicine and Transdisciplinarity: Gaps in Science and Policy in Wildlife Health and Conservation

Dr. A. Alonso Aguirre, Universidad George Mason, aaguirr3@gmu.edu

El Dr. Alonso Aguirre es director y profesor asociado del Departamento de Ciencia y Política Ambientales de la Universidad George Mason en Virginia. Ha desarrollado un programa de investigación colaborativa que adopta un enfoque ecológico que permite comprender las enfermedades en vida silvestre y sus vínculos con la conservación y la salud humana. Sus investigaciones han sido fundamentales para revelar el impacto de las enfermedades emergentes en poblaciones de fauna marina. Alonso es biólogo y veterinario especializado en vida silvestre, cofundador de la disciplina emergente de Medicina de la Conservación. Cofundador de la revista EcoHealth y de la Asociación Internacional de Ecología y Salud. Ha publicado más de 160 artículos, libros y capítulos. Actualmente es coeditor de la revista EcoHealth y editor asociado de Journal of Wildlife Diseases y European Journal of Wildlife Management.

Urban Wildlife Disease Ecology is the New Frontier

Dra. Sonia Hernández, Universidad de Georgia, shernz@uga.edu

La Dra. Sonia M. Hernández es Médico Veterinaria (Louisiana State University; 1996) y cuenta con un doctorado en Ecología (University of Georgia; 2008). Es profesora e investigadora en la Universidad de Georgia, donde desarrolla proyectos de investigación vinculados con la interacción entre la salud humana, animal y del ecosistema. Además, imparte cursos relacionados con estas temáticas en otras instituciones, tanto en EEUU como en Latinoamérica. Ha publicado al menos 87 artículos científicos, es autora de tres libros y ha participado en la escritura de capítulos en 15 obras.

Parasitología ambiental: parásitos de vertebrados como bioindicadores de la salud ecosistémica

Dra. Jaqueline Bianque de Oliveira, Universidad Federal Rural de Pernambuco, bianque01@yahoo.com.br

La Dra. Jaqueline Bianque de Oliveira es Médico Veterinaria con maestría y doctorado en Parasitología Veterinaria. Es profesora e investigadora en la Universidade Federal Rural de Pernambuco – Brasil, donde desarrolla proyectos de investigación enfocados en parásitos, medicina de la conservación y Una Salud. Ha actuado como tutora de tesis de maestría y doctorado en programas de posgrado en Brasil y Costa Rica y ha publicado diversos artículos científicos sobre parásitos de mamíferos, aves, peces y de la herpetofauna *in situ* y *ex situ*.

El paisaje como unidad funcional para la restauración de servicios ecosistémicos y ecosalud

Dr. Gerardo Suzán, Universidad Nacional Autónoma de México

Gerardo Suzán es Médico Veterinario Zootecnista y Maestro en Ciencias (Ecología) por la UNAM, tiene un Doctorado en Biología por The University of New Mexico y un Posdoctorado en Medicina de la Conservación en Wildlife Trust en EUA. Su línea

IV CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

CONSTRUYENDO PUENTES PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

PONENTES MAGISTRALES

de investigación se ha centrado en la Ecología de Enfermedades y la Medicina de la Conservación y sus estudios han sido desarrollados en diferentes países incluyendo Estados Unidos de América, Costa Rica, Panamá, México y Brasil. Tiene más de 70 publicaciones en revistas nacionales e internacionales indizadas. Actualmente es profesor titular "C" de Tiempo Completo en la FMVZ de la UNAM, es Investigador Nacional SNI Nivel 2. Fue punto focal en fauna silvestre en México de la Organización Internacional de Epizootias (OIE) 2010-2013. Es miembro del comité científico de especies invasoras de CONABIO y es miembro de varios comités científicos de ECOHEALTH, DIVERSITAS y FUTURE EARTH. Es asesor especialista de la Autoridad Científica CITES, del subcomité de fauna silvestre del Comité Nacional Salud Animal (CONASA) y es editor asociado de la revista"Ecohealth" y Veterinaria México. Es miembro del "Center for Synthesis and Analysis of Biodiversity " (CESAB) en Francia. Pertenece al comité director de la "International Association for Ecology and Health" (IAEH) y es presidente de Wildlife Diseases Association (WDA) para Latinoamérica. Es Presidente y Fundador de la Asociación Mexicana de Medicina de la Conservación "KALAANKAB, A.C." http://www.kalaankab.org/ . Es miembro de la Academia Veterinaria Mexicana A.C. Ha dirigido 48 tesis (21 de licenciatura, 21 de maestría y 6 de Doctorado).

O surto (*brote*) de Febre Amarela que ocorreu no Brasil entre 2016 - 2017

Dr. José Luiz Catão, Universidad de Sao Paulo, zecatao@usp.br

Dr. José Luiz Catão tiene como área de interés la Patología Comparada de Vida Silvestre y la Medicina Veterinaria de la Conservación. Actualmente es profesor titular de Patología Comparada de la Universidad de São Paulo. Ejerció como Director Técnico-Científico de la Fundación Parque Zoológico de São Paulo (2001-2007). Fue coordinador del programa de Protección a la Fauna del Estado de São Paulo (2005-2007). Actúa con el énfasis en Patología Comparada de los Animales Silvestres enfocado en enfermedades infecciosas, Una Salud y Medicina Veterinaria de la Conservación. Es uno de los editores de dos ediciones (2007; 2014) del "Tratado de Animais Selvagens: Medicina Veterinária". Fue Presidente de la Comisión de Investigación de la FMVZ-USP (2012-2015) y Presidente de la Sección LATINOAMÉRICANA de "Wildlife Disease Association" (2013-2015). Actualmente es el jefe del Departamento de Patología de la FMVZ-USP y miembro titular de los comités "Student Award" y "Nomination" de Wildlife Disease Association.

Aplicaciones ecológicas para el estudio de enfermedades zoonóticas

Dr. Carlos Zambrana Torrelio, EcoHealth Alliance, zambrana@ecohealthalliance.org

Carlos Zambrana-Torrelio es un ecologo originalmente de Bolivia donde realizó su pre-grado estudiando el impacto del uso de la tierra sobre la diversidad de aves. Tiene una Maestría de la Universidad de Puerto Rico en Ecología Evolutiva y un Doctorado de la Universidad La Sapienza en Roma en Ecología Ambiental. Actualmente es Vice Presidente Asociado de Conservación y Salud en EcoHealth Alliance, una ONG con base en Nueva York. Su investigación se enfoca en entender cómo la diversidad biológica -desde virus hasta ecosistemas- responden a actividades humanas. Carlos tiene más de 40 publicaciones en diferentes revistas incluyendo The Lancet, Nature, PNAS, Nature Communications y Trends in Ecology and Evolution. Es miembro de UICN donde participa activamente en el desarrollo de la Lista Roja de Ecosistemas y además lidera el grupo de Salud Humana y Manejo de Ecosistemas. En los últimos años su trabajo se ha enfocado en políticas públicas en temas de conservación y salud pública a través de IPBES y la CBD.

PONENTES MAGISTRALES

Exposición a plaguicidas y efectos fisiológicos en vertebrados silvestres de Costa Rica

M.Sc. Freylan Mena Torres, Universidad Nacional, freylan.mena.torres@una.cr

El M.Sc. Freylan Mena, biotecnólogo y máster en Microbiología. Es académico de la Universidad Nacional y profesor de las maestrías de Ecotoxicología Tropical y Medicina de la Conservación. Cuenta con amplia experiencia en el campo de la ecotoxicología, con especial énfasis en la evaluación de bioindicadores. Ha publicado 11 artículos científicos y ha participado en la escritura de capítulos de dos obras.

IV CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

CONSTRUYENDO PUENTES PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

MODERADORES - PONENCIAS ORALES

Eliana Reiko Matushima, *Universidad de São Paulo, Brasil*

Oscar Rico Chávez, *Universidad Autónoma de México*

Gerardo Acosta-Jamett, *Universidad Austral de Chile*

Alexander Genoy-Puerto, *Universidad de las Américas de Ecuador*

Gaby Dolz, *Universidad Nacional de Costa Rica*

Fernando Esperón, *Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Madrid, España*

RESÚMENES - PONENCIAS ORALES

Programa de vigilancia epidemiológica en poblaciones de tití gris *Saguinus leucopus* en Colombia, una estrategia para su conservación

Luz Dary Acevedo Cendales[1], Paula Andrea Moreno-Merchan[1], William Yezid Bonell-Rojas[1], Mario Alvarez Rincón[1], David Enrique Geiszler Monsalve[1], Azucena Cabrera Jaramillo[2], Santiago Monsalve Buriticá[2], Nelson Javier Jurado Briceño[3], Claudia Brieva[3], Nubia Estela Matta Camacho[3], German Forero[1].

1. Wildlife Conservation Society; 2. Corporación Universitaria Lasallista; 3. Universidad Nacional de Colombia.

Ponente: Luz Dary Acevedo Cendales, ldacevedo@wcs.org

El tití gris (*Saguinus leucopus*) es un primate endémico y amenazado de Colombia (debido a su distribución restringida, acelerada degradación de hábitat y vulnerabilidad a la cacería y al tráfico). Desde 2012, WCS evalúa el estado de poblaciones silvestres a lo largo de su distribución, en colaboración con otras entidades. Luego de un período de condicionamiento a jaulas de activación manual se capturaron 107 individuos de aproximadamente 19 grupos familiares provenientes de seis localidades a lo largo de su distribución en el Magdalena Medio Colombiano (Puerto Rico - Bolivar, Puerto-Berrío, Remedios y Anorí - Antioquia, Norcasia - Caldas, Mariquita - Tolima). Se realizó valoración clínica, toma de muestras, morfometría e identificación (temporal) bajo estado de sedación moderada. Los valores del cuadro hemático y química sanguínea (ALT, AST, FA, glucosa, bilirrubina, creatinina, úrea, y NUS) fueron considerados similares a los reportados en condiciones *ex situ* e *in situ* para otros calitrícidos. Se identificaron protozoos del género *Eimeria* spp., diferentes estados larvarios de Ancylostomatideos y *Strongylus cebus.* De igual manera se confirmó la presencia de *Prosthenorchis elegans.* Además se detectaron microfilarias en sangre. Para la población de Anorí se evaluó la amplificación de fragmentos de genes de bacterias de interés clínico (16S rRNA), *Leptospira* (serología y amplificación de un fragmento del gen lipL32), Hepatitis B (Genotipo D (HBcAg, Subtipo ayw3). La totalidad de los análisis inmunodiagnósticos y moleculares ofrecieron resultados negativos. Se estandarizaron parámetros fisiológicos de referencia para la especie, los valores atípicos fueron excluidos. La evaluación de estas poblaciones muestra grupos aparentemente sanos y en equilibrio con agentes y parásitos a los que están expuestos permanentemente. La presencia de amenazas en las poblaciones aumentaría el riesgo de enfermedad si no se mantiene la vigilancia epidemiológica y estrategias para su conservación.

Epidemiological Study of a Reintroduction Project: Northern Bald Ibis (*Geronticus eremita*)

Yolanda Ramiro[1], Maricruz Camacho[1], Miguel A. Quevedo[2], Íñigo Sánchez[2], José Manuel López[3], Ursula Höfle[1]

1. Instituto de Investigación en Recursos Cinegéticos; 2. Zoobotánico Jerez; 3. Consejería de Medio Ambiente y Ordenación del Territorio de la Junta de Andalucía

Ponente: Yolanda Ramiro, yolanda.ramiro@uclm.es

The Northern Bald Ibis is one of the most threatened bird species in the world. Fortunately, a reintroduction project in southwestern Spain has been successfully accomplished generating a breeding colony. Yearly, new zoo-reared juveniles are released for reinforcing this population and offspring of the independent free-living colony are ringed. This creates an exceptional opportunity to compare the different pathogen exposure of nestlings from two origins: an epidemiological hotspot as a zoo (avian/human pathogens), and a natural environment (wetland/migratory bird passage). We evaluated the health status of these populations and hypothesized that the captive-reared bird introduction could lead to a potential risk to the wild

population. Blood samples and cloacal swabs were taken from nestlings from the free-living colony (n=21) and Jerez-Zoo (n=25). We tested the exposure to several viruses by commercial blocking ELISAs, and the presence of avian enterobacteria by multiplex PCR. All *Escherichia coli* isolates were phenotypically screened for resistance against antibiotics. All procedures were carried out under the guidelines and animal welfare ethical code of the Regional government. Hand-raised nestlings showed a significantly higher avian pathogenic *E. coli* (APEC) prevalence (44%) than free-living nestlings (5%; $p<0.01$). While *Samonella* spp. was not isolated. Gentamicin resistance of *E. coli* was significantly more frequent in hand-reared (80%) than in wild nestlings (50%; $p<0.05$). West Nile Virus seroprevalence was significantly higher in free-living (86%) than in captivity nestlings (52%; $p<0.05$). The prevalence of antibodies against Newcastle Disease Virus was 100% in both populations. However, Avian Influenza Virus antibodies were only detected in hand-reared nestlings (8%). The results confirm the Flaviviruses exposure on wild ibis, and the risk of acquiring APEC and resistant bacterial strains in captive settings. Thus, this work shows the importance of health-screening in ex-situ conservation programs, and the use of monitored populations of reintroduction projects in wildlife health surveillance.

Wildlife tourism in Latin America: taxonomy and conservation status

Roberto Vieto[1], Mauricio Forlani[1]
1. World Animal Protection

Ponente: Roberto Vieto, rvieto@worldanimalprotection.org

We provide an initial insight into the extent, occurrence and characteristics of wildlife tourism involving close interactions with free-ranging, non-domesticated, animals outside of formal captive environments across Latin America. Using information provided online via TripAdvisor, we found this type of tourism was occurring across the region (advertised on 249 wildlife tourist attraction webpages across 21 countries) and involved a diverse range of wild animals (73 species, including 19 currently considered as threatened by the IUCN). Opportunities for direct contact with wild animals were particularly prevalent (54% of all surveyed webpages). Despite the potential economic benefits, studies have indicated that these types of ecotourism are potentially having yet negative impacts on wildlife conservation and welfare. Mammals classified as Least Concern featured most commonly in tourist photos, but our analyses suggest that mammals and species classified as Vulnerable on the IUCN Red List were most likely to occur in these types of wildlife tourist attractions (WTAs). Amphibians and species classified on the IUCN Red List as Data Deficient or Critically Endangered were least likely. Given the growing nature of the wildlife tourism sector, we provide recommendations to help effectively balance and manage wider wildlife protection goals and growing tourist interest in wildlife. World Animal Protection is addressing this issue within its wildlife global campaigns (wildlife used in tourism or as pets), with a primary focus on Animal Welfare and including aspects of conservation and human health related to this proximity between wildlife and people, and the risks for both.

RESÚMENES - PONENCIAS ORALES

Electrocución en perezosos: Abordaje clínico, daños permanentes y su reintroducción a la naturaleza

Janet Sandi Carmiol[1], Sam Trull[2]
1. Fundación Toucan Rescue Ranch; 2. The Sloth Institute

Ponente: Janet Sandi Carmiol, janet@toucanrescueranch.org

Considerando la incidencia tan alta de perezosos electrocutados que ingresan a los centros de rescate en Costa Rica, es importante definir hasta qué punto estos animales son o no aptos para volver a su hábitat, considerando que en su gran mayoría terminan con lesiones permanentes como amputaciones o falta de movilidad de algún miembro. Los casos de estudio fueron tres perezosos de la especie *Choloepus hoffmanni* adultos silvestres que perdieron miembros de forma total o parcial durante el accidente eléctrico, que llegaron al centro de rescate traídos por autoridades de vida silvestre de Costa Rica (Ministerio de Ambiente y Energía) muy débiles y deshidratados debido al tiempo que llevaban heridos, con necrosis, gusaneras e infecciones importantes y que con tratamientos, cirugías, cultivos de seguimiento, y terapia física se logró su rehabilitación. Una vez que estos animales se encontraban listos para la reintroducción se les colocaron collares de rastreo y se monitorearon durante al menos 6 meses posterior a su liberación para comprobar su adaptabilidad al medio con sus respectivas discapacidades. En los tres casos se comprobó que estos animales tienen una gran capacidad de adaptación y pueden llevar una vida normal a pesar de su condición.

Health parameters and ecomorphology of the Berthold's bush anole (*Polychrus gutturosus*) in Costa Rica: preliminary data

Randall Arguedas[1,2], Marco D. Barquero[2], Lizbeth Ovares[1], Rodolfo Vargas[4], Viviana P. Arguedas[5]

1. Zoológico Nacional Simón Bolívar, 2. AWA Science & Conservation; 3. Sede del Caribe, Universidad de Costa Rica; 4. Refugio Herpetológico de Costa Rica; 5. Sede de Atlántico, Recinto de Paraíso, Universidad de Costa Rica

Ponente: Randall Arguedas, ranarg@gmail.com

The measurement of morphometric and physiological data such as temperature, biochemical and hematological parameters can serve as a valuable tool for evaluating and monitoring the health of wild reptile populations. The Berthold´s bush anole is an arboreal and diurnal lizard distributed from Honduras to Ecuador. This species is rarely seen though there is an important lack of information about this species. The lizards were located at night when they were sleeping in the shrubs or trees, then distance skin temperature were measured while they were resting. Immediately the animals were captured by hand and cloacal temperature was measured. Temperatures were used to correlate them with muscular enzimes (AST and CK). After that, they were weighted, a blood sample was taken from the ventral coccygeal or the jugular vein. Later a physical examination and then standard morphometric measurements were performed. Finally a pit tag was placed in the left inguinal area. At this moment we have processed 24 individuals (12 males and 12 females), but the total expected sample is 35 individuals. The blood was taken in heparin tubes, and smears were done immediately. Hematology was done manually using Natt and Herrick solution (1/200) for RBC, WBC and TBC. Biochemistry was performed on an automated equipment (Cobas c111 Roche). Preliminary results from hematological values were Htc 32.33(±4.85)%, RBC 0.97 (±0.21)*10^6µL, WBC 20.03(±6.05)*10^3 µL. Lymphocytes were the most common leucocyte 15.06(±4.62)*10^6µL, followed by heterophils 2.51(±1.27)*10^6µL, monocytes 1.75 (±1.16)*10^6µL, eosinophils 0.66(±0.69)*10^6µL and basophils 0.09(±0.13)*10^6µL. Intraerythrocytic hemoparasites

were found in seven individuals. Biochemistry results were total protein 7.51(±0.75) g/dL, Albumin 1.66 (±0.63) g/dL, AST 41.34 (±28.73) U/L, CK 1623,15(±1604.06) U/L, Ca 3.43(±1.31) mmol/L Glucose 208.79 (±30.68) mg/dL. Without an understanding of typical species-specific variation in physiological parameters, researchers are unable to identify potential effects of disease or other changing environmental conditions.

Detección serológica de virus de Influenza A en cerdos asilvestrados del Sureste Mexicano

Brenda Aline Maya Badillo[1], Rafael Ojeda Flores[1], Andrea Chaves Ramírez[2], José Iván Sánchez Betancourt[3]

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia - Universidad Nacional Autónoma de México; 2. Universidad de California, Davis; 3. Departamento de Medicina y Zootecnia de Cerdos, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia - Universidad Nacional Autónoma de México

Ponente: Brenda Aline Maya Badillo, mayis.bamb20@gmail.com

El cerdo asilvestrado (*Sus scrofa*), cerdo doméstico, jabalí europeo e híbridos de estos, que por razones antropogénicas dejan el cautiverio y se convierten en asilvestrados, son considerados poblaciones invasoras y de alto riesgo para ambientes conservados. Están conformados por grupos numerosos que, por sus hábitos omnívoros, son capaces de alterar hábitats naturales depredando especies nativas de flora y fauna. Dada su rusticidad, la resistencia a enfermedades infecciosas es mayor. Dentro de las enfermedades virales emergentes y reemergentes asociadas con ellos, influenza A se encuentra dentro de las de mayor relevancia por las características ecológicas y evolutivas características del virus, complementariamente, las características del cerdo asilvestrado pueden ser clave en el establecimiento de nuevas interacciones biológicas. En México y Latinoamérica existen pocos trabajos relacionados con cerdos asilvestrados, especialmente, enfocados a enfermedades infecciosas. Debido a este vacío de información decidimos determinar si la población de cerdos asilvestrados del sureste mexicano está participando en la transmisión y mantenimiento de virus de influenza. Fueron tomadas muestras de sangre de 61 cerdos asilvestrados en la región de Laguna de Términos, en colaboración con la Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas, cazadores y personas locales, durante el periodo de mayo a octubre de 2018. Con las muestras de suero se determinó la presencia de anticuerpos a través de la técnica de inhibición de la hemoaglutinación. Se encontró anticuerpos contra subtipos de influenza H1N1 humano (en 13.11% de los animales), con títulos de 80 hasta 2560 UHA (Unidades Hemoaglutinantes), sugerentes a una infección reciente, para H1N1 porcino (8.19%) y para H5N2 aviar (1.63%), lo que sugiere el contacto de cerdos asilvestrados con virus de influenza A de importancia médica humana y veterinaria. Estos resultados plantean la existencia de una fuerte interacción viral entre cerdos asilvestrados que se encuentran en contacto con los humanos, animales silvestres y domésticos.

RESÚMENES - PONENCIAS ORALES

Detección de anticuerpos contra virus de influenza a aislados en patos silvestres en una interfaz con aves y cerdos de traspatio

Cecilia Montoya Carrillo[1], Jessica Mateus Anzola[1], Liliana Gaytán Cruz[1], Rafael Ojeda Flores[1], José Iván Sánchez Betancourt[2], René Alvaro Segura Velázquez[3]

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia - Universidad Nacional Autónoma de México; 2. Departamento de Medicina y Zootecnia de Cerdos, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia - Universidad Nacional Autónoma de Mexico; 3. Unidad de Investigación, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad Nacional Autónoma de México

Ponente: Cecilia Montoya Carrillo, montoya.carrillo.cess@gmail.com

Los sistemas de traspatio propician interacciones entre animales domésticos, silvestres y humanos favoreciendo la transmisión del virus de Influenza A (VIA). A pesar del papel de aves acuáticas como reservorios del VIA y la participación de cerdos y aves como amplificadores virales, se conoce poco acerca de la presencia de anticuerpos en animales de traspatio contra VIA aislados en patos silvestres en México. Por lo cual, el objetivo del estudio fue realizar diagnóstico serológico en cerdos y aves de traspatio en una interfaz con patos silvestres del Estado de México. El estudio se realizó en granjas localizadas en un radio de 6 Km de la Ciénega de Atarasquillo, un área natural protegida y zona de conservación de aves. Se obtuvieron 115 sueros porcinos y 86 aviares de nueve producciones durante la temporada invernal 2016-2017. Se realizó la prueba de inhibición de la hemaglutinación contra cinco subtipos de VIA aislados en patos silvestres de la Ciénega: A/Mexican_duck/Mexico/LermaUIFMVZ377/2016(H5N2), A/common_teal/Mexico/LermaUFMVZ80/2016(H5N2), A/northern_shoveler/Mexico/LermaUIFMVZ613/2016(H5N2), A/comon_teal/Mexico/LermaUIFMVZ465/2016(H3N2) y A/bluewinged_teal/Mexico/Lerma UIFMVZ322/2016(H1N1). En el caso de los porcinos, se obtuvo seropositividad del 60.7% y del 29% para los subtipos H1N1 y H3N2, respectivamente. No obstante, no se evidenciaron anticuerpos contra el subtipo H5N2. Por otro lado, en las aves de corral se presentó seropositividad del 62.1% para el subtipo H1N1 y 38% para el subtipo H3N2. Asimismo, se detectó una seropositividad del 7.5% contra el subtipo H5N2 aislado de un pato residente (*Anas platyrhyncos diazi*) y seroprevalencias del 36.7% y 4.4% contra las variantes del subtipo H5N2: LermaUIFMVZ613/2016 y LermaUIFMVZ80/2016. Estos resultados, indican la posible transmisión interespecie de VIA proveniente de aves migratorias, lo que resalta la importancia de estudios que permitan integrar la dinámica de la enfermedad en sistemas donde interactúan animales silvestres y domésticos, con el fin de establecer acciones de monitoreo y medidas de control.

Efecto del impacto antrópico sobre la respuesta inmune en roedores silvestres en una gradiente silvestre-periurbano en el norte de Chile

Luis Aguilar[1], Esperanza Beltrami[1], Claudio Verdugo[2,3], Gerardo Acosta-Jamett[1,3]

1. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias - Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 2. Laboratorio de Ecología y Evolución de Enfermedades Infecciosas (E3 Lab), Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias - Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 3. Programa de Investigación Aplicada en Fauna Silvestre, Facultad de Ciencias Veterinarias - Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile

Ponente: Gerardo Acosta-Jamett, gerardo.acosta@uach.cl

La modificación de los ambientes ocasionada por el ser humano genera múltiples

impactos en individuos silvestres afectando su adecuación biológica. El objetivo de este estudio fue determinar diferencias en parámetros hematológicos en roedores (*Phyllotis darwini*) en tres áreas con diferentes grados de antropización. En la primavera austral (septiembre-noviembre de 2018), con un esfuerzo total de 6835 trampas/noche se capturaron 163 ejemplares distintos, 64 en área silvestre, 43 en área rural y 56 en área periurbana de la región de Coquimbo, Chile. Cada animal capturado fue anestesiado con Isofluorano y se le determinó sexo, medidas morfométricas y peso. Con estas últimas medidas se calculó la condición corporal utilizando un índice de masa escalar (SMI). Se obtuvieron entre 75-150 ul de sangre, la cual fue depositada en tubos capilares heparinizados. Una gota se utilizó para realizar extendido, el que fue teñido con tinción rápida Hemacolor®. Posteriormente, se realizó un recuento diferencial leucocitario porcentual, sobre un conteo de 100 células en aumento de campo de inmersión (100X). Se calculó además la relación neutrófilo:linfocito (N:L). Se evaluó el efecto del área, sexo, edad y SMI sobre el porcentaje de linfocitos y neutrófilos mediante ANOVA y ANCOVA, y sobre N:L mediante regresión binomial negativa. Se observó un mayor porcentaje de neutrófilos, menor porcentaje de linfocitos y un mayor N:L en la zona silvestre en comparación con las otras dos áreas. Se observaron diferencias por edad, teniendo los adultos más neutrófilos, menos linfocitos y mayor relación N:L que los juveniles. No se encontró ninguna variable que explicara la variación de eosinófilos. Estos resultados podrían sugerir que los individuos de las áreas más intervenidas podrían adecuar su respuesta inmune debido al alto costo que esto conlleva, principalmente por la exposición constante a diferentes estresores. Fondecyt Nº 1180119. Permiso Bioética Nº 314/2108, Universidad Austral de Chile.

Impacto antrópico como predictor de la condición corporal e infestación por pulgas en roedores silvestres en una gradiente silvestre-periurbano en el norte de Chile

Esperanza Beltrami[1], Josefina Gutiérrez[2,3], Claudio Verdugo[2,3], Daniel González-Acuña[4], Gerardo Acosta-Jamett[1,3]

1. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias - Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 2. Laboratorio de Ecología y Evolución de Enfermedades Infecciosas (E3 Lab), Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias - Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 3. Programa de Investigación Aplicada en Fauna Silvestre (PIAFS), Facultad de Ciencias Veterinarias - Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 4. Laboratorio de Parásitos y Enfermedades de Fauna Silvestre, Departamento de Ciencia Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias - Universidad de Concepción, Chillán, Chile;

Ponente: Esperanza Beltrami, beltramiwoelkar@gmail.com

La modificación de ambientes ocasionado por el ser humano provoca cambios en el hábitat que puede afectar la adecuación biológica de hospederos silvestres. El objetivo de este estudio fue explorar la condición corporal y la infestación por pulgas en ejemplares adultos del roedor *Phyllotis darwini* en tres áreas (silvestre, rural y periurbana) con diferentes grados de antropización. En la primavera austral (septiembre a noviembre) de 2018 y con un esfuerzo total de 6835 trampas/noche, se capturaron 140 ejemplares adultos distintos, 71 en área silvestre, 27 en área rural y 42 en área periurbana de la región de Coquimbo, Chile. Cada animal fue anestesiado (inducción con sevoflurano, seguido de asociación ketamina-xilacina IM) para tomar muestras biológicas, determinando sexo, medidas morfométricas y peso. La condición corporal se calculó mediante un índice de masa escalar (SMI) que considera peso y longitud del animal. La carga de infestación se determinó como el número total de pulgas recolectadas durante 5 minutos de peinado exhaustivo en cada roedor. Mediante GLMM y GLM se evaluaron factores que podrían afectar el SMI,

la presencia/ausencia y la carga de infestación por cada animal. Se observó un menor SMI, una mayor probabilidad de encontrar roedores infestados y mayor carga de pulgas en el área periurbana. Este efecto fue mayor en machos, presentando el doble de individuos infectados y el triple de carga parasitaria que las hembras en el área periurbana. Estos resultados sugieren que cambios en el hábitat ocasionados por actividades antrópicas podrían estar alterando patrones de temperatura y humedad, así como la oferta alimentaria, los cuales podrían llevar a una menor condición corporal y facilitar la mayor infestación por pulgas. Este estudio fue financiado por proyecto Fondecyt Nº 1180119 y autorizado por permiso Bioética Nº 314/2108, Universidad Austral de Chile.

Ensamble de comunidades de ectoparásitos asociados a murciélagos bajo un gradiente de paisajes agropecuarios en Veracruz, México

Guillermo Orta Pineda[1], Oscar Rico Chávez[1], Ángel Rodríguez Moreno[1], Rafael Ojeda Flores[1]

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia - Universidad Nacional Autónoma de México

Ponente: Guillermo Orta Pineda, ortapg@outlook.com

La relación parásito-hospedero está influenciada por el ambiente, sin embargo, la comprensión de los efectos ambientales sobre el ensamble de parásitos en comunidades de murciélagos sigue siendo limitado. El objetivo del proyecto fue determinar el ensamble de comunidades de ectoparásitos asociadas a comunidades de murciélagos bajo un gradiente de paisajes transformados por actividades agropecuarias. El estudio se realizó en el centro y sur de Veracruz, México en ocho unidades de producción pecuaria con diferencias paisajísticas. De los ocho sitios, tres corresponden a pastizales inducidos, dos sitios presentaron un paisaje silvopastoril y tres sitios corresponden a un paisaje de tipo acahual. La diversidad de especies de murciélagos y ectoparásitos se calculó con el índice de Shannon. Con un ANCOVA se calcularon las pendientes de curvas de rango-abundancia por tipo de paisaje para determinar diferencias en el ensamble de ectoparásitos asociadas a murciélagos. Se capturaron 944 murciélagos, con una prevalencia de ectoparasitismo del 45.34%. Las especies de hospederos más abundantes en los diferentes paisajes fueron *Artibeus jamaicensis*, *Artibeus lituratus* y *Sturnira hondurensis*. Se realizó la identificación taxonómica de 1433 ectoparásitos. Se identificaron 35 especies, de las cuales resultaron las más abundantes *Trichobius costalimai* (Streblidae) y *Periglischrus iheringi* (Spinturnicidae). Se encontró una relación positiva entre la diversidad de hospederos y la diversidad de ectoparásitos, además, se encontraron relaciones negativas entre la abundancia relativa de algunas especies de ectoparásitos. El paisaje de tipo acahual presentó los valores más altos de diversidad de especies de murciélagos y de ectoparásitos. En este estudio, el ensamble de ectoparásitos asociados a murciélagos no responde al gradiente de paisajes transformados. Nuestros resultados sugieren que el tipo de paisaje puede proporcionar información importante sobre las relaciones entre murciélagos y ectoparásitos en sitios perturbados por la actividad pecuaria, un ecosistema que pese a su relevancia, es estudiado con poca frecuencia.

IV CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

CONSTRUYENDO PUENTES PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

RESÚMENES - PONENCIAS ORALES

Bocaparvovirus, Erythroparvovirus y Tetraparvovirus en Monos Neotropicales de Centroamérica

Andrea Chaves[1], Carlos N. Ibarra-Cerdena[2], Andrés M. López-Pérez[3], Otto Monge[4], Roberto Avendaño[5], Hilary Ureña-Saborío[5], Max Chavarría[6], Karla Zaldaña[7], Lucía Sánchez[7], Edgar Ortíz-Malavassi[8], Gerardo Suzán[3], Janet Foley[1], Gustavo A. Gutiérrez-Espeleta[4]

1. Department of Medicine and Epidemiology, School of Veterinary Medicine, University of California, Davis; 2. Departamento de Ecología Humana, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN (Cinvestav), Unidad Mérida; 3. Departamento de Etología, Fauna Silvestre y Animales de Laboratorio, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México; 4. Escuela de Biología, Universidad de Costa Rica; 5. Centro Nacional de Innovaciones Biotecnológicas (CENIBiot), CeNAT-CONARE; 6. Escuela de Química & CIPRONA, Universidad de Costa Rica; 7. Asociación Territorios Vivos El Salvador; 8. Escuela de Ingienería Forestal, Instituto Tecnológico de Costa Rica;

Ponente: Andrea Chaves, achaves@ucdavis.edu

Los géneros Bocaparvovirus (HBoV), Erytrhoparvovirus (B19) y Tetraparvovirus (PARV4) son los únicos parvovirus autónomos conocidos por estar asociados con primates humanos y no humanos, basados en investigaciones y casos clínicos de seres humanos alrededor del mundo y en primates no humanos de Asia y Africa. En este estudio evaluamos por primera vez la presencia de estos agentes patógenos en el Neotrópico, mediante la técnica de PCR en sangre y heces de 55 monos aulladores (*Alouatta palliata*), 112 monos de cara blanca (*Cebus imitator*), 3 monos ardilla (*Saimiri oersterdii*) y 127 monos araña (*Ateles geoffroyi*) de Costa Rica y El Salvador. Además, se determinaron posibles asociaciones entre positivos y las especies de primates, la dieta (omnívora o herbívora), el género (masculino y femenino) y la condición de manejo (cautiverio, liberada de cautiverio o de vida libre). En total el 3.7% de los monos fueron positivos a HBoV, 0.67% a B19 y 14.1% a PARV4. Cautiverio fue asociado con una mayor prevalencia a PARV4 . Género se asoció significativamente con la presencia de HBoV, donde los machos presentaron un riesgo de hasta nueve veces mayor en comparación con las hembras. Este trabajo resalta la importancia de futuras investigaciones dirigidas a comprender cómo se comportan estos virus en los entornos naturales del Neotrópico y qué variables pueden favorecer a su presencia y transmisión.

Diversidad genética y prevalencia de anticuerpos de parvovirus canino en carnívoros silvestres y domésticos de la Reserva de la Biosfera Janos, Chihuahua, México

Andres M. Lopez-Perez[1], Karen Moreno[1], Andrea Chaves[2], Carlos N. Ibarra-Cerdeña[3], Andre Rubio[4], Rurik List[5], Rosa Elena Sarmiento[6], Gerardo Suzán[1]

1. Departamento de Etología, Fauna Silvestre y Animales de Laboratorio, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, México; 2. Department of Medicine and Epidemiology, School of Veterinary Medicine, University of California, Davis; 3. Departamento de Ecología Humana, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN (Cinvestav), Unidad Mérida. Mérida, Yucatán, México; 4. Departamento de Ciencias Biológicas Animales, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile; 5. Área de Investigación en Biología de la Conservación, Departamento de Ciencias Ambientales, Universidad Autónoma Metropolitana-Lerma, Lerma de Villada, Estado de México, México; 6. Laboratorio de Virología. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, México D.F., México

RESÚMENES - PONENCIAS ORALES

Ponente: Gerardo Suzán, gerardosuz@gmail.com

Los perros representan un riesgo en la transmisión de enfermedades infecciosas a los carnívoros silvestres, entre las cuales se encuentra el parvovirus canino (PVC). El objetivo de este estudio fue investigar la exposición y la diversidad genética de PVC en carnívoros silvestres y domésticos. En dos épocas del año (otoño 2013 y primavera 2014), se muestrearon un total de 18 perros domésticos y 65 carnívoros silvestres de 8 especies distintas, en la Reserva de la Biósfera Janos (JBR), Chihuahua, México. Se realizaron la prueba de Inhibición de la hemaglutinación para detectar la presencia de anticuerpos de PVC y la PCR para la identificación molecular de PVC por medio de la amplificación de un fragmento de la proteína VP2. El 50.8% (33/65) de los carnívoros silvestres y 100% (18/18) de los perros presentaron anticuerpos contra PVC; mientras que 23% de los carnívoros silvestres y el 22% de los domésticos fueron positivos a PVC por medio de la PCR. Los estudios filogenéticos muestran que en la región circulan dos distintas cepas PVC-2a y PVC-2c. Se encontraron diferencias significativas en la prevalencia de anticuerpos y PCR de las distintas especies de carnívoros silvestres, siendo el coyote (*Canis latrans*) y la zorra del desierto (*Vulpes macrotis*) las que presentan una mayor prevalencia, respectivamente. Se encontraron un total de 6 haplotipos en la RBJ, de las cuales tres fueron únicas de la zorra del desierto, dos del zorrillo rayado (*Mephitis mephitis*) y una fue compartida por todas las especies de carnívoros, incluyendo el perro doméstico. Los carnívoros silvestres presentaron un mayor riesgo de infección en las cercanías a los asentamientos humanos. Dicho resultado, junto a la alta similitud filogenética entre las cepas encontradas en carnívoros silvestres y domésticos sugieren que los perros son una fuente de la infección para los carnívoros silvestres.

Análisis de redes y un enfoque de aprendizaje supervisado de interacciones helmintos – mamíferos en México

Maria del Carmen Villalobos[1], Anuwat Wiratsudakul[2], Luis García Prieto[3], Oscar Rico Chávez[1]

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM; 2. Faculty of Veterinary Science, Mahidol University; 3. Instituto de Biología, UNAM.

Ponente: Maria del Carmen Villalobos, macavs324@gmail.com

El parasitismo es una de las formas de vida más comunes en el planeta, debido a esto es imposible identificar y caracterizar la gran cantidad de interacciones existentes entre parásitos y hospederos. Diferentes asociaciones podrían perderse o generarse debido a cambios ambientales naturales o inducidos por el humano, teniendo un impacto en la salud humana, animal y de los ecosistemas. En el presente estudio se analizó una base de datos de interacciones registradas (646) entre helmintos, mamíferos silvestres (105), mamíferos domésticos (12) y el humano usando la teoría de redes y un enfoque de aprendizaje supervisado basado en las características biológicas y funcionales de parásitos y hospederos para generar una probabilidad de interacción no registrada entre hospederos y parásitos similares. Con este enfoque fue posible identificar 374 interacciones no registradas previamente. Las variables de los helmintos: phyla, especie y tipo de ciclo fueron identificadas como de importancia en la eficiencia que tiene el modelo para aprender y detectar interacciones no observadas. El presente modelo sugiere la necesidad de completar información biológica y filogenética asociada a helmintos, permitiendo una mayor detección de asociaciones no observadas. En las redes parásitos – hospederos generadas el humano y animales domésticos obtuvieron los valores más altos de las medidas calculadas de centralidad, ya que comparten parásitos con una gran diversidad diferentes hospederos, lo que podría indicar que participan en el mantenimiento de ciclos parasitarios o que su presencia facilita la transmisión

de helmintos a nuevos hospederos. Los resultados sugieren que los modelos de aprendizaje supervisado son una herramienta con un alto potencial para la detección de interacciones entre parásitos y hospederos, lo que podría tener aplicaciones para la vigilancia epidemiológicas de gran relevancia.

Synthesis of *Batrachochytrium dendrobatidis* infection in South America reveals patterns of host taxonomic and geographic risk

Claudio Soto-Azat[1], Mario Alvarado-Rybak[1], Ismael Barria-Oyarzo[2], Pablo Gonzalez[2], Andrés Valenzuela-Sánchez[2], Sandra V. Flechas[3], Alexandra Peñafiel-Ricaurte[1], Andrew A. Cunningham[4], Leonardo D. Bacigalupe[2]

Centro de Investigación para la Sustentabilidad, Universidad Andres Bello; 2. Universidad Austral de Chile; 3. Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt; 4. Zoological Society of London.

Ponente: Claudio Soto-Azat, csoto@unab.cl

The fungus *Batrachochytrium dendrobatidis* (*Bd*), which is a cause of amphibian chytridiomycosis, has been associated with alarming population declines and extinctions of amphibians worldwide. With it is high amphibian species richness, South America has experienced devastating effects from this emerging disease. Here we provide a synthesis on the extent of *Bd* infection across South America based on ~20,000 *Bd*-specific molecular diagnostic assays. We explored potential signatures of *Bd* occurrence associated with amphibian taxonomy, country of origin and species conservation status. We show that *Bd* is widespread in South America, with a continental prevalence of 20.8%. Among the taxa exhibiting the highest *Bd* prevalence are amphibians in the families Ranidae, Telmatobiidae, Calyptocephalellidae, Cycloramphidae and Pipidae (range: 31.4–53.3%), reflecting their close association with aquatic environments and therefore higher contact with the infective stage of *Bd*. Low *Bd* occurrence in terrestrial amphibians, however, does not necessarily indicate protection, as groups of amphibians exhibiting unusually low *Bd* prevalence are also among the amphibians in which lethal chytridiomycosis has been described in the literature (e.g. *Atelopus*, *Rhinoderma* and *Eleutherodactylus*) (0–7.5%). Among the countries showing higher than expected occurrence of *Bd* were Bolivia and Brazil (39.5 and 64.0%, respectively), reflecting *Bd* highly favorable habitats in the high Andes and the Atlantic forest. Many widespread and abundant species exhibited high *Bd* prevalence (e.g. the invasive *Lithobates catesbeianus* and *Xenopus laevis*) and we propose that these could be used as sentinels for *Bd* monitoring. Also, is essential to understand the potential role of these species as reservoirs, vectors or spreaders, that can be subjected to management. Our results inform guidance on the prioritization of conservation actions to prevent further biodiversity loss due to chytridiomycosis in the world's most amphibian diverse region.

RESÚMENES - PONENCIAS ORALES

Climatic and anthropogenic factors structuring the occurrence of Batrachochytrium dendrobatidis infection: 10 years of chytrid research in Chile

Mario Alvardo-Rybak[1], Manuel Lepe[1], Alexandra Peñafiel-Ricaurte[1], Andrés Valenzuela[2], Fernando O. Mardones[3], Leonardo D. Bacigalupe[2], Andrew Cunningham[4], Claudio Soto-Azat[1]

1. Universidad Andrés Bello; 2. Universidad Austral de Chile; 3. Universidad Católica de Chile; 4. Zoological Society of London

Ponente: Mario Alvarado-Rybak, maalry@gmail.com

Chytridiomycosis, due to the fungus *Batrachochytrium dendrobatidis* (Bd), has been associated with the alarming decline and extinction of amphibians worldwide. This fungus infects all amphibian orders: Anura, Urodela and Gymnophiona, in which many species may develop lethal disease. In this context, by analysing Bd prevalence and geographic spread at a regional scale, it is possible to identify risk factors for Bd occurrence. Here, we used real-time quantitative PCR (qPCR) to detect Bd on anurans along a 4,000 km latitudinal gradient in Chile. Chilean biodiversity hotspot and based on presence/absence data we performed spatial scan analyses and modelling to detect high-risk spatial areas and risk factors. We analysed information of 4,155 Bd-qPCR analyses from 162 study sites across Chile obtained from 2008 to 2018 to identify low and high-risk areas for Bd in Chile. Overall, Bd was found from 24 out of 40 species captured from 97 sites in Chile with an estimated prevalence of 19.1%. Also, results show significant clustering of Bd with the identification of a few local clusters aggregated in the central and south areas (i.e., Chilean Matorral and Valdivian temperate forest ecoregions) and with some clusters overlapping with the distribution of the invasive amphibian *Xenopus laevis*. Moreover, we found that risk factors such as annual mean temperature, annual precipitation, landcover and anthropogenic biomes explain the prevalence distribution. These relationship is not straightforward and will likely to be further complicated by a changing climate scenario. More importantly, this study provides information to assess the role of *X.laevis* in the epidemiology of Bd, to identify risk factors (e.g., anthropogenic variables) for Bd infection and the potential impacts of this pathogen on native amphibian populations decline. Identifying the factors structuring Bd occurrence and impacts inform adequate conservation management, with the ultimate goal of halting the biodiversity loss caused by chytridiomycosis.

Detección de virus zoonóticos potenciales en redes de virus-hospedero de murciélagos y roedores

Fabiola Nieto-Rabiela[1], Anuwat Wiratsadakul[2], Gerardo Suzán[1], Oscar Rico-Chávez[1]

1. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM; 2. Faculty of Veterinary Science, Mahidol University.

Ponente: Oscar Rico Chávez, orich@unam.mx

Murciélagos y roedores presentan una gran diversidad de virus, sin embargo, la estructura de la diversidad viral y como ésta se comparte y se distribuye a través de redes de hospederos no ha sido del todo explorada. En el presente estudio, se identificó el potencial zoonótico de virus dentro de redes de hospedero-virus en murciélagos y roedores. Se construyó una base con 5,484 reportes por diagnóstico molecular, 825 en roedores y 4,659 en murciélagos. Se identificó un total de 173 y 166 virus, de los cuales 53 y 40 son virus zoonóticos en roedores y murciélagos respectivamente. Usando la teoría de redes, se construyeron redes bipartitas no

direccionadas de hospederos y virus por cada grupo taxonómico. Subsecuentemente las redes se colapsaron para detectar los encales entre hospederos y entre virus. Se observó un mayor grado de conectividad entre virus de murciélagos y una mayor cantidad de comunidades virales en roedores. Los coronavirus detectados en murciélagos presentaron los valores más altos de conectividad y centralidad. Mientras que en roedores se observó un distribución más homogénea entre virus y hospederos. Se detectó que los parvovirus reportados en macro quirópteros y el virus de Gbagroube en roedores tienen un alto potencial zoonótico debido a su proximidad dentro de la red con los humanos y otros virus zoonóticos. Los resultados sugieren que no se debe subestimar el potencial de los roedores como reservorios de enfermedades zoonóticas. Se encontró que la diversidad viral se comparte más entre murciélagos que entre roedores. El presente estudio resalta la importancia del uso de la teoría de redes para entender patrones macroecológicos e identificar posibles riesgos de zoonosis. Se propone que los programas de vigilancia epidemiológica deberían considerar la conectividad de las redes entre hospederos y virus como medida de riesgo de dispersión y transmisión de virus zoonóticos.

Especificidad filogenética de variantes de virus de rabia en murciélagos del continente Americano.

Ivette Rodríguez Trujillo[1], Óscar Rico-Chávez[1], Elizabeth Loza-Rubio[2], Gerardo Suzán Azpiri[1]

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud FMVZ- UNAM; 2. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias.

Ponente: Ivette Rodríguez Trujillo, ivettetrujillo.biol@gmail.com

La caracterización antigénica de variantes del virus de rabia ha permitido identificar a especies de hospederos específicas de murciélagos y de carnívoros que comúnmente están asociados a brotes epidémicos y epizoóticos en todo el continente americano. Estas variantes antigénicas muestran patrones específicos con sus hospederos y han sido agrupadas en función de su distribución geográfica y secuenciación genética, aportando información sobre su diversidad y epizootiología. Sin embargo, la especificidad de hospedero de dichas variantes en el orden de los quirópteros ha sido poco explorada a escalas macroecológicas. En el presente estudio se realizó un meta-análisis para determinar la especificidad filogenética de las variantes del virus de rabia asociadas a murciélagos en el continente americano por medio del cálculo del agrupamiento filogenético, y relacionando la especificidad de las variantes con el rango de distribución de los hospederos. Se realizó una búsqueda bibliográfica y se construyó una base de datos con registros de variantes antigénicas asociadas a murciélagos. El agrupamiento filogenético se calculó usando un súper árbol de mamíferos y se usó como indicador de la especificidad filogenética. Las variantes V3 y V4 de acuerdo con el análisis mostraron un comportamiento de dispersión entre las especies de murciélagos reportadas, el resto de las variantes antigénicas mostraron una agrupación filogenética con las especies hospederas. No se encontró una relación entre el área de distribución de los hospederos con el agrupamiento filogenético (R2 =-0.0999, p = 07688). Por otro lado, la relación del número de variantes por especie y su rango de distribución muestra una tendencia positiva en función del aumento del área de distribución (R2 adj =0.2049, p >0.005). Con base a los resultados reportados en este trabajo se puede sugerir que las variantes antigénicas del virus de rabia están determinadas por la especie del hospedero y no por su rango de distribución.

RESÚMENES - PONENCIAS ORALES

Caracterización filogeográfica de un virus reordenado de Influenza H5N2 aislado de una especie de Anátido residente (*Anas platyrhynchos diazi*) en México

Liliana Gaytán Cruz[1], Jessica Mateus Anzola[1], Cecilia Montoya Carrillo[1], Rafael Ojeda Flores[1]

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Departamento de Fauna Silvestre y Animales de Laboratorio. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México

Ponente: Liliana Gaytán Cruz, gaytanc.liliana@gmail.com

La congregación de diferentes especies de aves migratorias y residentes en humedales durante migraciones estacionales incrementan las tasas de contacto, favoreciendo la transmisión de virus de influenza A (VIA). Las aves acuáticas migratorias se han asociado con la diseminación global de VIA. No obstante, pocas investigaciones se han enfocado en el rol de aves residentes en la ecología de estos virus a escala local. En este sentido, el pato mexicano (*Anas platyrhynchos diazi*), anátido amenazado y endémico de México, comparte hábitats acuáticos con aves migratorias. Por ello, el objetivo de este estudio fue analizar filogeográficamente el VIA aislado en esta especie residente, en un estudio previo, en el área natural protegida Ciénegas de Lerma, Estado de México, con relación a su coincidencia espacio-temporal con otros anátidos y sus respectivas rutas migratorias. El VIA identificado previamente en un pato mexicano mediante RT-PCR en tiempo real, se aisló en embrión de pollo, se secuenció su genoma completo con tecnología de nueva generación y se realizaron análisis filogenéticos con el método estadístico de máxima verosimilitud en el programa MEGA. Se identificó el subtipo H5N2. Se evidenció relación filogeográfica de sus 8 segmentos génicos con seis subtipos (H6N5, H7N7, H5N2, H4N6, H9N2 y H11N9) detectados en patos silvestres durante 2015 en distintas regiones de Estados Unidos y Canadá correspondientes a rutas migratorias del Pacífico y Mississippi. La importancia de este hallazgo radica en la participación potencial de esta ave residente en el mantenimiento, diversificación y diseminación de VIA en la región, así como en la dinámica de transmisión interespecie que se ha documentado como el origen de cepas de alta patogenicidad. La vigilancia de VIA en comunidades mixtas de anátidos es indispensable para conocer su papel en la dinámica de esta enfermedad dada la relevancia e impacto en salud pública y animal.

Neurological disease, neoplasms, and novel gammaherpesviruses in critically endangered captive european minks (*Mustela lutreola*)

Olga Nicolas de Francisco[1], Fernando Esperón[2], Carles Juan-Sallés[3], Ana Carolina Ewbank[4], Carlos G. das Neves[5], Elena Neves[2], Neil Anderson[6], Carlos Sacristán[2,4]

1. The Royal (Dick) School of Veterinary Studies and the Roslin Institute, University of Edinburgh, Roslin, EH25 9RG, UK; 2. Group of Epidemiology and Environmental Health, Animal Health Research Centre (INIA-CISA),Valdeolmos, Madrid, Spain; 3. Noah's Path, Elche, Alicante, Spain; 4. Laboratory of Wildlife Comparative Pathology, Department of Pathology, School of Veterinary Medicine and Animal Sciences, University of São Paulo, Brazil; 5. Norwegian Veterinary Institute, Oslo, Norway; 6. University of Edinburgh, Edinburgh, Scotland, United Kingdom.

Ponente: Carlos Sacristán, carlos_leopard@hotmail.com

The European mink (*Mustela lutreola*) is a riparian mustelid, considered one of the most endangered carnivores in the world. Four cases of incoordination and rear limb weakness were observed in captive European minks housed in a breeding center

in northeastern Spain. Blood hematology and biochemistry were performed in the 13 animals (12 apparently healthy and one ill). Gross (n=11) and histopathological (n=4) examinations were performed. Electron microscopy was performed in a mink with neural lymphoma and inclusion bodies. Additionally, 141 samples of swabs (oral, conjunctival, anal), feces and tissues from 23 animals were analyzed for herpesvirus (HV) using a pan-HV PCR assay. The ill mink presented anemia, lymphopenia and azotemia, while the remaining animals presented hematological and biochemical values within the parameters for other Mustelidae species. Several neoplasms, including lymphoma (n=2), pulmonary adenocarcinoma (n=1), and biliary (n=1) and preputial (n=1) cystadenoma, as well as other lesions (e.g., axonal degeneration [n=2]), were observed in some infected European minks. Two different gammaherpesviruses were identified in four animals (17.3%), and could represent novel HV species, tentatively named *Mustelid gammaherpesvirus-2* (MUGHV-2) and MuGHV-3. This is the first description of neoplasms and gammaherpesviruses in European minks. The pathological (inclusion bodies and syncytia), ultraestructural (viral particles) and PCR findings (MuGHV-2) in one lymphoma case strongly suggest a potential role for this novel gammaherpesvirus in its pathogenesis, as it has been reported in other HV-infected species with lymphoproliferative disease. The occurrence of neural lymphoma with intralesional syncytia and herpesviral inclusions is, however, unique among mammals. Additionally, the lymphoma, spongiosis and axonal degeneration affecting the central and peripheral nervous system observed in some of these animals may explain the reported neurological clinical signs. Further research is warranted to elucidate the role of gammaherpesviruses as potential cofactors of neoplasms in European mink and their epidemiology in the wild population.

Análisis de diversidad de mosquitos en un zoológico con fauna nativa del sureste mexicano

Adrián Serrano Villagrana[1], Carlos Antonio Abella Medrano[1], José de Jesús Sotomayor Bonilla[1], Guillermo Orta Pineda[1], Víctor Manuel Rodríguez Valencia[1], Rafael Ojeda Flores[1]

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México.

Ponente: Adrián Serrano Villagrana, adrianserranov.27@gmail.com

Entre las enfermedades infecciosas emergentes destacan aquellas cuya transmisión requiere de artrópodos vectores. Los zoológicos pueden representar entornos naturales para estudiar patrones de distribución espacial de vectores, interacciones vector-hospedero y procesos involucrados en los ciclos enzoóticos de transmisión. Existen pocas investigaciones enfocadas en relacionar estos ciclos con los patrones de diversidad de mosquitos en zoológicos con fauna nativa. Este estudio se desarrolló en el zoológico Ecoparque Aluxes, ubicado en Palenque, Chiapas, México, que alberga una colección de especies nativas de la región y se localiza dentro de una matriz con vegetación natural. El muestreo se realizó en agosto de 2017, se eligieron cinco sitios de muestreo asociados con mono saraguato (*Alouatta pigra)*, venado cola blanca (*Odocoileus virginianus),* venado temazate (*Mazama temama)*, cocodrilo moreletti (*Crocodylus moreletii) y* bosque de bambú. En cada sitio se colocaron dos trampas tipo CDC, como cebo se utilizó una combinación de luz incandescente y CO2. Las trampas fueron activadas en horario diurno y nocturno. Se realizaron aspirados complementarios entre ambos horarios. Los mosquitos capturados fueron sacrificados con gases de cloroformo. Se identificaron 758 mosquitos correspondientes a 29 especies, de las cuales 15 son de importancia médica. Se calcularon índices ecológicos que permitieron identificar distintos patrones de asociación entre el ensamble de mosquitos y la presencia de fauna de los encierros. El sitio con mayor riqueza fue el de mono saraguato con 23 especies,

mientras que el bosque de bambú tuvo la menor riqueza con nueve especies. La disimilitud entre la composición del ensamble de mosquitos capturados en el día con los capturados en la noche es mayor a 90%. En conclusión, la riqueza y abundancia de mosquitos está fuertemente influenciada por la identidad y la cantidad de hospederos silvestres en cautiverio, pero no se descartan las características del hábitat como factores asociados a estos patrones.

Salmonella enterica in South American sea lions (*Otaria byronia*) from the north coast of San Matias Gulf (Patagonia, Argentina)

Javier Aníbal Origlia[1], Gustavo Daneri[2], Fabiana Moredo[3], Ariel Rogé[4], Esperanza Varela[2], Gabriela Giacoboni[3]

1. Cátedra de Patología de Aves y Pilíferos, Facultad Ciencias Veterinarias Universidad Nacional de La Plata, Argentina; 2. División Mastozoología, Museo Argentino Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia" (MACN-CONICET), Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina; 3. Departamento de Microbiología, Facultad Ciencias Veterinarias Universidad Nacional de La Plata, Argentina; 4. Servicio Antígenos y Antisueros, Instituto Nacional de Producción de Biológicos, Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud "Dr. Carlos G. Malbrán", Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

Ponente: Javier Aníbal Origlia, javieroriglia@yahoo.com

There is little information about the diseases that can affect the Argentine populations of pinnipeds. Salmonellosis has been described in marine mammals of different regions of the world. The aim of this study was to detect the presence of *Salmonella enterica* in pinnipeds that inhabit the marine littoral zone of Río Negro province (Argentina) during the breeding season, the serovars circulation and the antimicrobial susceptibility. In December 2017 and March 2018, faecal samples (n=201) were collected from *Otaria byronia* in three rookeries located on the north coast of the San Matías Gulf (Punta Bermeja n= 79, Promontorio Belen n= 89 and Caleta de los Loros n=33). Samples were taken with swabs and were kept in Cary Blair transport medium. The isolation was carried out using the traditional bacteriological method (FDA-BAM). Presumptive *Salmonella* colonies were confirmed by biochemical tests. Isolates identified as *Salmonella enterica* were serotyped by agglutination according to White-Kauffmann-Le Minor scheme. Nine antimicrobials were tested (ampicillin, nalidixic acid, gentamicin, ciprofloxacin, chloramphenicol, tetracycline, trimethoprim-sulfamethoxazole, colistin and fosfomycin) by disk diffusion method according Clinical and Laboratory Standards Institute guidelines. From a total of 201 samples, 14 (7%) *Salmonella* strains were isolated. Three serovars of *S. enterica* were found: *S. Newport* 11 (79%) *S. Cerro* 2 (14%) and *S. Enteritidis* 1 (7%). Strains were susceptible to all the antimicrobial agents tested. Several *Salmonella* serovars from a variety of pinniped species were described before. *S. Newport* and *S. Cerro* were previously found in *Phocarctos hookeri* from New Zealand and in *Otaria byronia* from Chile. Although all serovars can cause disease in humans, *S. Enteritidis* is one of the most important serovars of *Salmonella* transmitted from animals to humans. This is the first report about *S. Enteritidis* in pinnipeds from South America coasts. This finding warns about new zoonotic agents in these wildlife species.

IV CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

CONSTRUYENDO PUENTES PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

RESÚMENES - PONENCIAS ORALES

Microbiota drives local MHC class II adaptation in a wild aquatic bird species.

Claudio Verdugo[1], Pedro Rodrigues[2], Luis Castañeda[3]

1. Laboratorio de Ecología y Evolución de Enfermedades Infecciosas (E3 Lab), Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 2. Southwest Iceland Nature Research Centre (SINRC), Sandgeroi, Iceland; 3. Programa de Genética Humana, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Ponente: Claudio Verdugo, claudioverdugo@uach.cl

Genes of the Major Histocompatibility Complex (MHC) represent one of the most polymorphic genes in the vertebrate genome and are a critical component of the adaptive immune response. Synanthropic and cosmopolitan birds are exposed to local array of pathogens that may lead to specific immune adaptations. In order to analyze population-specific patterns of association of genetic variability and pathogen community, 105 Neotropic cormorants (*Phalacrocorax brasilianus*) from two populations were sampled. We compared MHC variation, at both class I (against intracellular parasites) and II (against extracellular parasites) by amplicon NGS sequencing, and levels of pathogen (i.e. RNA/DNA viruses, gut microbiota by 16S metabarcoding, and hemosporidian) between birds from a synanthropic and human subsidized population and a non-subsidized population in Southern Chile. Variation at four selectively neutral markers (i.e. two mitochondrial and two nuclear genes) were also sequenced. We detected a high diversity of gamma-coronaviruses infecting birds from the subsidized site (20.2%), but also adenovirus (8.7%) and herpesvirus (3.8%). Hemoparasites were found at a very low rate in both sites (3.3%-*Plasmodium* sp., 1.6%- Leucocytozoon). The community structure of the gut microbiota show very low intra-population variability but highly structured among sites. The birds from the subsidized sites have a less diverse microbiota mostly dominated gen. *Campylobacter* from the Proteobacteria. Accordingly, we found that birds from subsidized sites had lower MHC class II diversity than non-subsidized sites. These patterns were not likely to be caused by differences in population demography as neutral markers were very low, contrary to our expectations, and showed no evidence of population structure among sites. Our results emphasizes that human-altered habitats may have unpredictable effects not only on the agents that may infect wildlife but also may affect the genetic variability at critical immune genes.

Diversidad del microbioma de la piel de la rana *Lithobates vibicarius* y su relación con el patógeno *Batrachochytrium dendrobatidis*

Randall Jiménez[1], Gilbert Alvarado[2], Josimar Estrella[3], Simone Sommer[1]

1. Institute of Evolutionary Ecology and Conservation Genomics, University of Ulm, Germany; 2. Laboratory of Comparative Wildlife Pathology, School of Veterinary Medicine and Animal Sciences, University of São Paulo, Brasil; 3. Laboratorio de Patología Experimental y Comparada, Escuela de Biología, Universidad de Costa Rica, Costa Rica.

Ponente: Randall Jiménez Quirós, randall87@gmail.com

En los últimos años, algunos anfibios del Neotrópico considerados “posiblemente extintos”, consecuencia de declines poblacionales en los años 80, se han redescubierto con poblaciones aisladas. Estas parecen haber desarrollado una resistencia/tolerancia al hongo patógeno *Batrachochytrium dendrobatidis* (*Bd*), considerado uno de los principales causantes de las disminuciones poblacionales de anfibios. Se ha sugerido que el microbioma de la piel en estos sobrevivientes es uno

de los factores más relevantes en resistencia al *Bd*. Por lo tanto, su estudio presenta una oportunidad única para comprender la selección y diversidad de un microbioma potencialmente confiriendo protección ante el *Bd*. Utilizando la secuenciación del gen 16S se investigó el microbioma de la piel de la población relicta de *Lithobates vibicarius* que habita en el Parque Nacional Juan Blanco, Costa Rica. Se exploró la diversidad del microbioma en ranas infectadas/no-infectadas por *Bd* y se examinó la presencia de bacterias con potencial inhibitorio de *Bd*. Además, se determinó la influencia de la ontogenia en la diversidad del microbioma, y se identificó la presencia de bacterias con potencial inhibitorio de *Bd* durante el desarrollo de la especie. La composición del microbioma fue diferente entre individuos con distinto estado de infección por *Bd*. Individuos no infectados por *Bd* presentaron una mayor riqueza y abundancia de bacterias potencialmente inhibitorias de este patógeno (*Janthinobacterium* y *Acinetobacter*). Con respecto a la ontogenia, se encontró una composición y estructura del microbioma distinta entre renacuajos, juveniles y adultos. Por ejemplo, juveniles y adultos presentaron una mayor frecuencia de bacterias de la familia Alcaligenaceae en comparación con renacuajos. Además, la ocurrencia de bacterias potencialmente inhibitorias de *Bd* fue mayor en juveniles y adultos. Estos resultados amplían el conocimiento del microbioma de la piel en anfibios del Neotrópico, especialmente en especies susceptibles a *Bd*. Además, ayudará en los esfuerzos para recuperar anfibios amenazadas por *Bd*.

Monitoring primate biodiversity and epizootics in brazil by citizen scientists

Raquel Marques[1], Marina Galvão Bueno[1], Lívia Abdalla[1], Eduardo Krempser[1], Douglas A. Augusto[1], Leticia Lucena[1], Rita Braune[1], Marcia Chame[1]

1. Institutional Platform for Biodiversity and Wildlife Health, Oswaldo Cruz Foundation – Fiocruz, Rio de Janeiro, Brazil.

Ponente: Marina Galvão Bueno, buenomg@gmail.com

The participation of citizen scientists as part of research projects has been growing in different areas of knowledge. Considering the importance of the monitoring of diseases in wild animals, the extensive Brazilian territorial dimensions and it's high biodiversity, the surveillance of epizootics in primates is challenging. Thus, citizen science emerges as an aid to the monitoring of primate species and epizootics of yellow fever. In this scenario, the Institutional Platform for Biodiversity and Wildlife Health created a real-time system for monitoring wild animals (SISS-Geo). Herein, we evaluated the SISS-Geo primate's records from 2014 to December 2018. There were 534 records (217 dead and 317 alive), of 26 species divided into 5 families, with different IUCN degrees of threat: Critically Endangered (*n=1*), Endangered (*n=7*), Vulnerable (*n=1*), Near Threatened (*n=3*) and as Least Concern (*n=13).* Furthermore, there is one record classified as Data Deficient, which may indicate the use of this technology in providing data for species that are poorly known, as well as those that inhabit protected areas: 133 registers in 28 conservation units. Since 2016, the southeastern region of Brazil has been facing a new outbreak of yellow fever, with thousands of epizootics. This fact was reflected in SISS-Geo records, which in the same period amounted to 91% of total reports; with 72% in the southeastern region. The primates with the highest number of records are from the genus *Callithrix* (53%), most of them hybrids of *C. penicillata* and *C. jacchus*, well distributed in the urban parks of the cities, which favors people sighting of the epizootics. SISS-Geo has been improving data quality by streamlining municipality's epidemiological surveillance, which contributes to human vaccination actions. This study demonstrates that citizen science projects can have an important role for the monitoring of primates and the surveillance of zoonoses that arise from wildlife.

IV CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

CONSTRUYENDO PUENTES PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

RESÚMENES - PONENCIAS ORALES

Fijian bats: interactions with people and disease surveillance focusing on zoonotic pathogens

Jessica McCutchan[1], Brett Gartrell[1], David Hayman[1]

Ponente: Jessica McCutchan, j.mccutchan@massey.ac.nz

Interactions between humans and bats can be both beneficial and detrimental to both parties. Habitat loss and human encroachment worldwide is known to increase wildlife-human contact. Identifying and quantifying these interactions in Fiji can help not only towards education and bat conservation, but also to improve human health if any disease is found. The first component of our research involves characterising the nature of human-bat interactions, through 200 interviews with local people across the three main islands of Fiji with known colonies of bats. In the second stage of the project, we aim to look at the zoonotic disease implications of these interactions. Worldwide, bats are known carriers of many zoonotic pathogens and as reservoirs for emerging diseases for both livestock and human health. In Australasia, the Pacific and South-East Asia viruses from Rhabdoviridae, Paramyxoviridae, Bunyaviridae, Togaviridae, Coronaviridae families and bacteria and fungi such as *Leptospira* spp. and *Histoplasma* spp. have been recovered from bat guano and urine. 180 pooled samples of guano and urine collected from three Fijian bat species with known human-bat interaction will be analysed for targeted disease surveillance via PCR. The IUCN list includes five of the six species of bats in Fiji ranging from threatened to critically endangered. Through the study there is the opportunity to increase education surrounding bats and pathogens, discouraging detrimental human interactions and promoting conservation. With a One Health focus, this pilot study can provide baseline data for current disease status and up to date advice regarding public health information, guidelines and education.

Infectious agents detected on non-human primate species from lowlands from Costa Rica and associated environmental factors

Gaby Dolz[1], Ana E. Jiménez-Rocha[2], Andrea Chaves[1], Andrea Urbina[3], Sofia Bernal-Valle[4], Alejandra Calderón-Hernández[3], Mauricio Jiménez[4], Edgar Ortiz-Malavasi[5], Gustavo Gutiérrez-Espeleta[6], Marco V. Herrero[1]

1. Programa de Investigación en Medicina Poblacional, Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional (UNA); 2. Laboratorio de Parasitología, Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional (UNA); 3. Laboratorio de Micología, Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional (UNA); 4. Hospital Especies Menores y Silvestres, Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional (UNA); 5. Escuela de Ingeniería Forestal, Instituto Tecnológico de Costa Rica (ITCR); 6. Escuela de Biología, Universidad de Costa Rica (UCR).

Ponente: Sofía Bernal-Valle, sofiabv05@gmail.com

Costa Rica is a neotropical country with four species of non-human primates (NHP), the spider monkey (*Ateles geoffroyi,* AG), the howler monkey (*Alouatta palliata,* AP), the white face monkey (*Cebus imitator,* CI) and the squirrel monkey (*Saimiri oerstedii,* SO). The knowledge of the presence of pathogens of free ranging NHP populations and the relationship with environmental characteristics is essential for conservation strategies. A cross-sectional convenience study was carried out between 2010 and 2012, to determine the presence and frequency of selected infectious agents, describe the host attributes and distribution of positive animals, and their potential explanatory environmental factors. Blood, fur and fecal samples were taken from 79 captured animals (2 AG, 32 AP, 37 CI and 8 SO), and then released safely into their habitat after awakening. Blood samples were analyzed for the presence of arboviruses and *Plasmodium* spp., fur samples for dermatophytes, and fecal samples

RESÚMENES - PONENCIAS ORALES

for *Trypanoxyuris*, *Controrchis*, *Prosternorchis*, *Entomoeba*, and *Giardia.* A total of 77% (61/79) of the NHP studied, were positive at least to one of the infectious agents analyzed. The presence of Dengue (serotypes 2, 3 and 4), Venezuelan Equine Encephalitis Virus, West Nile Virus, *Plasmodium vivax, Plasmodium falciparum* and *Microsporum canis* was detected for the first time in free-living monkeys in Central America. The studied animals were found to be infected with one to six infectious agents, but none was sick at the time of sampling. Temperature, habitat fragmentation and sampling site was statistically significant ($p<0.05$) for NHP positive to arboviruses; precipitation, site, and age for NHP positive to *M. canis*; temperature, habitat fragmentation and species for NHP positive to gastrointestinal parasites; and habitat fragmentation for NHP with multiple infections. It is recommended to carry out longitudinal studies with selected troops, to determine the role and the affectation of NHP with single or multiple infections.

Posible impacto antropogénico sobre felinos silvestres según el hallazgo de genes de resistencia a antimicrobianos

Ana Sofia Angulo[1], Fernando Esperón Fajardo[2], Roberto Salom-Pérez[3], Javier Carazo[4], Francisco Taylor[5], Edwin Pilé[1], Kinndle Blanco-Peña[1]

1. Universidad Nacional; 2. Centro de Investigación en Sanidad Animal (INIA-CISA); 3. Programa Jaguar, Panthera; 4. Consultor independiente; 5. Dirección de Gestión Integrada de Cuencas hidrográficas, Ministerio de Ambiente de Panamá; 6. Instituto de Investigaciones Científicas y Servicios de Alta Tecnología (INDICASAT); 7. Instituto Regional de Estudios en Sustancias Tóxicas (IRET), Universidad Nacional

Ponente: Fernando Esperón-Fajardo, esperon@inia.es

La biodiversidad de la zona caribe norte de Costa Rica es amenazada por la degradación de hábitat y su fragmentación. Esta investigación pretende proponer una herramienta para identificar las áreas de conservación con mayor impacto antropogénico por actividades pecuarias. Para ello, se cuantificaron 16 genes de resistencias a antimicrobianos (ARGs) en heces de 14 jaguares (*Panthera onca*) y 13 pumas (*Puma concolor*) de vida libre de la región mediante qPCR. Los resultados fueron analizados tomando en cuenta datos geoespaciales y productivos mediante QGIS y ArGIS. Los resultados de la cuantificación se expresaron en el log10 del porcentaje estimado de bacterias que posee cada gen, variando desde -7 (0,0000001%) hasta +2 (100%). Se encontraron 14 ARGs, siendo negativo en todos los casos a genes de vancomicina (*van*A) y meticilina (*mec*A). El 9.5% de los resultados correspondía a una resistencia baja (>-7 a -5), 18% intermedia (>-4 a -3) y 16% alta (>-2 a +2); el resto tuvo una concentración menor a -7. Los ARGs a tetraciclinas fueron los más frecuentes, sobresaliendo *tet*Q (85.2%) y *tet*Y (70.4%), mientras que *tet*S (11.1%) fue el menos usual. Las sulfonamidas (*sul*I y *sul*II) (70.4% c/u), fenicoles (*cat*II y *cat*I) (18.5% y 51.9%, respectivamente) y quinolonas (*qnr*S) (11.1%) presentaron valores representativos. Los jaguares tuvieron mayor promedio de ARGs por muestra (7.4). La variación de abundancia de ARGs estaría relacionada con el sitio de muestreo, el tipo de cobertura y la presencia de fincas. Las fincas porcinas parecen ejercer mayor acción sobre la generación de resistencias en el ambiente, mientras que el impacto entre las avícolas y las bovinas sería similar. Además, el Parque Nacional Braulio Carrillo sería el área más impactada, según las altas concentraciones de *tet*, *sul*y cat. El gen *qnr*S se halló fuera de áreas de conservación, asociada a las explotaciones porcinas.

IV CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

CONSTRUYENDO PUENTES PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

RESÚMENES - PONENCIAS ORALES

Antimicrobial resistance genes in *Escherichia coli* strains isolated from Magellanic penguins (*Spheniscus magellanicus*) undergoing rehabilitation

Ana Carolina Ewbank[1], Marcos Paulo Vieira Cunha[2], Maria Flavia Lopes Guerra[3], Carlos Sacristán[1], Juliana Yuri Saviolli[1], Ralph Eric Thijl Vanstreels[1], Luis Felipe Mayorga[4], Terezinha Knöbl[2], Vania Maria de Carvalho[3], José Luiz Catão-Dias[1]

1. Laboratório de Patologia Comparada, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil; 2. Laboratório de Medicina Aviária, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil; 3. Universidade Paulista, São Paulo, Brasil; 4. Instituto de Pesquisas em Animais Marinhos, Espírito Santo, Brasil;

Ponente: Ana Carolina Ewbank, carolewbank@yahoo.com.br

Antimicrobial resistance is a primary global One Health issue of Public Health concern. Seabirds are sentinels of the marine ecosystem health, capable of reflecting natural and anthropogenic changes to the environment. We employed PCR to evaluate the presence of selected antimicrobial resistance genes (ARGs) used in human medicine, animal production and of Public Health concern (*tet*, *qnrA, qnrB, qnrC, qnrD, qnrS, aac(6')-Ib-cr, qepA, oqxAB,* ^{bla}*CTX-M*, ^{bla}*TEM*-1, ^{bla}*CMY*, ^{bla}*SHV*) in 13 *Escherichia coli* colonies isolated from oral and cloacal swabs of 15 Magellanic penguins (*Spheniscus magellanicus*) undergoing rehabilitation. These birds had not received antimicrobial treatment since their admission, 7 days prior to sampling. An antimicrobial sensitivity test (disk diffusion) showed that 69% of the *E. coli* strains were resistant to antimicrobials: aminoglycosides (53%), beta-lactams (38%), sulfonamides (30%), chloramphenicol (23%) tetracyclines (23%), quinolones (23%), polimixins (0%), and nitrofurans (0%). Multi-resistance was recorded in 30% of the strains. One or more ARGs were detected in 78% of the colonies: *tet*(*D*) (23%), ^{bla}*TEM*-1 (15%), *qnrB* (15%), *tet*(*B*) (8%), and *tet*(*A*) (15%). The ^{bla}*TEM*-1 gene is associated with nosocomial infections and the production of extended-spectrum β-lactamases, which confers resistance to advanced-generation cephalosporins, while *qnr*Bhas been linked to quinolone resistance. The study design did not allow to determine whether these resistant *E. coli* strains and the identified ARGs were present in the penguins prior to admission or were acquired at the rehabilitation center. Wildlife rehabilitation centers provide a great opportunity to study ARGs in the environment-human-wildlife interface. Measures to minimize the spread of ARGs in rehabilitation centers include prescription of antimicrobial therapy only when necessary, isolation of animals undergoing antimicrobial therapy, disinfection of objects of common use and enclosures, and employment of quarantine protocols.

Pansusceptible Escherichia coli isolates obtained from faeces of free-ranging Baird's tapirs (*Tapirus bairdii*) suggests a low selective pressure for resistance determinants in the northwestern region of the Talamanca Mountain Range, Costa Rica

Jorge Rojas Jiménez[1], Esteban Brenes-Mora[1,2], Paloma Alcázar-García[2,3], Randall Arguedas-Porras[2,4], Elías Barquero-Calvo[5]

1. Nai Conservation; San José, Costa Rica, 2. Awá Science & Conservation, Costa Rica; 3. Centro de Ornitología y Biodiversidad (CORBIDI), Lima, Peru; 4. Zoológico Nacional Simón Bolívar, San José, Costa Rica; 5. Programa de Investigación en Enfermedades Tropicales, Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional, Heredia, Costa Rica

Ponente: Jorge Rojas, jorgerojas0870@gmail.com

Antibiotic resistance is an emerging global problem that encompasses human and

animal health. A main issue is an abusive and indiscriminant use of antibiotics, in which dissemination of resistant bacteria throughout the environment occurs. Wild animals, in rare occasions are expose to antibiotics, therefore antibiotic resistance levels in these animals are expected to be low. Nevertheless, as the interactions between humans, domestic and wild animals are increasing, there is a growing risk that the intestinal microbiota from wild animals may acquire resistant bacteria or genes mainly through oral exposition. The main objective of this study was to analyze the antimicrobial susceptibility profile of *Escherichia coli* isolates obtained from faecal samples of free-ranging Baird's tapirs (*Tapirus bairdii*) in the northwestern region of the Talamanca Mountain Range, Costa Rica. Faecal samples were collected by opportunistic search of the study area during seven field expeditions. *Escherichia coli* isolates were recovered using selective and differential MacConkey agar medium and were subjected to biochemical identification and antimicrobial susceptibility testing using a VITEK®2 Compact automated system and the AST-N279 card. A total of 60 *E. coli* isolates were obtained from 63 faecal samples. Following evaluation of nine different antimicrobial classes, 98% (59/60) of the isolates were characterized as pansusceptible; only one isolate presented resistance to nalidixic acid. We propose that the commensal intestinal microbiota of free-ranging Baird's tapirs in this area remains isolated from antibiotic selective pressure, probably because seven different protected areas converge, thus giving a possible low anthropogenic activity to the region. Protected areas consequently have a positive impact in protecting animals from antibiotic selective pressure. Hence, we consider this a contribution in terms of antimicrobial resistance, with the main aim to develop conservation strategies in regions near protected areas, such as antibiotic usage control by health authorities.

Mapa de riesgo para la conservación de nutrias sudamericanas por enfermedades infecciosas

Camila Dünner[1]

1. Universidad Andrés Bello

Ponente: Camila Dünner, cfdunner@gmail.com

En las últimas dos décadas, numerosas epidemias de enfermedades infecciosas han causado graves declines en poblaciones de fauna silvestre. El aumento de la población y las actividades humanas, por su parte, ha incrementado el contacto de la fauna silvestre con los animales domésticos, favoreciendo los procesos de transmisión de enfermedades. Particularmente, al perro doméstico se le atribuye el *spillover* de numerosos patógenos, tales como el Virus Distemper Canino (VDC) y el Parvovirus (PV) . Este es un problema reconocido en Sudamérica, donde actualmente persisten 4 especies de nutrias (*Lontra felina*, *Lontra provocax*, *Lontra longicaudis* y *Pteronura brasiliensis*), todas en alguna categoría de amenaza para su conservación. Sin embargo, existe poca información que relacione variables potencialmente asociadas a la exposición o infección con estos patógenos, particularmente en nutrias. Es así que se utilizó un enfoque de máxima entropía (MaxEnt) para evaluar la relación de todas las ocurrencias de VDC y PV, serológicas y moleculares, de mamíferos silvestres y domésticos reportadas en Sudamérica, con una serie de variables ambientales, demográficas y ecológicas. Para ambos patógenos, la densidad humana, las precipitaciones y el bioma fueron las variables que contribuyeron en mayor medida en el modelo. Posteriormente, estos resultados fueron mapeados junto con la distribución natural actual de las nutrias y rangos de movimiento de perros domésticos y ferales, entregando finalmente un mapa de riesgo con los centros de contaminación de mayor importancia. Es así que en toda la costa urbanizada de los océanos Pacífico y Atlántico se identificaron puntos de alto riesgo, así como algunos en la zona peri Andina y del Amazonas. Esta información, asociada además a la categoría de conservación y características biológicas de cada especie, entrega un marco teórico de trabajo para priorizar áreas y planes de

conservación, resguardando la supervivencia de las nutrias sudamericanas.

Cetacean morbillivirus in South Atlantic Ocean

Katia Regina Groch[1], Josué Diaz-Delgado[1], José Luiz Catão-Dias[1]

1. Laboratory of Wildlife Comparative Pathology, University of São Paulo, São Paulo-SP, 05508-270, Brazil.

Ponente: José Luiz Catão-Dias, zecatao@usp.br

Two species of the genus Morbillivirus (family Paramyxoviridae, Order Mononegavirales) are known to affect aquatic animals: Phocine distemper virus (PDV) and Cetacean Morbillivirus (CeMV). PDV has been isolated from pinnipeds, and 5 strains of CeMV (porpoise morbillivirus-PMV, dolphin morbillivirus-DMV, pilot whale morbillivirus-PWMV, beaked whale morbillivirus-BWMV and Guiana dolphin morbillivirus-GDMV) have been detected in dolphins and whales. CeMV was first detected in Ireland, England, and the Netherlands in 1988–1990, when PMV was identified in stranded harbor porpoises (Phocoena phocoena). Since then, CeMV has been responsible for numerous outbreaks and endemic fatalities involving multiple cetacean species throughout the North Sea, Atlantic Ocean, Mediterranean Sea, Black Sea, Indian Ocean (Western Australia), and Pacific Ocean (Hawaii, Japan, and Australia). Serologic surveys indicate that morbilliviruses infect marine mammals worldwide. In South Atlantic Ocean, the first evidence of CeMV was positive CeMV-specific antibody titers in three Fraser's dolphins (Lagenodelphis hosei) stranded off Brazil and Argentina in 1999. The first confirmed fatal case in South Atlantic cetaceans involved a Guiana dolphin (Sotalia guianensis) stranded in Espírito Santo, Brazil, in 2010. The first confirmed epizootics linked to CeMV occurred in 2017-2018 and claimed >250 Guiana dolphins in Rio de Janeiro, Brazil. The sequence data of a conserved fragment of the viral phosphoprotein (P) gene, suggest that GDMV is closer to the root of the CeMV clade than to that of DMV, PMV, BWMV or PWMV and might represent a new lineage of CeMV. Recent retrospective studies identified the virus in Southern right whales (Eubalaena australis) from Santa Catarina state, Brazil, indicating that CeMV can infect multiple cetacean species and might be widespread along the Brazilian coast. Because CeMV has been associated with a high morbidity and mortality in several cetacean species and populations, these findings raise concern for potential conservation implications for marine mammals in South America.

Efecto de la intensidad de infección de *Rhabdias* spp. y *Amblyomma dissimile* sobre la condición corporal de *Rhinella marina* (Amphibia: Bufonidae), del Área de Conservación Guanacaste, Costa Rica

Josimar Estrella-Morales[1], Gilbert Alvarado[1,3], Federico Bolaños[3], Manuel Spinola[4]

1. Laboratorio de Patología Experimental y Comparada, Escuela de Biología, Universidad de Costa Rica (LAPECOM-UCR); 2. Laboratory of Comparative Wildlife Pathology, School of Veterinary Medicine and Animal Sciences, University of São Paulo, Brasil; 3. Escuela de Biología, Universidad de Costa Rica; 4. Instituto Internacional en Conservación y Manejo de Vida Silvestre (ICOMVIS), Universidad Nacional de Costa Rica

Ponente: Josimar Estrella-Morales, josimar_estrella@hotmail.com

En las últimas décadas se ha evidenciado que la parasitofauna en animales silvestres

puede provocar efectos sistémicos adversos en sus hospedadores y en ocasiones se observa impactos directos sobre su condición corporal. En anuros la condición corporal puede verse afectada por infecciones causadas por hongos como *Batrachochytrium dendrobatidis* o parásitos como Haemogregarinas, nemátodos y garrapatas. El objetivo del trabajo fue determinar si la intensidad de infestación de *Rhabdias* spp. y *Amblyomma dissimile* causan un efecto sobre la condición corporal del sapo *Rhinella marina* del Área de Conservación Guanacaste (ACG). Entre julio 2014 y enero 2015 se realizaron muestreos nocturnos, se recolectaron 72 sapos, en dos zonas protegidas del ACG y en los respectivos sitios alterados de su periferia. De los individuos capturados se obtuvo tamaño, peso y condición corporal (CC) utilizando el índice de Fulton. Se determinó la intensidad de infestación de *Rhabdias* spp. y *A. dissimile*. Se aplicaron modelos lineales para determinar la relación entre la CC y las intensidades de infestación de los parásitos. Los datos indican que la intensidad de infestación por *Rhabdias* spp. es la variable que tiene mayor influencia sobre la CC de los sapos (AICc: 239.80; PAICc: 0.33), seguida por la intensidad de infestación por garrapatas (AICc: 240; PAICc: 0.27). Otras investigaciones han asociado altas tasas de infestación de *Rhabdias* spp. con alteraciones pulmonares en los sapos, disminución en su desplazamiento y reducción de hasta el 50% en las tasas de alimentación de dichos animales. Además, las garrapatas pueden generar ulceraciones, anemia o transmitirles hemoparásitos. Estos efectos repercuten directamente en la condición corporal de los sapos y por ende en su salud. Por lo que la presencia de macroparásitos debe ser una variable a considerar en la evaluación de la salud de los sapos, ya que, podría generar un impacto en sus poblaciones.

Presence of Aldicarb and Carbofuran in Liver and Aqueous Humor Aamples of Wild Carnivores Dead by Motor Vehicle Collision in São Paulo, Brazil: Preliminary Results

Marina Pellegrino da Silva[1], Vagner Gonçalvez Jr[2], Mauricio Candido da Silva[3], Priscila Rodrigues de Sousa[4], José Luiz Catão Dias[1], Pedro Enrique Navas-Suárez[1]

1. Laboratório de Patologia Comparada de Animais Selvagens (LAPCOM), Departamento de Patologia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, Brasil; 2. Laboratório de Farmacologia Aplicada e Toxicologia, Departamento de Patologia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, Brasi; 3. Museu de Anatomia Veterinária, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, Brasil; 4. Concessionária Tamoios, São Paulo, Brasil.

Ponente: Marina Pellegrino da Silva, marina.pellegrino.silva@usp.br

Agriculture is one of the most important economic pillars in the Brazilian economy. Thus, in order to maintain or even increase their productivity, rural farmers make use of technological resources, such as roads and agricultural inputs (e.g., pesticides, fertilizers). In an international context, Brazil is the largest consumer of agrochemicals. On the other hand, Brazil has the greatest biodiversity in the world. The interface between agricultural productivity and biodiversity conservation involves interactions where the impacts of wildlife exposure to various pesticides is still unknown. Thus, this study sought to identify the presence of two carbamate compounds (aldicarb and carbofuran) in liver and aqueous humor of wild carnivores dead by motor vehicle collision in roads of São Paulo, Brazil. From January/2017 to December/2018, 34 roadkills have been recorded representing 9 species. Biological and epidemiological data are collected, necropsy and sample collection are performed. Carbamates detection were carried out by High-Performance Liquid Chromatography (HPLC) method. Preliminarily, 16 samples of liver and 7 of aqueous

humor were processed. Aldicarb was found in seven cases (7/16; 44%): Jaguarundi (n=2), Crab-eating Raccoon (n=1), Puma (n=1), Ocelot (n=1), Manned Wolf (n=1) and Lesser Grison (n=1). According to the samples: aldicarb was found mainly in the liver (6/15, 40%) and then in aqueous humor (1/7; 14%). No samples were positive to carbofuran. The next steps are to finish processing the other samples. Our results demonstrate the presence of aldicarb, a pesticide that is currently banned in Brazil. We hypothesized the presence of aldicarb to three different ways: 1) consumption of poisoned pests; 2) presence of the aldicarb in the environment; and 3) direct poisoning. However, we cannot assess the impacts in terms of health (poisoning, sublethal exposure) of this compound in wild carnivores. In future studies we intend to investigate possible routes of exposure.

Respuestas inmunológicas y fisiológicas en renacuajos de *Lithobates taylori* (Anura: Ranidae) causadas por la exposición a múltiples estresores: depredación y concentraciones subletales de endosulfán beta y clorotalonil

Erick Ballestero[1], Federico Bolaños[1], Clemens Ruepert[2], Fabián Bonilla[1], Mahmood Sasa[3]

1. Escuela de Biología, Universidad de Costa Rica; 2. Instituto Regional de Estudios en Sustancias Tóxicas, Universidad Nacional Costa Rica; 3. Instituto Clodomiro Picado, Universidad de Costa Rica

Ponente: Erick Ballestero, eballestero87@gmail.com

La exposición a diferentes tipos de plaguicidas y su interacción con otros estresores naturales podrían ser la clave para entender los declines poblacionales de anfibios. Afectaciones en el mecanismo de liberación y regulación de hormonas de estrés en anfibios, podría ocasionar una disminución en su respuesta inmune. Esta investigación determinó el efecto de factores de estrés bióticos (depredación) y antrópicos (plaguicidas clorotalonil y endosulfán beta) sobre la respuesta inmune y fisiológica de renacuajos de *Lithobates taylori* de las partes altas del Valle Central de Costa Rica. Se utilizaron mesocosmos para realizar experimentos de exposición crónica utilizando 3 concentraciones de cada plaguicida y la presencia o ausencia de una larva de libélula como depredador. Los resultados de esta investigación mostraron que el tamaño corporal y el peso de los renacuajos disminuyeron cuando fueron expuestos a endosulfán beta. Este mismo plaguicida generó aumentos significativos en el número de neutrófilos en sangre. El clorotalonil por su parte, aumentó el número de monocitos, eosinófilos y eritrocitos en sangre. El grado de desarrollo larval fue acelerado por concentraciones altas de clorotalonil y desacelerado por concentraciones bajas de endosulfán beta. Por último, el endosulfán beta aumentó la concentración de corticosteroides en sangre, al generar estrés en los renacuajos. Este es el primer hallazgo que relaciona al endosulfán beta con aumentos en corticosteroides en anfibios. Por lo tanto, la presencia de ambos plaguicidas en las zonas altas de Costa Rica, tienen la capacidad de afectar procesos de desarrollo y mecanismos inmunológicos en los renacuajos de las poblaciones de *L. taylori*. Esto puede disminuir el valor adaptativo de los renacuajos y aumentar la probabilidad de ser infectados por patógenos emergentes o ser afectados por procesos de estrés hídrico. Ambos fenómenos podrían ser causantes de los declines enigmáticos de anfibios en este tipo de hábitats.

RESÚMENES - PONENCIAS ORALES

Arboviruses Surveillance in Zoos and Animal Rescue Centers in Brazil

Lilian S. Catenacci[1,2], Lisis J. de A. Fernandes[1], Marcos I. S. Barbosa[1], Eduardo J. Santana[1], Matheus O. Teixeira[1], Rayane S. Pereira[1], Sharon Deem[2], Jamie Palmer[2], Katheleen Apakupakul[2], Milene S. Ferreira[3], Livia C. Martins[3]

1. Universidade Federal do Piauí/ Campus Professora Cinobelina Elvas; 2. Saint Louis Zoo Institute for Conservation Medicine; 3. Section of Arbovirology and Hemorrhagic Fevers, Evandro Chagas Institute.

Ponente: Lilian Silva Catenacci, catenacci@ufpi.edu.br

Arbovirus transmission dynamics between wildlife, mosquitoes, and humans at the urban interface remains poorly understood. We evaluated the diversity and prevalence of arboviruses in new world captive primates in Brazilian cities that had high human prevalence of *yellow fever*, *dengue* and *Zika*. We also collected and identified mosquitoes that may be involved in the transmission of arboviruses at the wildlife–human interface. Molecular diagnostics were performed at the Evandro Chagas Institute and the Federal University of Piauí. A total of 127 neotropical primates, 46 from São Paulo, 23 from Pernambuco, 27 from Ceará and 31 from Rio de Janeiro states were collected, consisting mostly of *Alouatta spp. (n=20; 15%), Sapajus spp.(n=68; 53%)* and *Callithrix spp. (n=37; 29%)*. All sera samples were tested against 25 arbovirus antigens using a Hemaglutination Inhibition Test, with seven (3.93%) showing antibodies against members of the *Flavivirus genus,* including five samples from São Paulo and two from Ceará. The monotypic reaction found were against *Saint Louis virus*, with antibodies in *Alouatta guariba and A. caraya* from an animal rescue center in São Paulo. We captured a total of 5432 mosquitoes using CDC traps and nets. São Paulo had the highest number of mosquitoes (n= 3235) and the majority of the species collected were *Aedes scapularis* (n=1276) and *Culex spp.* (n=1766). We also found the highest abundance of *Culex* spp. and *Aedes spp.* in Ceará and Pernambuco. All of these are known to be vectors for *Flaviviruses*, with *Culex spp.* as the main vector of *Saint Louis virus.* These culicids contribute to arbovirus circulation and may represent a risk for primates that live in captivity in zoos and rescue centers. Because of the high abundance of arbovirus vectors, we recommend nets to cover the enclosures, protecting primates from mosquitoes and minimizing the risk of infection for wildlife.

IV CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

CONSTRUYENDO PUENTES PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

Parámetros hematológicos y bioquímicos de águila mora (*Geranoetus melanoleucus*) en cautividad.

Daniela Dousang[1], Cristina Palma[2], Lucila Moreno[3], Brayan Zambrano[4], Eduardo Paves[5], Daniel González-Acuña[1]

1. Laboratorio de Parásitos y Enfermedades de Fauna Silvestre, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Casilla 537, Chillán, Chile; 2. Departamento de Ciencias Clínicas, facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chile; 3. Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción; 4. Universidad Andrés Bello; 5. Bioamerica Consultores

Ponente: Daniel González-Acuña, dgonzalezacuna@gmail.com

Valores hematológicos y de bioquímica sanguínea de fauna silvestre en Chile y el Neotrópico han sido escasamente analizados, habiendo hasta la fecha muy poca información en aves rapaces, y siendo nulos en el águila (*Geranoetus melanoleucus*). Se determinaron los valores hematológicos y bioquímicos de referencia de águilas utilizando 30 ejemplares cautivas en el Centro Rehabilitación de aves rapaces de la Unión de Ornitólogos de Chile, en la ciudad de Talagante, centro del país. Los siguientes valores hematológicos fueron obtenidos: Volumen celular 42%; proteínas plasmáticas totales 41,2 g/L; Heterofilos 5,3 x 10^9/L; Linfocitos 0,7 x10^9/L; Monocitos 0,2 x10^9/L; Eosinfilos 0,2 x10^9/L; Basófilos 0,0. En relación a la bioquímica sanguínea, los resultados fueron los siguientes: Cal 2,7 mmol/L; Fosfato 1,6 mmol/L; Ácido Úrico 350,3 umol/L; Creatinin Kinasa 1113,1 U/L; Creatitina 42,2 umol/L; Lactato Deshidrogenasa 1393,1 U/L; Gama Glutamiltranspeptidasa 5,5 U/L; Fosfatasa Alcalina 49 U/L, Aspartato Aminotransferasa 197,9 U/L. No fueron encontrados parásitos sanguíneos. Los resultados obtenidos en este estudio establecen línea de base para los parámetros hematológicos y de bioquímica sérica para esta especie. Financiado por Fondecyt 1170972.

Determinación de variables de química plasmática para perezosos de dos dedos (*Choloepus hoffmanni*) y de tres dedos (*Bradypus variegatus*) en vida libre en Costa Rica

Isabel Hagnauer[1], Mauricio Jiménez[1], Ana Meneses[2], Nancy Astorga[3]

1. Hospital de Especies Menores y Silvestres, Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional, Costa Rica; 2. Laboratorio de Análisis Clínicos, Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional, Costa Rica; 3. Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional, Costa Rica

Ponente: Isabel Hagnauer, isahgb@gmail.com

Debido a la falta de información en aspectos médico veterinarios de muchas especies silvestres en Costa Rica, se realizó un muestreo para determinar algunas variables de química plasmática en una población de *Choloepus hoffmanni* y *Bradypus variegatus* de vida libre en la zona norte de Costa Rica, el muestreo se llevó a cabo entre marzo de 2009 a febrero de 2010. Se recolectaron asépticamente 2 ml de sangre heparinizada de individuos clínicamente sanos, un total de 58 muestras fueron procesadas, 33 para *C. hoffmanni* (17 hembras, 15 machos, 1 no sexado; 3 juveniles, 30 adultos) y para *B. variegatus* 25 individuos (15 hembras, 9 machos, 1 no sexado; 25 adultos), se utilizó un espectrofotómetro, Metrolab 1600, y reactivos de la casa Wiener para evaluar las variables de los principales órganos de choque. Algunos de los rangos de referencia establecidos son proteínas totales 6.5 -7.2 g/dl y 7.0 - 7.6 g/dl, la glucosa 54 -63 mg/dl y 72.5 -90 mg/dl, la AST 65 – 80UI/L y 175 – 204UI/L, para *C. hoffmanni* y *B. variegatus* respectivamente, la creatinina 0.54 – 0.62 mg/

dl para ambas especies. La determinación de valores de referencia constituye una herramienta esencial para el diagnóstico, tratamiento y seguimiento de individuos enfermos y para la evaluación de estados de salud de poblaciones de interés con fines de conservación.

A systematic revision of viral and bacterial pathogens of free-ranging wild birds in Chile

Daniel González-Acuña[1], Sebastián Llanos-Soto[1]

1. Laboratorio de Parásitos y Enfermedades de Fauna Silvestre, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chile

Ponente: Daniel González-Acuña, dgonzalezacuna@gmail.com

Wild birds are deeply involved in the emergence of infectious diseases in domestic animals and humans. Knowledge about the pathogenic agents present in avian species is pivotal to properly prevent transmission events that might threaten public health and animal production. This systematic review intended to organize all the information available about viral and bacterial pathogens of Chilean avian species, determine those that have not been properly studied by the local scientific community, evaluate how often articles are being published and identify regions in Chile that concentrate the highest and lowest number of studies concerning viral and bacterial pathogens. A total of 34 peer-reviewed publications were assessed from January 1940 through January 2019. From these, 11 studies evaluated viral agents, while 23 involved bacteria. Publications has been mostly discontinuous in the years prior to 2006, with an absence of studies in periods from 1991 and 1994 and from 2000 and 2005. The most studied pathogens were *Salmonella* spp. and avian influenza with 9 and 8 studies, respectively. The most studied regions in the country were Los Ríos and Valparaíso with 8 studies each and no studies were done in O'Higgins, Maule and Aysén regions. Overall, information about pathogens in wild birds is very scarce. An increased effort is necessary to properly identify the pathogenic agents present in wild birds and the potential impact that they might have on their health. Furthermore, it is extremely relevant to also evaluate the role of wild birds as reservoir of diseases that could signify a threat to animal production and public health systems in Chile.

Detection of *Chlamydia psittaci* in Harris´s hawks (*Parabuteo unicinctus*) admitted to a rehabilitation center of Buenos Aires city, Argentina.

Maria Julia Madariaga[1], Javier Aníbal Origlia[2], María Luisa Teijeiro[1], Juan Carlos Sassaroli[3], Federico Bondone[4], María Estela Cadario[5]

1. Sección Serología y Pruebas Biológicas, Instituto de Zoonosis Luis Pasteur, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina; 2. Cátedra de Patología de Aves y Pilíferos, Facultad de Ciencias Veterinarias Universidad Nacional de La Plata, Argentina; 3. Departamento de Prevención y Control de Zoonosis, Instituto de Zoonosis Luis Pasteur, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina; 4. Centro de Rescate de Fauna Silvestre. Ecoparque de la Ciudad de Buenos Aires, Argentina; 5. Laboratorio Bacteriología Clínica, INEI ANLIS, Dr. Carlos G. "Malbrán", Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

Ponente: Javier Aníbal Origlia, javieroriglia@yahoo.com

Chlamydia psittaci is a zoonotic bacterium that affects birds and mammals.

Chlamydia psittaci infections have been described in more than 400 species of birds, with variable clinical symptoms and mortality. The Costanera Sur Ecological Reserve, is the largest protected natural area of Buenos Aires city (CABA). There, works a wildlife rehabilitation center which receives animals from CABA and the province of Buenos Aires. The aim of this study was to establish the presence of *C. psittaci* and to identify genotypes in Harris's hawks (*Parabuteo unicinctus*) admitted to such rehabilitation center. Cloacal swabs and different organs from Harris's hawks were processed for diagnosis of *C. psittaci*. DNA was extracted using a commercial method and a real-time PCR assay was performed with specific primers to detect *Chlamydiaceae* family (*23SrRNA* gene). *Chlamydia* spp. positive samples by real-time PCR underwent a specific *C. psittaci* nested-PCR (*OmpA* gene) and were cultured in Vero cells. The isolates were identified by immunofluorescence with monoclonal anti-LPS-FICT and with a *Chlamydiaceae* specific real-time PCR (*23SrRNA* gene). Nested-PCR specific products were purified and sequenced. All the sequences obtained were analyzed with the programs BIOEDIT7.2 and MEGA7.0. Between 2014-2018, samples from 45 Harris´s hawks (26 cloacal swabs and 19 organs) were processed. Three samples were positive with a frequency of *C. psittaci* of 6.6% (3/45). Two samples were characterized as genotype A and one as genotype E; from the latter, isolation was achieved. None of the birds showed symptoms compatible with avian chlamydiosis. This is the first report of *C. psittaci* in Harris´s hawk and the presence of genotype E in Argentina. It is an important finding for public health due to the human-bird interaction that is generated during the rescue and rehabilitation stages of the birds. This work was partly funded by FOCANLIS 2015.

Preliminary Findings of the Ophthalmologic Exam of Owls

Eugenia Bermúdez Jiménez[1], Randall Arguedas[2]

1. EyeVet Costa Rica; 2. Zoológico Simón Bolivar

Ponente: Eugenia Bermúdez Jiménez, ginibj@gmail.com

Costa Rica has 17 owl species recorded and the Simon Bolivar Zoo holds seven of these species that came from different reasons including trauma and orphaned individuals. Around 54% of the incoming cases are related to general trauma and pupillary light responses to different light frequency may help the initial diagnosis when head trauma is suspected. After a cranioencephalic trauma event, ocular inflammation can lead to secondary ocular hypertension that, if left untreated, can cause blindness. Thirty-seven individuals from seven species: *Ciccaba virgata (n=8), Ciccaba nigrolineata (n=2), Pseudoscops clamator (n=6),, Megascops choliba (n=7)* and *Glaucidium brasilianum (n=5),Pulsatrix perspicillata (n=3)* and *Tyto alba (n=6)* were examined. The evaluation was performed in the morning, using tetracaine ophthalmic drops, slit lamp, applanation tonometry (Tonopen), blue and red light source and the panoptic. The ophthalmic evaluation consisted of checking the anterior segment, posterior segment, light responses and finally intraocular pressure was measured. The mean and standard deviation of intraocular pressure per species were: *C. virgata* (12.07 ± 1.67), *C. nigrolineata* (12.0 ± 0), *P. clamator* (10.46 ± 1.66), , *M. choliba* (12.42 ± 1.60), *G. brasilianum* (11.66 ± 1.73), *P. perspicillata* (11.50 ± 2.81) and *T. alba* (14.41 ± 0.79). Only two owls had apparent elevated intraocular pressure (18 and 20 respectively). The light response was fast and similar on all the species except the *C. virgata* that reacts slower to the red light. *C. virgata* individuals must have further analysis like ERG (electroretinogram) to investigate possible anatomical or physiological mechanisms that might explain the apparently slow light response within the rods on the retina that can be causing some blindness.

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

Manejo médico de fracturas en perezosos

Janet Sandi[1], Daniel Chavarria[1]

1. Fundación Toucan Rescue Ranch

Ponente: Janet Sandi, janet@toucanrescueranch.org

En Costa Rica hay dos especies de perezosos, el *Choloepus hoffmanni* y el *Bradypus variegatus*, ambos llegan con cierta frecuencia a los centros de rescate por diferentes motivos y de edades muy variadas. Las principales causas de ingreso son neonatos huérfanos o juveniles y adultos electrocutados o con fracturas producto de accidentes en carretera ya que muchas veces no tienen otra opción más que cruzar las calles en busca de alimento o pareja, o bien como consecuencia del ataque de otros animales como perros domésticos principalmente; muchos de estos casos no son mortales sino que simplemente involucran fracturas de miembros. Se presentan 3 casos de estudio, donde se pueden analizar las diferentes técnicas de cirugía ortopédica que se utilizaron según cada caso. Se trabajó principalmente la técnica de la fijación externa, se realizaron radiografías de seguimiento semanales o quincenales, en ningún caso hubo rechazo a los materiales utilizados, todas las fracturas resolvieron en un 100% y los animales tuvieron un proceso de rehabilitación exitoso. Es importante reconocer que en su gran mayoría, los perezosos rescatados se pueden devolver a su hábitat y no es necesario ni hay razones por las que tengan que permanecer en cautiverio si no tienen ninguna discapacidad que les impida llevar una vida normal.

Fratura da sínfise mandibular em veado-catingueiro (*Mazama gouazoubira*)

Luis Orlando Baselly Cueva[1], Fernanda Mara Aragão Macedo Pereira[2], Laynara Silva dos Santos[3], Silvia Eugenia Vargas Mora[3], Monique Rusch Rossato[4], Sheila Canavesse Rahal[1]

1. Departamento de Cirurgia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Botucatu, São Paulo; 2. Departamento de Anatomia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Botucatu, São Paulo; 3. Departamento de Clínica, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Botucatu, São Paulo; 4. Faculdade de Medicina Veterinária, Centro Universitário Ingá, Maringá, Paraná

Ponente: Silvia Vargas Mora, sevm201@gmail.com

Devido à sua natureza agitada, a manutenção de cervídeos em cativeiro é desafiadora, sendo comuns erros de manejo e acidentes, que podem levar o animal à morte. A maioria das intervenções cirúrgicas decorre de traumatismos causados por este perfil comportamental, sendo a face, principalmente em região mandibular, comumente afetada. O presente trabalho descreve o caso clínico de um veado-catingueiro (*Mazama gouazoubira)*, macho, 2 anos de idade, pesando 22.5 kg, apresentando sialorreia, má oclusão rostral, anorexia e instabilidade mandibular, com diagnóstico clínico e radiográfico de disjunção na região sinfisária. O animal foi anestesiado com cetamina 5 $mg.kg^{-1}$, dexmedetomidina 0.02 $mg.kg^{-1}$, midazolam 0.25 $mg.kg^{-1}$ e butorfanol 0.1 $mg.kg^{-1}$, IM. Em seguida, realizou-se lavagem e limpeza bucal com solução salina 0.9%, clorexidina 2% e álcool 70%. Realizou-se duas cerclagens circunferenciais na mandíbula, paralelas, submucosas, em região caudal aos caninos, com fios de aço 0.6 mm. Tratou-se a ferida com solução salina e pomada de sulfadiazina de prata 1% BID até cicatrização. O animal foi medicado com meloxicam 0.2 $mg.kg^{-1}$ SID e tramadol 3 $mg.kg^{-1}$ BID, VO por 3 dias. Após, foi administrada

amoxicilina com ácido clavulânico 15 mg.kg^{-1} BID por 14 dias, e meloxicam SID por 5 dias, VO. Foi administrada dieta pastosa, BID por 7 dias, ingerida espontaneamente. O veado foi reavaliado semanalmente até 2 meses após a cirurgia, quando foi retirado o fio de aço após consolidação. Os sinais clínicos observados condizem com o descrito em literatura tanto para ruminantes domésticos quanto para pequenos animais de companhia. Apesar da falta da ancoragem interdentária caudal aos caninos como é conseguida em cães e gatos, devido ao diastema entre os caninos e os pré-molares, não foi observada movimentação da cerclagem, perda da estabilidade ou demais complicações. Tal técnica foi considerada satisfatória, promovendo adequada estabilização da região inter-mandibular e plena recuperação do paciente.

Primeiro relato de hemangiossarcoma ocular em anta (*Tapirus terrestres*, Perissodactyla: Tapiridae)

Luis Orlando Baselly Cueva[1], Fernanda Mara Aragão Macedo Pereira[2], Laynara Silva dos Santos[3], Sheila Canavesse Rahal[1], Daniel Angelo Felippi[1], Paolla Nicole Franco[1], Silvia Eugenia Vargas Mora[1]

1. Departamento de Cirurgia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Botucatu, São Paulo; 2. Departamento de Anatomia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Botucatu, São Paulo; 3. Departamento de Clínica, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Botucatu, São Paulo

Ponente: Silvia Vargas Mora, sevm201@gmail.com

Este trabalho relata o caso clínico de uma anta (*Tapirus terrestres*), sete anos de idade, macho, apresentando hemangiossarcoma ocular, uma neoplasia rara, de rápida evolução e prognóstico desfavorável. O animal apresentou opacidade na córnea direita, seguido do aparecimento de uma massa esférica na terceira pálpebra, crescendo por aproximadamente dois meses até intervenção clínica. Para a enucleação do olho afetado, após jejum, a anestesia foi realizada com sulfato de atropina 0.04 mg/kg, xilazina 2 mg/kg e butorfanol 0.2 mg/kg, IM; cetamina 2mg/kg e midazolam 0.1 mg/kg, IV. Foi realizado bloqueio anestésico ocular e do nervo óptico com lidocaína 2%. Realizou-se uma incisão de 3 cm na pele, na zona orbicular paralela ao olho. Fez-se 4 ancoragens cardinais para facilitar a manipulação. Procedeu-se a dissecação de toda musculatura e ligamentos periorbitais. Foi realizada transfixação com ácido poliglicólico 0 do plexo ocular, seguida da ressecção do globo ocular e estruturas anexas. A musculatura periorbital foi suturada com ácido poliglicólico 2-0, com pontos simples contínuos, e a pele com nylon 3-0, pontos simples interrompidos. Fez-se curativo e aplicou-se spray à base de antibiótico e alumínio micronizado. A anestesia foi revertida com ioimbina 0.15 mg/kg. A ferida cirúrgica foi tratada com iodopovidona tópica até a remoção da sutura, no oitavo dia pós-operatório. O animal foi medicado com flunixin meglumine 1.1 mg/kg SID por 5 dias e enrofloxacina 10 mg/kg por 10 dias. O paciente se recuperou completamente do procedimento em 24 horas e diariamente foi submetido à avaliação física. Os curativos foram feitos com solução fisiológica e spray de alumínio até completa cicatrização. A análise histopatológica identificou uma massa neoplásica, pouco delimitada, formada por vasos sanguíneos separados por quantidade regular de tecido conjuntivo, infiltrando a conjuntiva e esclera. A técnica cirúrgica, extrapolada de animais domésticos, foi considerada satisfatória e não se apresentaram recidivas tumorais no paciente.

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

Spontaneous retroperitoneal liposarcoma in a free-ranging golden-headed lion tamarin (*Leontopithecus chrysomelas*), Brazil

Marina G. Bueno[1], Camila V. Molina[2,3], Maria C. M. Kierulff[2,4], Alcides Pissinatti[5], José Luiz Catão-Dias[3], Josué Díaz-Delgado[3]

1. Plataforma Institucional Biodiversidade e Saúde Silvestre, Fundação Oswaldo Cruz – Fiocruz, Rio de Janeiro, Brasil; 2. Instituto Pri-Matas para a Conservação da Biodiversidade, Belo Horizonte, Brasil; 3. Laboratório de Patologia Comparada de Animais Selvagens, Departamento de Patologia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, Brasil; 4. Programa de Pós-graduação em Biodiversidade Tropical, Centro Universitário Norte do Espírito Santo, Universidade Federal do Espírito Santo – CEUNES-UFES, São Mateus, Brasil; 5. Centro de Primatologia do Rio de Janeiro, Instituto Estadual do Ambiente – INEA, Rio de Janeiro, Brasil; Centro Universitário Serra dos Órgãos, Teresópolis, RJ, Brasil

Ponente: Marina Galvão Bueno, buenomg@gmail.com

Primary connective tissue neoplasia is uncommon in nonhuman primates (NHPs). Those of adipocytic origin, especially malignant ones, are rare and there are only few reported liposarcoma cases. Herein, we report a retroperitoneal liposarcoma in a free-ranging golden-headed lion tamarin (GHLT; *Leontopithecus chrysomelas*). A juvenile, male GHLT was found at the "Serra da Tiririca" State Park, Rio de Janeiro state. The animal was captured on the ground and on physical examination presented apathy, hyporexia, and distended abdomen. The animal was found dead two days after admission. On necropsy examination, upon dissection of the peritoneum the caudoventral abdomen and pelvic cavity were occupied and distended by a 10 cm in diameter, pale tan to yellow, firm, well-demarcated mass that was attached to the pubic ligament focally. Microscopically, the retroperitoneal mass consisted of a well-demarcated, partially encapsulated, moderately cellular, expansive and locally infiltrative neoplasm that was largely composed of adipocytic lobules intermingled with variably large fibromyxoid foci, supported by fibrovascular stroma. In adipocytic areas, tumor cells resembled maturing adipocytes of various sizes, with large cytoplasm occupied by a single clear vacuole that peripheralized oval, hyperchromatic nuclei with inconspicuous nucleoli. In fibromyxoid foci, dedifferentiated spindle tumor cells had mild eosinophilic fibrillar cytoplasm with poorly demarcated borders and oval nuclei with stippled chromatin and few small nucleoli. Anisocytosis and anisokaryosis were mild to moderate for both tumor cell patterns; mitotic figures averaged one per ten high-power fields (400x). Additional tumor cell features included occasional binucleation, multinucleation, focal nuclear atypia and hyperchromasia. Thus, a diagnosis of retroperitoneal atypical lipomatous tumor well-differentiated liposarcoma (ALT/WDL) with myxofibrosarcoma-like dedifferentiation was most plausible. This tumor subtype in a free-living GHLT is novel and atypical; it contributes to expand knowledge on neoplasia in neotropical NHPs. Liposarcomas should be included in the differential diagnosis for abdominal distention and/or intraperitoneal masses in NHPs.

Evidência de lesão neurológica por Chelonid alphaherpesvirus 5 (ChHV5) em tartaruga-verde (*Chelonia mydas*), no Brasil

Roberta Ramblas Zamana[1,2], Marco Aurélio Gattamorta[1,2], Pedro Enrique Navas-Suárez[2], Isabela Santos Silva[1,2], Daniel Wagner Rogério[3], Camila Trentin Cegoni[3], Isabela Moreira Neto[3], Eliana Reiko Matushima[3]

1. Grupo de Pesquisa sobre Fibropapilomatose em Tartarugas Marinhas, Universidade de São Paulo, Brasil. 2. Laboratório de Patologia Comparada de Animais Selvagens (LAPCOM), Departamento de Patologia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, Brasil; [3] Faculdades Metropolitanas Unidas-

FMU, Brasil; 3. Fundação Pró- TAMAR- SC, Brasil.

Ponente: Roberta Ramblas Zamana, rrzamana@gmail.com

O *Chelonid alphaherpesvirus 5* (ChHV5) é considerado o agente etiológico primário da fibropapilomatose (FP), uma enfermidade debilitante, infectante e de ocorrência circuntropical, reportada em todas as espécies de tartarugas-marinhas. Aspectos da biologia do ChHV5, particularmente associados aos mecanismos de dispersão, diferentes manifestações clínicas e potencial associação à lesões em tecidos, como rins e pulmões vem sendo recentemente elucidados, bem como sua detecção em tecidos clinicamente sadios, sugerindo mecanismos de latência, característico de demais alphaherpesvirus, como observado em equinos (EHV-1) e bovinos (BoHV-5), particularmente em sistema nervoso, onde podem causar quadros clínicos severos, como encefalites, em casos de reativação viral. Com objetivo de compreender a biologia e o mecanismo de latência do ChHV5, amostra de cérebro coletada e fixada em formol a 10%, durante exame necroscópico de uma tartaruga-verde (*Chelonia mydas*), procedente do Centro de Visitação do Projeto TAMAR- Florianópolis-SC, foi submetida à avaliação histopatológica e molecular no Laboratório de Patologia Experimental e Comparada de Animais Selvagens (LAPCOM) da Universidade de São Paulo (USP). Na microscopia, observou-se a presença de múltiplos focos de leve manguito perivascular linfocítico e histiocítico, sugestivo de encefalite por infecção viral. Molecularmente o ChHV5 foi detectado por PCR convencional e confirmado por sequenciamento de Sanger, com base no gene UL-18 (glicoproteína de capsídeo), a partir da extração de DNA de material parafinado. Estes achados possibilitam levantar novas hipóteses sobre outras possíveis manifestações clínicas do ChHV5, apontar para os mecanismos de latência ou neurotropismo e, desta forma, propor uma avaliação mais detalhada das possíveis outras manifestações clínicas causadas por este alphaherpesvirus. Considerando o ChHV5 e suas implicações nas tartarugas-verdes (*Chelonia mydas*), um fator preocupante para a conservação desta espécie, uma vez que, recentes estudos em várias regiões geográficas têm demonstrado altas prevalências de indivíduos portadores deste agente. Palavras-chave: Fibropapilomatose, Herpesvirus, Latência, Neurotropismo, Tartarugas-marinhas.

PONENCIAS TIPO CARTEL

Cardiomyopathy caused by *Trypanosoma* cruzi and other infectious agents found in two free-ranging coatis (*Nasua narica*) from Costa Rica.

Andrea Urbina Villalobos[1], Juan Alberto Morales-Acuña[2], Jorge Rojas-Jiménez[3,4,5], Milena Argüello-Sáenz[1,5], Silvia Acevedo-González[1]

1. Laboratorio de Zoonosis, Escuela de Medicina Veterinaria, UNA; 2. Laboratorio de Patología, Escuela de Medicina Veterinaria, UNA; 3. Nai Conservation, San José, Costa Rica, 4. IUCN/SSC Tapir Specialist Group (TSG), Gland, Switzerland, 5. Awá Science & Conservation, Costa Rica

Ponente: Milena Argüello-Sáenz, milenaarguellos@gmail.com

White-nose coatis (*Nasua narica*) is a procyonid widely distributed in semi-urban and protected areas from Costa Rica. It is considered the most abundant small carnivore in some areas of the country. This mammal has been reported as host of different infectious agents including *Trypanosoma cruzi*. Necropsy studies in this procyonid are important in order to determine the cause of death, extent of disease and to identify potential zoonotic infections. The aim of this study was to describe the infectious agents found by histopathological analysis in two free-ranging *N. narica* specimens from a troop that was presenting sudden death in the Bahía Ballena

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

National Park in the province of Puntarenas, in order to determine the possible cause of death, and to discussed the potential zoonotic risk of these findings. Histopathological analysis was performed in several tissues stained with Hematoxylin & Eosin. *Paragonimus* spp., *Dirofilaria* spp., *Sarcocystis* spp. were demonstrated by histopathology. Eosinophilic intranuclear inclusions compatible with the Distemper Virus (DV) were observed in nervous tissue. Chagasic myocarditis is reported for the first time in this small carnivore. The Polymerase Chain Reaction (PCR) in paraffin embedded tissues confirmed the presence of *T. cruzi* in both animals. Multiple parasitism and viral neurological involvement could be the result of host factors, environment and infectious agents' interactions in the host. DV and chagasic myocardiopathy could be the cause of death in these two *N. narica* specimens. Efforts towards epidemiological vigilance through a multidisciplinary approach are necessary to improve small carnivore knowledge. We consider this a contribution for conservation strategies do to the importance of zoonotic diseases for public and animal health given the increasing interactions between humans, domestic and wild animals in protected areas.

Caso de Filariasis en un Mono capuchino (*Cebus capucinus*), mantenido en cautiverio en la Ciudad de México y las implicaciones de ello para la Salud Pública.

María Alejandra Romero Forero[1], Rubén Alejandro Zapara Marín[2], Sokani Sánchez-Montes[3]

1. VETME HOSPITAL CONDESA. Área de Animales de compañía no convencionales, Ciudad de México; 2. Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco, División de Ciencias Biológicas y de la Salud, Ciudad de México, México; 3. Unidad de Investigación en Medicina Experimental, Centro de Medicina Tropical, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México

Ponente: María Alejandra Romero Forero, malejandraromeroforero@gmail.com

La Filariasis es una enfermedad causada por nemátodos del género *Dirofilaria,* transmitidos por mosquitos en las zonas tropicales y templadas del mundo. Estos helmintos se han reportado parasitando más de 200 especies de animales incluyendo carnívoros, artiodáctilos, perisodáctilos y primates no humanos; presentando diversa signología o siendo reservorios. En primates, la mayoría de las especies de dirofilarias se han reportado en Brasil, entre ellas: *D. acutiuscula, D. freitasi, D.incrassata, D. immitis, D. magalhaesi, D. repens, D. spectans y D. striata*. Para Ecuador se ha reportado *D. immitis* en un Mono chichico (*Leontocebus nigricollis graellsi*); en Colombia se tiene una prevalencia reportada del 6,39% en calitricidos e igualmente se ha reportado *Microfilaria bolivarensis* y *Dipetalonema persans* en *Saimiri y Aotus* respectivamente. En este caso particular se busca describir los hallazgos de filariasis en un mono capuchino (*Cebus capucinus*) macho entero de aproximadamente tres años, mantenido como mascota en la Ciudad de México y originario del estado de Chiapas, ingresó a VETME hospital Veterinario por hiporexia, baja condición corporal, alopecia en región caudal de miembros pélvicos, pelo hirsuto y diarrea. En la muestra de sangre se observaron microfilarias mediante microscopía de campo claro; al realizar la prueba de ELISA para *Dirofilaria immitis* se obtuvo un resultado negativo para el antígeno, por lo cual se realizaron tinciones y toma de muestras adicionales para la ejecución de técnicas moleculares mediante la amplificación del gen ribosomal 18S. De manera que mediante la descripción de los hallazgos, se desea contribuir al conocimiento y comprensión de algunas de las dinámicas complejas de estos parásitos, su riesgo zoonótico; recalcando en este caso particular el que se trate de un ejemplar exótico. Finalmente aportar información ante la ausencia de reportes de filariasis en primates en México.

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

Reproductive alterations in *Scinax x-signatus* (Anura: Hylidae) in agriculture ecosystems in northeastern Brazil

Roberta da Rocha Braga[1], Patrícia Menezes Gondim[2], Daniel de Araújo Viana[3], Eliana Reiko Matushima[1]

1. Universidade de São Paulo; 2. Universidade Federal do Ceará; 3. Laboratório Pathovet

Ponente: Roberta da Rocha Braga, robertarocha@ufc.br

Amphibians have been considered bioindicators of environmental changes. A cross-sectional study was carried out to compare morphopysiological alterations in gonads of the anuran *Scinax X-signatus* collected in controlled and cultivated areas in Vale do Jaguaribe, Ceará, northeastern Brazil. The specimens were collected manually and submitted to euthanasia by lidocaine 30mg/kg injection in *foramen magnum*. They were dissected, gonads were removed, fixed in formaldehyde 10% and processed for routine histology. Ovaries and testicles were examined under light microscope and statistical analysis were performed using R. A total of 118 specimens were collected: 86 females, 28 males and 4 juveniles. In the cultivated area, it was found plastic bottles for dimethoate and oxime-carbamate. It was observed significant majority of immature individuals (X^2= 4.2, df = 1, p = 0.04). It was observed no difference between adults out of the two areas; however, immature individuals of cultivated areas were found significant smaller (W = 1024, p<0.001). The smaller mature male and female measured SVL=2.93cm and 2.34cm, respectively. Nevertheless, a male (SVL=3.12cm) and a female(SVL=3.13cm) were found larger than the smaller mature ones but presented inactive gonads, with reduced volume and absence of gametes. Among analyzed gonads, 14,28% (7/49) presented alterations, as 4/7 atrophic organ and 5/7 ovotestis, but with no significant difference between areas. Some pesticide can delay metamorphosis and reduce growth rate, with no effects in survival rates. Some others can cause feminization, due to aromatase expression. Although multiple factors can be involved, results of current work evoque possible significant negative effects of the agricultural practices in a local frog population. More studies are underway to substantiate these observations.

PONENCIAS TIPO CARTEL

Pathologic Findings in Road-killed Lowland Tapirs (*Tapirus terrestris*) in the Brazilian Cerrado

Pedro Enrique Navas-Suarez[1], Josué Díaz-Delgado[1], Renata Carolina Fernandes-Santos[2], Caroline Testa-José[3], Emília Patrícia Medici[3], José Luiz Catão-Dias[1]

1. Laboratório de Patologia Comparada de Animais Selvagens (LAPCOM), Departamento de Patologia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, Brazil; 2. IUCN SSC Tapir Specialist Group (TSG); 3. Lowland Tapir Conservation Initiative (LTCI), Instituto de Pesquisas Ecológicas (IPÊ), Campo Grande, Mato Grosso do Sul, Brazil

Ponente: Pedro Enrique Navas-Suárez, pedroenasu@gmail.com

The lowland tapir (*Tapirus terrestris*) is the largest land mammal in South America. The species is listed as vulnerable to extinction, has a steady population decline and its main threats in Brazil include poaching, habitat loss and fragmentation, road-kill, pesticide poisoning, competition with domestic livestock, and fires. Little information is available on natural disease causes for this species. This study aimed at reporting the pathologic findings recorded in a cohort of 35 lowland tapirs that died due to motor vehicle collision (MVC) 'road-killed' in Mato Grosso do Sul state, Brazil, between 2015 and 2018. The main gross pathologic findings were those associated with MVC, primarily involving bone fractures and internal multiorgan rupture with

extensive bleeding and/or severe central nervous system injury. The most prevalent none related to the cause of death observed by histopathology were: adrenocortical atrophy, fibrosis and loss of reticular and fascicular cells (9/15; 60%), interstitial pneumonia (20/34; 59%), glossitis (9/24; 38%), pulmonary anthracosis (12/34; 35%), colitis (9/28; 32%) and cholangitis/pericholangitis (9/35; 26%). Various novel pathologic findings or disease processes were also observed. The etiopathogeneses and clinicopathologic significance of some of these findings are unclear: However, parasitic disease appears to be very common. These results expand the existing information upon tapir pathology and establish baseline pathology information for the species in Brazil. Also, our findings may prove of value to veterinarians and diagnosticians, as well as future conservation policies.

Identification of the Helminth Diversity in Died Carnivores by Motor Vehicle-Collision in Roads of São Paulo, Brazil.

Júlia Ferraz Cereda Martinez[1], Juliana Marigo[1], Pedro Enrique Navas Suárez[1], José Luiz Catão Dias[1], Priscila Rodrigues de Sousa[2], Mauricio Candido da Silva[3]

1. Laboratório de Patologia Comparada de Animais Selvagens (LAPCOM), Departamento de Patologia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, Brasil; 2. Concessionária Tamoios, São Paulo, Brasil; 3. Museu de Anatomia Veterinária, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, Brasil

Ponente: Pedro Enrique Navas Suárez, pedroenasu@gmail.com

Wildlife mortality by Motor Vehicle-Collision (MVC) is one of the main impacts of roads. In Brazil data suggest a loss of more than 470 million animals per year, approximately 15 per second, impacting most all terrestrial vertebrate species. Roadkills can provide biological and/or epidemiological information. In a local/regional context, it can provide knowledge about parasitological diversity in certain species. The aim of this study was to determine and identify the helminth diversity and its associated injuries in died carnivores by MVC in selected roads of Sao Paulo State, Brazil, between 2017-2019. In the first 25 months, 37 carnivores were recorded. We have representativeness of all families presented in the Atlantic forest. The distribution by sex was: male (n=25) and female (n=12). Body condition was categorized as: good (n=32), and regular (n=5). During necropsy helminths were observed in 57% (n=21) of the cases. Helminths were identified in alimentary tract (n=21), urinary system (n=3) and integumentary system (n=1). According to phylum were observed: Nematodes (18/21; 85.7%), Cestodes (4/21; 19%), and Acanthocephala (7/21; 33.3%). Macroscopically, stomach granulomas were identified in cougar (n=4), which was identified by histopathology as a spiruroid nematode. Hydronephrosis by *Dioctophyma* sp. was observed in maned wolf (n=2) and greater grison (n=1); there was also a subcutaneous helminthic infection in a cougar (n=1) identified by histopathology as a nematode. Histologically, lungworm was identified in 11 cases, representing 5 species. Molecularly, we already identified one genus of acanthocephala (*Oncicola* sp.) parasitizing small intestine of cougars (n=2). The next steps are to identify molecularly the other helminths collected. The present data support the idea that roadkills are a good sample to evaluate the helminth diversity in wild carnivores.

IV CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

CONSTRUYENDO PUENTES PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

Análisis post mortem de causas de enfermedad en mamíferos, reptiles y aves silvestres de vida libre de Costa Rica, remitidos por el Sistema de Vigilancia Epidemiológica (SIVE) del Servicio Nacional de Salud Animal (SENASA)

Tamara Solórzano Scott[1], Fernando Aguilar Vargas[1], Alejandro Alfaro Alarcón[2]

1. Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional, Costa Rica; 2. Cátedra de Patología, Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional, Costa Rica.

Ponente: Tamara Solórzano Scott, Fernando Aguilar Vargas, tamarasolorzano08@gmail.com | fernae28@gmail.com

El aumento en la interacción entre animales silvestres, domésticos y el ser humano tiene impacto directo en la viabilidad de las poblaciones silvestres, principalmente en ecosistemas alterados por restricción de hábitat, en donde se observa un incremento en las posibilidades de transmisión de enfermedades interespecie. Este estudio determina las principales causas de enfermedad en mamíferos terrestres, aves y reptiles silvestres de vida libre de Costa Rica. Determina el potencial zoonótico de las enfermedades encontradas y su impacto en la población silvestre del país. Además, establece registros estructurados y mapeo de las patologías encontradas. El SIVE del SENASA y el WAHIS-WILD de la OIE permiten el registro oficial de acceso público de la presencia de agentes etiológicos circulantes en los animales en el territorio costarricense. Este trabajo comienza como una iniciativa de colaboración entre el SENASA y la Escuela de Medicina Veterinaria de la Universidad Nacional, en el cual, los animales silvestres encontrados muertos son remitidos por el Programa de Fauna Silvestre del SENASA y el Sistema Nacional de Áreas de Conservación, para analizar mediante el estudio post-mortem y pruebas laboratoriales complementarias, las posibles etiologías presentes. En seis meses se han procesado 20 especímenes, obteniéndose los siguientes hallazgos: 60% traumáticas, 55% parasitarias, 40% bacterianas, 25% virales y 1% tóxicas. El 80% de los casos presentan múltiples causas de enfermedad, 20% enfermedades zoonóticas y 75% de las causas traumáticas muestran agentes infecciosos que comprometía el estado de salud del animal. Estos resultados permitirán elaborar un registro detallado y mapeo según enfermedad y su potencial zoonótico, especie animal y zona del país, facilitando el análisis del estatus sanitario de la fauna silvestre en Costa Rica y ayude en la toma de medidas de prevención y mitigación de sucesos que puedan involucrar tanto a la salud humana o animal.

Comparative immunopathology of Cetacean Morbillivirus infection in free-ranging dolphins from Western Mediterranean, Northeast-Central, and Southwestern Atlantic

Josué Diaz-Delgado[1], Katia R. Groch[1], Rodrigo Ressio[2], Isis P.J. Riskallah[3], Eva Sierra[4], Simona Sacchini[4], Oscar Quesada-Canales[4], Manuel Arbelo[4], Antonio Fernández[4], Elitiere Santos-Neto[5], Joana Ikeda[5], Rafael Ramos de Carvalho[5], Alexandre de Freitas Azevedo[5], José Lailson Brito Jr[5], Leonardo Flach[6], Cristina T. Kanamura[7], Natalia C.C.A. Fernandes[8], Bruno Cogliati[9], Cinzia Centelleghe[9], Sandro Mazzariol[9], Ludovica Di Renzo[10], Gabriella Di Francesco[10], Giovanni Di Guardio[11], José Luiz Catão-Dias[1]

1. Laboratory of Wildlife Comparative Pathology, University of São Paulo, Brazil; 2. Pathology Center, Adolfo Lutz Institute (IAL), São Paulo, SP, Brazil; 3. Laboratory of Morphologic and Molecular Pathology, Department of Pathology, School of Veterinary Medicine and Animal Science, University of São Paulo, Brazil; 4. Institute for Animal Health and Food Safety, School of Veterinary Medicine, University of Las Palmas of Gran Canaria, Arucas, Gran Canaria, Spain; 5. Laboratory of Aquatic Mammals and Bioindicators: Profa Izabel M. G. do N. Gurgel'(MAQUA), Faculty of

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

Oceanography, Rio de Janeiro State University, Maracanã, Rio de Janeiro, Brazil; 6. Instituto Boto cinza, Mangaratiba, Rio de Janeiro, Brazil; Pathology Center, Adolfo Lutz Institute (IAL), São Paulo, SP, Brazil; 7. Pathology Center, Adolfo Lutz Institute (IAL), São Paulo, Brazil; 8. Laboratory of Morphologic and Molecular Pathology, Department of Pathology, School of Veterinary Medicine and Animal Science, University of São Paulo, Brazil; 9. Department of Comparative Biomedicine and Food Hygiene (BCA), University of Padova, Agripolis, Legnaro, Padova, Italy; 10. Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise "G. Caporale", Teramo, Italy; 11. Faculty of Veterinary Medicine, University of Teramo, Località Piano d'Accio, Teramo, Italy.

Ponente: José Luiz Catão-Dias, zecatao@usp.br

Cetacean morbillivirus (CeMV; *Paramyxoviridae*) causes fatalities in odontocetes and mysticetes worldwide; however, the pathogenesis of CeMV infection is not fully resolved. Therefore, this study was aimed at characterizing and comparing immunophenotypic profiles of local immune responses in lymphoid organs (lymph nodes, spleen), lung and CNS in CeMV-molecularly (RT-PCR)-positive cetaceans from Western Mediterranean, Northeast-Central and Southwestern Atlantic. Immunohistochemical (IHC) analyses targeted molecules of immunologic interest: caspase 3, CD3, CD20, CD57, CD68, FoxP3, MHCII, Iba1, IFNy, IgG, IL4, IL10, lysozyme, TGFB and PAX5. We detected consistent CeMV-associated inflammatory response patterns. Within CNS, inflammation was dominated by CD3 (T cells), and CD20 and PAX5 (B cells) lymphocytes, accompanied by fewer Iba1, CD68 and lysozyme histiocytes, mainly in striped dolphins and bottlenose dolphins. Multicentric lymphoid depletion was characterized by reduced numbers of T cells and B cells, more pronounced in Guiana dolphins. Striped dolphins and bottlenose dolphins often had hyperplastic (regenerative) phenomena involving the aforementioned cell populations, particularly chronically infected animals. In the lung, there was mild to moderate increase in T cells, B cells and histiocytes. Additionally, there was a generalized increased expression of caspase 3 in lymphoid, lung and CNS tissues. Apoptosis, therefore, is believed to play a major role in generalized lymphoid depletion and likely overt immunosuppression during CeMV infection. No differences were detected regarding cytokine immunoreactivity in lymph nodes, spleen and lung from infected and non-infected dolphins by semiquantitative analysis; however, there was striking immunoreactivity for IFNy in the CNS of infected dolphins. These novel results set the basis for tissue-specific immunophenotypic responses during CeMV infection in three highly susceptible delphinid species. They also suggest a complex interplay between viral and host's immune factors, thereby contributing to gain valuable insights into similarities and differences of CeMV infection's immunopathogenesis in relation to body tissues, CeMV strains and cetacean hosts.

Determinación de la presencia de lesiones sugerentes a la enfermedad paracoccidioidomicosis ceti en el delfín moteado pantropical (*Stenella attenuata*) del Pacífico Central Mexicano

Laura Rojas Cortes[1], Christian D. Ortega Ortiz[2], Rafael Ojeda Flores[2]

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México; 2. Facultad de Ciencias Marinas, Universidad de Colima.

Ponente: Rafael Ojeda Flores, ojedar@unam.mx

Paracoccidioidomicosis ceti (antes nombrada Lobomicosis) es una micosis emergente causada por el agente *Paracoccidioides brasiliensis* var. *ceti* asociada a la presencia de contaminantes en ambientes costeros, cuyo curso crónico afecta

el sistema tegumentario en miembros de la familia *Delphinidae*. El delfín moteado pantropical (*Stenella attenuata*) es considerado la especie dominante en costas del Pacífico Central Mexicano; por tanto, el objetivo de este estudio es evaluar la potencial presencia de *P. ceti* en esta especie. El diagnóstico se realizó a través de la inspección visual en fotografías procedentes de navegaciones en las costas de Colima y Jalisco (2010-2019). Las imágenes fueron seleccionadas y filtradas, para la observación y análisis de lesiones típicas de la enfermedad. A los individuos con un diagnóstico significativo (clasificados en 4 categorías: 1=sospechosos y 2-4=positivos), se analizó su ubicación espacio-temporal, categoría de edad y región corporal afectada. De 33,501 fotografías, 11,619 resultaron aptas. Se detectó la presencia de 15 individuos sospechosos y 62 individuos positivos; siendo la mayoría adultos (55.8%), seguido de juveniles (40.2%) y crías (3.8%) ($H_{2,30}=11.42$, $p=0.0033$). A su vez, 42.8% de los individuos presentaron las lesiones en la aleta dorsal y 32.4% en la región del pedúnculo ($H_{9,100}=42.14$, $p=0.000003$). El 81% de los individuos se ubicaron principalmente al norte de las costas de Colima ($Z=-2.31$, $p= 0.0204$). Este estudio es el primer reporte de Paracoccidioidomicosis ceti en este delfín residente al hábitat costero de Colima y Jalisco, donde predominan diversas actividades antropogénicas como la agricultura, la minería, el turismo y la industria, al ubicarse en Manzanillo, el puerto comercial más importante de México.

Detección de *Batrachochytrium dendrobatidis* y ranavirus en anfibios de áreas protegidas de Colombia

Luz Dary Acevedo Cendales[1], Leyla Davis[2], Santiago Monsalve-Buriticá[3], Azucena Cabrera Jaramillo[3], Gustavo González Durán[1], Forero, German[1]

1. Wildlife Conservation Society; 2. Zoológico de Zurich; 3. Corporación Universitaria Lasallista; Corporación Universitaria Lasallista.

Ponente: Luz Dary Acevedo Cendales, ldacevedo@wcs.org

PONENCIAS TIPO CARTEL

La clase Amphibia es uno de los grupos más amenazados del planeta por cambio climático, transformación del hábitat, tráfico ilegal, especies introducidas, y enfermedades emergentes como ranavirus (RV) y el hongo *Batrachochitrium dendrobatidis* (Bd). La Estrategia de Conservación de Anfibios de WCS Y Parques Nacionales Naturales (PNN) evalúa el estado de los anfibios y sus amenazas en áreas protegidas con mayor número de especies amenazadas. Con el fin de detectar RV y Bd fueron tomadas 220 muestras de hígado y 353 hisopados cutáneos para Bd, en animales de tres áreas protegidas de Colombia (Parque Nacional Selva de Florencia, PNN Farallones de Cali y PNN Tatamá) durante los años 2016 y 2017. La detección de segmentos de genes de estos patógenos fueron determinadas por medio de qPCR del ADN de las muestras obtenidas. Los análisis indicaron presencia de Bd en 24 individuos correspondiente a 18 especies de las familias Aromobatidae, Bufonidae, Centrolenidae, Craugastoridae, Dendrobatidae, Hylidae y Plethodontidae, localizadas en las tres áreas, incluyendo seis especies amenazadas (PNN Selva de Florencia: *Pristimantis dorsopictus* (EN), *Pristimantis fetosus* (EN) y *Pristimantis penelopus* (VU); PNN Tatamá: *Nymphargus griffithsi* (VU), *Pristimantis kelephus* (VU) y *Pristimantis platychilus* (VU)). La especie con más individuos positivos fue *Dendropsophus bogerti* (3/5). El PNN Tatamá registró un número mayor de ejemplares considerados positivos (16/227). Todos los resultados fueron negativos para Ranavirus en las 74 especies estudiadas, lo cual evidencia la posible ausencia de este virus en el país. Este es la primera evaluación de Ranavirus en Colombia y la primera orientada a evaluar coinfección con Bd. Los resultados crean una línea base para la vigilancia epidemiológica de Ranavirus registrado en países vecinos, y para futuros estudios orientados a detectar coinfecciones con Bd, especialmente en áreas con alta concentración de anfibios o con actividades de tráfico de fauna silvestre.

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

Case report of high mortality due to chytridiomycosis in transported Broadfoot Mushroomtongue Salamanders , *Bolitoglossa platydactyla*

Rebecca Hardman[1], Gabriela Parra-Olea[2], Mirna Grisel Garcia-Castillo[2], Omar Becerra Soria[2], M. Delia Basanta[2], E. Davis Carter[3], Matthew Gray[3], Patrick Cusaac[3], Debra Miller[3]

1. Center for Wildlife Health, University of Tennessee; 2. Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México; 3. Center for Wildlife Health, University of Tennessee.

Ponente: Rebecca Hardman, lavalizard17@gmail.com

Chytrid Fungus (*Batrachochytrium dendroba*tidis or *Bd*) is a globally important pathogen implicated in several amphibian declines over the past few decades. However, it remains unclear how *Bd* has impacted salamander populations. Zoos and researchers have reported difficulty in transferring several salamander species from the wild into captivity, and *Bd*-chytridiomycosis is implicated in a majority of these observed deaths. Currently in Mexico, there are 90 lungless salamander (Family: Plethodontidae) species classified by IUCN as threatened or endangered. It is important to document these events to aid in future Bolitoglossan conservation plans that may require captive breeding colonies. Here we present a case report of mortality due to chytridiomycosis in the Mexican plethodontid salamander, *Bolitoglossa platydactyla*. Thirty-three apparently healthy animals were collected from sites in Veracruz, Mexico for transport to the United States for use in an ongoing disease study. All animals were collected and stored separately in individual containers. We changed gloves and used new materials for each individual to prevent any inter-individual contact and subsequent pathogen transfer. However, 13 individuals died within the two-week transfer and acclimatization period. The initial sign was acute lethargy, followed by complete tail drop and death within 12-24 hours. We performed histopathological analysis of four individuals from the mortality group. All individuals had marked erosion and ulceration affecting 75 % of the body with minimal remaining skin. Remaining remnants of skin contained numerous round organisms consistent *Bd* zoosporangia. Several ulcerated areas had large bacterial colonies covering the skin surface and invading the dermal layer. All animals were positive for *Bd* via qPCR assay. This report brings to light that *B. platydactyla* likely carry subclinical levels of *Bd* in the wild. It also follows that under some stressful conditions, these subclinically infected animals can develop clinical disease and succumb to chytridiomycosis.

Monitoreo del Pecarí de labios blancos en la Reserva de Biosfera Maya, Guatemala

Melvin Mérida[1], José Moreira[1], Rony García[1], Rafael Reyna[2]

1. Wildlife Conservation Society; 2. ECOSUR.

Ponente: Melvin Mérida, mmerida@wcs.org

El pecarí de labios blancos (*Tayassu pecari*) es una de las tres especies de pecaríes (Tayassuidae) que se distribuyen en el Neotrópico. Es un ungulado social que forma grupos grandes y cohesivos de entre 10 y 300 individuos y que se distribuye desde México hasta Argentina. La especie se enfrenta a múltiples amenazas a través de su área de distribución geográfica, incluyendo la destrucción a gran escala y degradación del hábitat, explotación comercial, niveles insostenibles de cacería y enfermedades transmitidas por animales domésticos. Durante 2015-2016 se monitoreó varios grupos de pecaríes asociados a aguadas en el Parque Nacional Laguna del Tigre, con el fin de estudiar la ecología de la especie y a su vez se

tomó 4 muestras de suero para determinar la presencia de anticuerpos de Peste porcina clásica, Peste porcina Africana, *Mycoplasma hyopneumoniae*, *Erisipella* spp., Aujeszky, *Salmonella* sp, *E. coli* y Gastroenteritis hemorrágica transmisible, siendo el 100% negativos a dichas pruebas. Este estudio puede orientar a estrategias para la conservación de una especie indicadora de la salud del ecosistema.

Scarlet Macaw Conservation and Health Program in the Maya Biosphere Reserve, Guatemala

Rony García[1], Luis Fernando Guerra[1], Melvin Mérida[1], Livio Galosi[2], Robert Moore[1]

1. Wildlife Conservation Society; 2. University of Camerino.

Ponente: Luis Fernando Guerra, lguerra@wcs.org

Although the scarlet macaw (*Ara macao*) ranges from northern Mesoamerica through Peru and Brazil, and is classified by the IUCN Red List of Threatened Species as of Least Concern, the iconic Mesoamerican sub-species (*A. m. cyanoptera*) is highly threatened. Poaching and habitat loss, largely driven by human-caused forest fires, cattle ranching, and the expansion of human settlements, have fragmented and reduced the total population of *A. m. cyanoptera* to less than 1,000 animals, distributed across southern Mexico, Belize, Guatemala, Honduras, and Nicaragua. The Wildlife Conservation Society (WCS) estimates that 250 scarlet macaws remain within Guatemala's Maya Biosphere Reserve (MBR). Despite the importance of the species and the extremely high risk of extinction, there is very little reliable information about the population parameters and, mainly, there is no information on the health status of the wild population of the MBR.Health data in the wild are limited and are not representative of the entire population, so it is important for the conservation of the scarlet macaw to describe its population trends in time and space, to measure the effects of threats in reproduction, viability and knowing their health status to achieve successful management of the species. WCS Guatemala has tried to establish a baseline of the health status of the red macaw population in the RBM mediate using hematological values, blood chemistry and serology of several infectious diseases. In addition to obtaining the clinical profile (physical examination) of the chicks through the last 10 years.

Nuevas especies, hospedadores y localidades para las garrapatas (Acari: Ixodoidea: Argasidae, Ixodidae) de Chile

Daniel González-Acuña[1], Lucila Moreno[2], Sebastián Muñoz-Leal[3]

1. Laboratorio de Parásitos y Enfermedades de Fauna Silvestre, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chile; 2. Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Chile; 3. Departamento de Medicina Veterinária Preventiva e Saúde Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, Brasil

Ponente: Daniel González-Acuña, dgonzlezacuna@gmail.com

En el neotrópico se describen ~200 garrapatas, de las cuales 84 son blandas, 116 duras. En Chile, hasta el 2005 se describían 13 especies de garrapatas endémicas. En base a intensas colectas hechas en los últimos 13 años en distintos ambientes de Chile, el presente trabajo persigue actualizar la lista de garrapatas presentes en el país, agregando a esta lista nuevas especies descritas para Chile y el mundo. Se incorporan a la lista existente, siete especies nuevas para Chile: *Ornithodoros*

spheniscus colectadas en colonias de pingüinos y otras aves marinas en la Región de Atacama, *Argas persicus* en gallineros de la Región de Antofagasta, *Ornithodoros* cf. *rioplatensis* en reptiles de la Región del Biobío, *Ornithodoros peruvianus* en murciélagos de la Región de Atacama, *Amblyomma triste* en perros del extremo norte de Chile, *Ixodes abrocomae* en roedores de la Región de Coquimbo e *Ixodes neuquenensis* en marsupiales del sur de Chile. Se han descrito además en este período, tres nuevas especies para la ciencia: *Ornithodoros atacamensis, Ornithodoros lahillei* y *Ornithodoros microlophi*, todas ellas colectadas en diferentes especies de reptiles del norte de Chile. Actualmente se encuentran en proceso de validación *Argas cucumerinus*, *Ornithodoros capensis* y *Ornithodoros yunkeri* colectadas en aves marinas, *Ornithodoros quilinensis* en roedores, y *Ornithodoros* (*Pavloskyella*) sp. en zorros. Además, un ixódido de ambientes costeros, que presenta morfología y genética compatible con *Ixodes sigelos*, se encuentra en proceso de descripción. Hasta la fecha, se presentan con seguridad 22 especies de garrapatas endémicas en Chile y al menos cuatro especies exóticas: *Rhipicephalus sanguineus* s. l., *Amblyomma argentinae*, *Otobius megnini* y *Argas persicus*. Por último, al menos tres morfotipos correspondientes a *Ornithodoros* asociadas a roedores constituyen potenciales nuevas especies, lo que sumaría un total de al menos 35 garrapatas presentes en Chile. Agradecimientos a los proyectos FONDECYT 1100946, 1130948 y 1170972; Beca Chile #72140079

Zoonotic emergent and reemergent diseases transmitted by wildlife in South Piauí, Brazil

Joana Mayra de Oliveira Pires[1], Whitney L. Collins[2], Lilian Silva Catenacci[3]

1. Universidade Federal do Piauí. Campus Professora Cinobelina Elvas; 2. Saint Louis Zoo Insititue for Conservation Medicine; 3. Universidade Federal do Piauí. Campus Professora Cinobelina Elvas

Ponente: Whitney L. Collins, whitneycollins88@gmail.com

In view of the increase of emergent and re-emergent zoonoses involving wild animals in the cycle and/or transmission of diseases, it is important to investigate the human cases found in health centers to better guide research at the interface of human, animal, and ecosystem health. The objective of this study was to investigate the epidemiology reports provided by the National Injury Information Notification System of the Brazilian Ministry of Health (SINAN), focusing on zoonotic diseases that may be involved with wild animals in Bom Jesus City, Piauí State, Brazil. Data compiled from SINAN's mandatory notification forms were compiled from January 2017 to August 2018, concerning rabies, dengue, chikungunya and leishmaniosis diseases. Medical supportive care after a human has been bitten by an animal suspected of rabies was performed in 175 patients; only one person reported being bitten by a primate, despite Piauí State having reported positive cases of rabies in horses, bats and primates. A total of 71 suspected cases of arboviruses were described by SINAN: Dengue (n= 32, 45%), Chikungunya (n =12, 17%), and unknown viral identification (n= 27, 38%). Regarding Leishmaniosis, only one case of visceral leishmaniosis was identified. During data collection it was observed that (1) records were incorrectly filled out with contradictory, incomplete, or missing data which may be related to the lack of training given to the healthy agents, (2) missing laboratory tests resulting in inconclusive diagnoses, which could be related to the few resources found on the public network, and (3) non-compliant treatment by patients. In view of these results, health education activities were initiated in the region in addition to research focusing on the collection of insects, birds, primates, and other wild mammals and assessing their role in the transmission of arboviruses of concern.

IV CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

CONSTRUYENDO PUENTES PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

Inquérito sorológico para leptospirose em tamanduás das regiões do Pantanal e Cerrado, Brasil

Gislaine Taimara Dalazen[1], Débora Regina Yogui[2], Mario Henrique Alves[2], Antonio Francisco de Souza Filho[3], Danilo Kluyber[2], Arnaud Desbiez[2], Pedro Enrique Navas Suárez[1], Marco Aurélio Gattamorta[1], Marcos Bryan Heinemann[3], Eliana Reiko Matushima[1]

1. Laboratório de Patologia Comparada de Animais Selvagens – LAPCOM, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade de São Paulo – FMVZ USP; 2. ICAS - Institute for the Conservation of Wild Animals; 3. Laboratório de Zoonoses Bacterianas, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade de São Paulo – FMVZ USP.

Ponente: Pedro Enrique Navas Suárez, pedroenasu@gmail.com

As bactérias do gênero *Leptospira* podem causar doença aguda ou crônica nos seres humanos, animais domésticos e silvestres, podendo apresentar comprometimento renal, hepático, pulmonar ou reprodutivo. A vigilância de agentes infecciosos é de grande relevância tanto do ponto de vista da Conservação quanto para a Saúde pública, pois fornece informações acerca de possíveis mudanças nos padrões de transmissão e detecção precoce de surtos. Investigações anteriores demonstraram a exposição de *Myrmecophaga tridactyla* à *Leptospira interrogans* e há relato de um indivíduo de *M. tridactyla* em cativeiro que apresentou sinais clínicos compatíveis com leptospirose. Nesse contexto, o presente estudo teve por objetivo determinar a prevalência de anticorpos anti-*L. interrogans* em amostras de soro de tamanduás de vida livre de dois biomas brasileiros, Pantanal e Cerrado. Foram testados 48 indivíduos, 11 *M. tridactyla* e três *Tamandua tetradactyla* da região do Pantanal, e 34 *M. tridactyla* do Cerrado pelo teste de Aglutinação Microscópica (SAM). Nove animais apresentaram anticorpos anti-*L. interrogans*. Os sorovares encontrados foram Cynopteri, Ichterhaemorrhagiae, Grippotyphosa e Pomona, com títulos variando de 100 a 12.800. A prevalência para os tamanduás do Cerrado foi de 17,6% (6/34), enquanto os animais do Pantanal apresentaram 18,2% (2/11) para *M. tridactyla* e 33,3% (1/3) para *T. tetradactyla*. Um indivíduo de *M. tridactyla* do Cerrado apresentou titulação alta para o sorovar Cynopteri (12.800), indicando contato recente com o agente. Todos os tamanduás testados no presente estudo não apresentavam sinais clínicos de leptospirose no momento da captura. Os resultados obtidos contribuem para o conhecimento dos sorovares circulantes em tamanduás nesses biomas. Reforçamos a importância da vigilância desse patógeno em populações de vida livre.

Road killed armadillos may provide insights into human adiaspiromycosis: preliminary results in Mato Grosso do Sul, Brazil.

Pedro Enrique Navas-Suárez[1], Carlos Sacristán[1], Josue Díaz-Delgado[1], Débora Yogui[2], Mario Henrique Alves[2], Roberta Ramblas-Zamana[1], Maria Catalina Ospina-Pinto[1], Danny Fuentes-Castillo[1], Arnaud Desbiez[2], José Luiz Catão-Dias[1]

1. Laboratório de Patologia Comparada de Animais Selvagens (LAPCOM), Departamento de Patologia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, Brasil; 2. ICAS - Instituto de Conservação de Animais Silvestres, Campo Grande, Mato Grosso do Sul, Brasil.

Ponente: Pedro Enrique Navas-Suárez, pedroenasu@gmail.com

Armadillos play a role in the epidemiology of several emerging mycoses. *Emmonsia crescens* and *Blastomyces parvus* (formerly known as *E. parva*) (family Ajellomycetaceae, order Onygenales), are typically associated with pulmonary adiaspiromycosis in humans. In Brazil, human pulmonary adiaspiromycosis is

observed in rural areas but there is little information available regarding wildlife hosts. We hypothesized armadillos could play a role in the dynamics of human adiaspiromycosis. This study aimed at reporting the pathologic features and preliminary molecular results of adiaspiromycosis in wild armadillos. The animals investigated came from roads periodically monitored with high armadillo road-kill occurrence (e.g., 1,594 armadillos of 6,775 road-kills recorded within 24 months) in Mato Grosso do Sul state (Brazil). Twelve armadillos had gross/microscopic lesions compatible with pulmonary adiaspiromycosis: ten six-banded armadillos (*Euphractus sexcinctus*), and two southern naked-tailed armadillos (*Cabassous unicinctus*). The lungs of 3/12 (25%) animals had 0.5 to 1 mm in-diameter light-tanned nodules scattered throughout the pulmonary parenchyma. Microscopically, these nodules consisted of adiaspores associated with varying inflammatory response patterns, from none to focally marked granulomatous, primarily involving bronchioles and alveoli. Conventional panPCR to amplify a fragment of the 18S rRNA gene, internal transcribed spacer-1 (ITS-1), 5.8S rRNA gene, ITS-2, and the 26S rRNA gene were performed on all cases. Preliminarily, a pair of sequences was obtained in two of the cases, identical among them, with highest identities (less than 90% of p-distance) with several members of the family Ajellomycetaceae. These novel sequences clustered separately on phylogram. In conclusion, we describe the natural infection by adiaspores of dimorphic fungi, morphologically similar to those causing adiasporomycosis in humans, in two species of armadillos of Brazil. However, the molecular differences observed suggest this fungus could be a novel species in the Ajellomycetaceae family. Ongoing studies are aimed at identifying this fungus and assessing potential implications for public health.

Revisión sistemática sobre microorganismos aislados de ranas del género *Telmatobius* traficadas para consumo humano en Perú

Yovana Murillo Vega[1], Maria Grazia Ventolini San Martín[2], Ana Gallegos Carrrillo[1]

1. WIldlife Conservation Society; 2. Universidad Peruana Cayetano Heredia.

Ponente: Yovana Murillo Vega, Ana Gallegos Carrillo, ymurillo@wcs.org | agallegos@wcs.org

Las ranas andinas son uno de los grupos de anfibios más amenazados en el Perú. Diversos estudios reportan el uso y consumo especies de fauna silvestre por poblaciones humanas. Las ranas del genero *Telmatobius*, son los anfibios que con mayor frecuencia son encontrados en mercados y zonas de comercio ilegal. Las ranas son utilizadas vivas y sin eviscerar para la preparación de brebajes o jugos que se les atribuye propiedades medicinales, siendo esta la oportunidad para que las personas entren en contacto con distintos tipos de patógenos. El presente trabajo muestra la revisión sistemática de 13 estudios de aislamiento de microorganismos a partir de muestras de ranas del género *Telmatobius* entre el 2007 al 2015 en Perú, abarcando protozoarios, bacterias y hongos. Cinco estudios mostraron la presencia de patógenos potencialmente zoonóticos. Los resultados reportan hallazgos de 16 microorganismos entre ellos bacterias, principalmente del género *Campylobacter, Aeromonas, Vibrio* y *Salmonella;* además la presencia de protozoarios zoonóticos como *Cryptosporidium* sp. *y Balantidium* sp. Los resultados evidencian el hallazgo de patógenos de riesgo para la salud humana en ranas proveniente de tráfico ilegal. La divulgación de esta información permitirá trasmitir mensajes a la población sobre los riesgos existentes por su este consumo, y a la vez disminuir el impacto sobre la especie que es traficada para este uso en diversos mercados y zonas urbanas en Perú.

IV CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

CONSTRUYENDO PUENTES PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

Desarrollo de una intervención educativa con estudiantes de Medicina Veterinaria y Zootecnia para difundir el concepto de Una Salud y valorar el conocimiento y percepción sobre la importancia de su estudio dentro de la Medicina Veterinaria

Daniela Flores Rodríguez[1], Alan Hernández-Romo[2], Rafael Ojeda-Flores[1], Oscar Rico-Chávez[1]

1. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM; 2. Coordinación de Desarrollo Educativo e Innovación Curricular, UNAM.

Ponente: Oscar Rico Chávez, orich@unam.mx

El concepto de Una Salud promueve un enfoque transdisciplinario para el manejo de problemas de salud pública, animal y ambiental, que surgen de la interacción animal-humano-medio ambiente, por lo que su integración en los planes de estudio de Medicina Veterinaria es impostergable. Actualmente la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia (FMVZ) de la UNAM tiene como objetivo generar recursos humanos capaces de enfrentar los problemas de salud, bienestar animal y salud pública dentro del concepto "Un mundo, una salud". Sin embargo dentro del plan de estudios de la FMVZ no se ofrece ninguna asignatura al respecto. El presente proyecto tiene como objetivo diseñar material didáctico y desarrollar estrategias educativas que permitan dar a conocer a los estudiantes de MVZ el concepto de Una Salud y el rol que los MVZ tienen en este enfoque, además de diseñar y pilotear un cuestionario que valore el conocimiento y percepción del concepto en los estudiantes. Se realizó una plática de 20 minutos con 231 alumnos de primer semestre, donde se les explicó el concepto de una salud y se les presentó un caso a resolver. Se aplicó un cuestionario de 8 preguntas para evaluar el nivel de comprensión del concepto y explorar la necesidad de ofrecer una asignatura sobre Una Salud. Los resultados preliminares indican que el 98% de los alumnos que no conocían el concepto de una salud lo comprendieron, mientras que el 99% dijeron entender la importancia del enfoque transdisciplinario y su papel como MVZ . El 80% de los alumnos están interesados en cursar una asignatura relacionada a Una Salud. El diseño de esta primer intervención permite pensar en el desarrollo de propuestas para incorporar el concepto de Una Salud en los planes de estudio, aplicando estrategias didácticas como el Aprendizaje Basado en Problemas.

Aplicación del Método de Marco Lógico para el desarrollo de indicadores de evaluación y monitoreo de salud ecosistémica en sistemas silvopastoriles en bosque de encino, en el noreste del Estado de México.

Roberto Ignacio Márquez Hernández[1], Rafael Ojeda Flores[1]

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM.

Ponente: Roberto Ignacio Márquez Hernández, mvz.robertomarquez@gmail.com

En las últimas décadas los sistemas de producción agroforestales han experimentado un desarrollo significativo en América Latina, pues se han ofertado como una alternativa para mitigar la acelerada deforestación de los ecosistemas forestales y los procesos de defaunación. Uno de estos sistemas son los sistemas silvopastoriles (SSP), en este modelo se combinan la producción pecuaria y forestal en la misma unidad de tierra, al tiempo que se considera la conservación de las especies silvestres de la región y la salud ecosistémica de forma integral. En México, el buscar alternativas de producción animal en ecosistemas forestales es imperativo dada su importancia ecológica, económica y social, pues aproximadamente el 80% de

estos ecosistemas pertenece a terrenos comunitarios asociados con los grupos sociales más vulnerables, cuya tradición ganadera se ha relacionado con procesos de fragmentación de hábitat y pérdida de diversidad biológica. En este sentido, los SSP permiten evitar los procesos de fragmentación de los ecosistemas, sin embargo, dada la diversidad y complejidad de los SSP, no existen parámetros ni criterios universales para su evaluación. El objetivo de este trabajo fue la aplicación del Método de Marco Lógico para el desarrollo de indicadores que permitan la evaluación y monitoreo de la salud ecosistémica de los SSP en bosque de encino. Como resultado, se caracterizó la región, se identificaron los agentes involucrados de diferentes sectores. Se obtuvieron 35 indicadores destinados a evaluar el sistema ecológico, económico y social de los SSP. Se observó que estos criterios de evaluación facilitan el monitoreo de la salud ecosistémica de los SSP en esta región, lo que permite a los agentes involucrados (productores, sociedad civil y gobierno) realizar recomendaciones orientadas al desarrollo de estrategias que garanticen la producción pecuaria y la conservación de los hábitats y de las especies silvestres.

Domestic horses within the Maya biosphere reserve: A possible threat to the Central American tapir (*Tapirus bairdii*)

Manuel Lepe[1], Rony García[2]

1. Universidad Andrés Bello; 2. WCS.

Ponente: Luis Fernando Guerra, lguerra@wcs.org

The Central American tapir (*Tapirus bairdii*) is the largest herbivore in the Neotropics classified as “endangered.” It has been proposed that Equine Infectious Anemia virus (EIA) is a disease of horses with potential to lead to further decline of *T. bairdii* populations. In this study, we used domestic horses as sentinels for EIA in the Maya Biosphere Reserve in Guatemala. In total, 40 % (13) horses tested were seropositive to EIA. This study may inform wildlife management strategies inside protected areas by considering the threat from incursions of domestic animals inside core areas of natural reserves.

Efectos de la interacción entre guanacos (*Lama guanicoe*) y ovejas en las tasas de infección de *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* en la Patagonia Chilena

Bernardita Collado González[1,2], Miguel Salgado Alfaro[3], Paulo Corti González[2,4], Sergio Radic Schilling[5], Claudio Moraga Bustamante[6]

1. Magister en Medicina Preventiva Veterinaria, Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 2. Laboratorio de Manejo y Conservación de Vida Silvestre, Instituto de Ciencia Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 3. Laboratorio de Enfermedades Infecciosas, Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 4. Programa de Investigación Aplicada en Fauna Silvestre, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. 5. Departamento de Ciencias Agrícolas y Acuícolas, Facultad de Ciencias, Universidad de Magallanes, Punta Arenas, Chile; 6. School of Natural Resources and the Environment, and Department of Wildlife Ecology and Conservation, University of Florida, Gainesville, EE.UU.

Ponente: Bernardita Collado González, bernardita.collado.gonzalez@gmail.com

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

La intensificación de las actividades pecuarias genera un incremento en las interacciones entre animales domésticos y silvestres, aumentando el riesgo de transmisión de patógenos. Ejemplo de esto ocurre en la Patagonia Chilena con la ganadería ovina y el guanaco (*Lama guanicoe*), y la dinámica de transmisión de la Paratuberculosis. (*Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP). MAP afecta principalmente a rumiantes domésticos, considerados el reservorio primario. También, se ha aislado en especies silvestres como el huemul, el pudú y el guanaco. Este último, en la Isla de tierra del Fuego co-pastorea con una alta densidad de ovinos. La situación epidemiológica de la Paratuberculosis en la Patagonia Chilena es desconocida, por lo que resulta necesario evaluar la presencia de MAP y el efecto de la interacción en las cargas del patógeno en guanacos y ovinos en áreas compartidas y no compartidas. Para la detección de MAP en ambas especies, se recolectaron 176 muestras fecales en 4 producciones ganaderas y en 2 parques nacionales (áreas compartidas n= 41 ovino y n= 42 guanacos, áreas no compartidas n = 52 ovinos y n= 41 guanacos). Las muestras fueron cultivadas en medios BACTEC-MGIT. Para la confirmación de muestras cultivo positivo se utilizó PCR en tiempo real. En áreas no compartidas la proporción de muestras positivas a MAP fue de 1% en ovinos y guanacos. En áreas compartidas se observó de 10,4% en ovinos y 10,1% en guanacos. Para guanacos se detectó un aumento significativo ($p<0.05$) en las cargas de MAP en áreas compartidas. Para ovejas no se observó diferencias ($p=0.255$). Estos resultados son la primera aproximación de los potenciales efectos que pudiese generar la interacción entre ambas especies en la transmisión de MAP, con énfasis en el efecto del estado sanitario de los ovinos en las poblaciones de guanacos en la Patagonia Chilena.

Virus de influenza A en agua. Situación mundial y perspectivas para México

Jessica Mateus-Anzola[1], Rafael Ojeda-Flores[1]

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud. Universidad Nacional Autónoma de México.

Ponente: Jessica Mateus-Anzola, jessica29anzol@hotmail.com

Las aves acuáticas Anseriformes y Charadriiformes son los principales reservorios del virus de influenza A (VIA). Este virus infecta un gran rango de hospederos y se transmite principalmente por contacto directo. Sin embargo, el agua contaminada con heces de aves infectadas ha sido propuesta como una ruta de propagación viral. Por ello, se revisaron y analizaron 8,892 secuencias de VIA de origen ambiental reportadas en el NCBI/GenBank. Se obtuvo un total de 192 secuencias de VIA aisladas en muestras de agua pertenecientes a 13 subtipos diferentes (H3N2, H3N8, H4N2, H4N6, H5N1, H5N2, H5N6, H6N2, H6N6, H7N9, H9N2, H10N8 y H11N9). El subtipo más representativo fue el H9N2 (45%), seguido de los subtipos H5N1 (32%) y H5N2 (11%). Los VIA fueron detectados principalmente en el continente asiático. La mayor diversidad viral se presentó en China y Vietnam. Asimismo, se reportaron secuencias de VIA en Bangladés, Cambodia, Canadá, Estados Unidos, Japón y México. Los subtipos fueron detectados principalmente en muestras de agua en mercados de aves vivas con un 64%. No obstante, muestras de agua procedentes de lagos y granjas de aves de corral representaron una fuente importante de detección viral con 10% y 13%, respectivamente. Asimismo, los lagos y humedales con aves silvestres evidenciaron una gran diversidad de subtipos (H3N8, H4N2, H4N6, H5N1, H9N2 y H10N8). Los hábitats naturales permiten la congregación de gran cantidad de aves lo que propicia la diversificación viral especialmente durante la migración. México cuenta con 142 humedales de Importancia Internacional y han sido descritas 1,097 especies de aves, de las cuales más de una tercera parte realizan movimientos migratorios. Por lo cual, aunque el conocimiento de la participación del agua en la ecología del VIA es limitado, el muestreo en cuerpos de agua en México representa una aproximación valiosa para evaluar la diversidad de VIA *in-situ*.

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

Diversidad filogenética de virus de influenza A en una interfaz entre aves silvestres y animales domésticos asociada con un sitio clave de migración estacional y producción de traspatio

Liliana Gaytán Cruz[1,2], Jessica Mateus Anzola[1,2], Cecilia Montoya Carrillo[1], René A. Segura-Velázquez[1], José Iván Sánchez Betancourt[2], Rafael Ojeda Flores[1]

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México, 2. Programa de Maestría y Doctorado en Ciencias de la Producción y de la Salud Animal; 2. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México.

Ponente: Liliana Gaytán Cruz, gaytanc.liliana@gmail.com

La influenza es una enfermedad con alto impacto para la salud humana y animal debido a su potencial de transmisión interespecie, el cual se ha asociado con áreas de contacto entre animales silvestres, domésticos y seres humanos. Los patos silvestres son los principales reservorios de los virus de influenza A (VIA), asimismo cerdos y aves participan en la dinámica de transmisión viral. Sin embargo, el conocimiento sobre la circulación de VIA en la interfaz fauna silvestre-animal doméstico en México es limitado. El objetivo de este estudio fue detectar y analizar filogenéticamente VIA en patos silvestres y animales de traspatio durante la temporada de migración invernal 2016–2017 en la Ciénega de Atarasquillo, Estado de México. Se colectaron 597 muestras de cloaca de patos silvestres y 103 de cloaca y orofaringe de gallinas, pollos, guajolotes y patos, además de 175 muestras nasales de cerdos de granjas de traspatio circundantes. Se realizó diagnóstico molecular por RT-PCR tiempo real, aislamiento viral, secuenciación de genoma completo y análisis filogenéticos. Se obtuvieron resultados negativos en cerdos y aves de traspatio. Sin embargo, 21 patos silvestres de especies migratorias y un pato de una especie residente resultaron positivos a VIA mediante RT-PCR. Se aislaron 9 virus de tres subtipos de baja patogenicidad: H5N2, H3N2 y H1N1. El VIA H5N2 aislado del pato residente evidenció genes relacionados filogenéticamente con diversos subtipos de patos migratorios. Los VIA aislados en patos migratorios se relacionaron filogenéticamente con subtipos de origen porcino y aviar. Se concluye que, existe evidencia de la transmisión de VIA entre especies migratorias y residentes, así como la detección de subtipos asociados a animales domésticos en patos migratorios, por ello es de suma importancia implementar estudios eco-epidemiológicos en hospederos silvestres, domésticos y cuerpos de agua de zonas de interfaz donde convergen granjas de traspatio y humedales.

Metacomunidades y análisis de co-ocurrencia de virus Influenza A en aves silvestres y domésticas

Daniel Mendizabal[1], Oscar Rico-Chávez[1]

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México.

Ponente: Oscar Rico-Chávez, orich@unam.mx

El estudio de la estructura de comunidades de patógenos ha servido para el entendimiento de las dinámicas patógeno-hospedero. Los virus de influenza aviar (VIA) son importantes patógenos para la salud pública y para la industria avícola, sin embargo, es necesario un mejor conocimiento de los patrones ecológicos que actúan a escalas macroecológicas que determinan su distribución. En el presente estudio se

analizó la estructura de metacomunidades y patrones de co-ocurrencia de VIA en diferentes especies de aves en diferentes regiones macorecológicas. Se consultó la Influenza Research Database donde se obtuvieron 188,412 registros en 241 especies de aves en 11 regiones zoogeográficas. Se observaron asociaciones positivas entre pares de subtipos de VIA, algunos de ellos de importancia zoonótica, lo que podría indicar procesos de co-infección y reordenamiento genético, pudiendo favorecer la generación de nuevos subtipos. Se detectaron metacomunidades cuasi-anidadas en las regiones paleártica, sino-japonesa, y a escala global. Estas estructuras se asociaron a un fuerte sesgo de muestreo dado por especies de importancia sanitaria y comercial como *Anas platyrrhynchos* y *Gallus gallus domesticus.* Nuestros resultados sugieren que es necesario modificar las estrategias de vigilancia y considerar el muestreo de una mayor diversidad de aves silvestres, especialmente aquellas con patrones migratorios. De igual forma es de gran importancia conocer la diversidad de VIA en aves para entender las interacciones entre subtipos dentro de un mismo hospedero. El uso de este tipo de herramientas para el estudio de comunidades de patógenos nos brinda un mejor entendimiento sobre los patrones ecológicos, evolutivos y epidemiológicos que influyen en la presencia o ausencia de los patógenos y sus hospederos, siendo de gran ayuda para el desarrollo de programas de vigilancia y monitoreo más precisos y efectivos.

Distribución de la riqueza de helmintos asociados a mamíferos silvestres, domésticos y al humano en México

Maria del Carmen Villalobos[1], Anuwat Wiratsudakul[2], Luis García Prieto[3], Oscar Rico Chávez[1]

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM; 2. Faculty of Veterinary Science, Mahidol University; 3. Instituto de Biología, UNAM.

Ponente: Maria del Carmen Villalobos, macavs324@gmail.com

A pesar de que los parásitos son organismos que se asocian estrictamente a un hospedero, presentan una gran diversidad de historias de vida y diferentes requerimientos metabólicos lo que podría resultar en diferentes patrones de distribución a los que se observan en especies de vida libre. Enfoques macroecológicos han detectado que algunos casos los helmintos, responden a patrones de distribución similares a aquellos observados en especies no parásitas. En el presente estudio se analizaron los patrones de riqueza y distribución de helmintos asociados a mamíferos en México. Usando una base de datos con 2398 registros de interacciones registradas entre helmintos, mamíferos silvestres, domésticos y el humano. Se analizaron tres diferentes patrones de distribución de la riqueza de los helmintos: 1. a través de un gradiente latitudinal, 2. masa corporal y 3. rango de dieta de sus hospederos, considerando la distinción taxonómica de los parásitos y la diversidad filogenética de los hospederos Los nemátodos presentaron una mayor diversidad filogenética de hospederos (PD=2826.32) que los platelmintos (PD=2094.73) y los acantocéfalos (PD=814.32). Tanto en nematodos (z = -1.07, p=0. 14) como en platelmintos (z = -1.07, p= 0.12) se observó que su distribución filogenética tiende a agruparse a través de sus hospederos, mientras que en los acantocéfalos (z = 0.23, p= 0.58) tienden a la sobredispersión. Se observó una correlación negativa entre la riqueza de helmintos (r =-0.14, p=0.00) y la riqueza de hospederos (r=-0.10, p=0.04) considerando el gradiente latitudinal. Se detectó una correlación negativa entre la diversidad filogenética de hospederos y la latitud (r =-0.11, p=0.02). También se detectó una correlación significativa entre la riqueza de helmintos y la masa corporal (r=0.44, p=0.01), pero no con el gremio trófico. Los resultados resaltan la importancia de incorporar diferentes dimensiones de la diversidad parasitaria para entender la distribución y asociaciones entre parásitos y hospederos

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

Transmisión de parásitos entre carnívoros silvestres y domésticos alrededor de áreas protegidas

Juan Sebastián Vargas Soto[1], Péter K. Molnár[1]

1. University of Toronto Scarborough

Ponente: Juan Sebastián Vargas Soto, juan.vargassoto@mail.utoronto.ca

La transmisión de parásitos entre especies domésticas (ganado y mascotas) y silvestres genera un riesgo significativo de enfermedades emergentes y epidemias. Para lidiar correctamente con estas amenazas y prevenir brotes de enfermedades, es necesario comprender cómo diferentes especies hospederas contribuyen a la persistencia de un parásito en un ecosistema. Analizamos este tema utilizando como sistema un parásito en el género *Ancylostoma*, un nemátodo intestinal que afecta tanto a perros domésticos como a felinos silvestres en la península de Osa, en el sur de Costa Rica. Buscamos determinar si perros u ocelotes (*Leopardus pardalis*) están actuando como especies reservorio. Para ello colectamos muestras de heces de ambas especies, y las analizamos utilizando un método de flotación centrifugal para detectar la presencia de *Ancylostoma* sp. y calcular la prevalencia del parásito en la población. Adicionalmente utilizamos cámaras-trampa para estimar la abundancia y traslape espacio-temporal de las especies hospederas. Integramos estas fuentes de información en un modelo epidemiológico para parásitos de múltiples especies transmitidos ambientalmente. El modelo permite cuantificar la contribución relativa de cada especie hospedera a la reproducción y transmisión del parásito. Nuestros resultados muestran que los perros estarían actuando como un reservorio, y el parásito es transmitido de los perros a los ocelotes silvestres. Análisis de sensibilidad muestran que sólo para unas pocas combinaciones de los valores de los parámetros el parásito podría ser mantenido por ambas especies independientemente. Esta información puede ser utilizada para diseñar estrategias de manejo que prevengan los efectos negativos sobre poblaciones silvestres de éste nemátodo en particular, y de otros parásitos similares.

Abundancia de la garrapata *Amblyomma tigrinum* en zorros silvestres en una interface doméstico-silvestre en el norte-centro de Chile

Felipe Hernández[1], Claudio Verdugo[2], Felipe Pontigo[1], Alen Manqui[1], Carlos Mejías[1], Gerardo Acosta-Jamett[1,3]

1. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 2. Laboratorio de Ecología y Evolución de Enfermedades Infecciosas (E3 Lab), 3. Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 3. Programa de Investigación Aplicada en Fauna Silvestre (PIAFS), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile

Ponente: Gerardo Acosta-Jamett, gerardo.acosta@uach.cl

Los cánidos silvestres constituyen una relevante fuente de ectoparásitos y patógenos infecciosos potencialmente transmisibles a especies domésticas y humanos, que a su vez también pueden servir como vectores de patógenos para especies silvestres, particularmente en zonas de transición entre áreas silvestres y domésticas. En este estudio, describimos la abundancia de la garrapata *Amblyomma tigrinum*en zorros culpeo (*Lycalopex culpaeus*) y chilla (*Lycalopex griseus*) capturados en dos sitios (silvestre y rural-periurbano) de la región de Coquimbo, Chile. Entre Septiembre y Diciembre de 2018, los zorros fueron capturados con cepos y anestesiados con una combinación de ketamina (2.5mg/kg) y dexmedetomidina (50µg/kg), revertida con atipamezol (250µg/kg). Previo a la reversión de anestesia, se inspeccionó su pelaje

y se recolectaron garrapatas de cada individuo durante 10 minutos. Se identificaron un total de 355 *A. tigrinum* recolectadas de 24 zorros (13 *L. culpaeus*y 11 *L. griseus*). En total, los zorros del sitio silvestre (*n*=10) presentaron 154 garrapatas (abundancia media 15.4±2.5), mientras que zorros del sitio rural-periurbano (*n*=14) presentaron 201 garrapatas (abundancia media 14.4±3). A nivel de especie, los zorros culpeo fueron infestados por 217 garrapatas (abundancia media 16.7±2.7) y los zorros chilla presentaron 138 garrapatas (abundancia media 12.5±3). A nivel de sexo, los zorros macho (*n*=17) exhibieron 223 garrapatas (abundancia media 13.1±2.5), mientras que zorros hembra (*n*=7) presentaron 132 garrapatas (abundancia media 18.9±2.9). Dado que la mayoría de los zorros fueron adultos (*n*=22), no se comparó entre grupos etarios. Considerando la amplia distribución geográfica de *A. tigrinum*en Chile y su calidad de hospedero de patógenos potencialmente zoonóticos, este estudio contribuye con información preliminar sobre la distribución de esta garrapata en zorros de vida libre en ambientes silvestres e intervenidos. Financiado por proyectos Fondecyt Nº 1180119 y 3180111, Permiso Bioética Nº 314/2108, Universidad Austral de Chile.

Ehrlichia spp., *Anaplasma* spp. y *Trypanosoma* spp. en mamíferos silvestres de áreas protegidas y áreas urbanas de Costa Rica

Gaby Dolz[1], Mauricio Jiménez Soto[1], Ana E. Jiménez Rocha[1], Alberto Alberti[2], Rosanna Zobba[2], Liliana Campos[1], Ruth Castro Vasquez[1], Marta C. Bonilla[1], Maria Isabel Di Mare Hering[3]
1. Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional, Heredia, Costa Rica; Mediterranean Center for Disease Control, University of Sassari, Sassari, Italy; 2. Mediterranean Center for Disease Control, University of Sassari, Sassari, Italy; 3. Red de Gestión en Conservación de la Vida Silvestre y Salud, Vicerrectoria de Investigación, Universidad Estatal a Distancia, San José, Costa Rica

Ponente: Gaby Dolz, gaby.dolz.wiedner@una.cr

Las condiciones propias de un país tropical presentan grandes ventajas para la distribución y actividad de garrapatas y triatominos, además facilitan la existencia de hospedadores para estos ectoparásitos y agentes infecciosos que pueden ser transmitidos por estos vectores. El objetivo fue determinar la presencia de agentes zoonóticos transmitidos por artrópodos en mamíferos silvestres de áreas protegidas y áreas urbanas, para estimar el potencial de transmisión de estos agentes entre los animales. Un total de 114 muestras de sangre de mamíferos silvestres recolectados entre 2011-2013 en áreas protegidas (47) y zonas urbanas (67) se analizaron mediante PCR (16S ARNr y *dsb para Ehrlichia* spp.; 16S ARNr y *groEL* para *Anaplasma* spp., y 18S ARNr y kDNA para *Trypanosoma* spp.) y secuenciación. La presencia de *Ehrlichia canis* se determinó en 10 (8.8%) mamíferos silvestres capturados en cuatro zonas protegidas y zonas urbanas de dos provincias. El 16S ARNr PCR de *Anaplasma phagocytophilum* fue positivo para 18 (15.8%) animales en tres áreas protegidas y zonas urbanas de cinco provincias, sin embargo, la mayoría de las secuencias mostró identidad para *Anaplasma* sp., por lo que los resultados no fueron concluyentes. Por lo anterior, a las muestras se les realizó un análisis parcial del gen *groEL* y se confirmó la presencia de *A. phagocytophilum, Anaplasma platys y Anaplasma platys-like*. El análisis de 106 muestras mediante kDNA-PCR para *Trypanosoma* spp. fue positivo para 27 (25.5%) y el análisis y secuenciación del gen 18S ARNr determinó 12 animales positivos para *Trypanosoma cruzi* y uno para *Trypanosoma rangeli*, la mayoría de estos animales positivos (11) provenían de zonas protegidas (5). Los mamíferos silvestres están expuestos a los patógenos *E. canis*, *A. phagocytophilum*, *A. platys*, *A. platys-like* y *T. cruzi*, y los ectoparásitos podrían estar transmitiendo estos agentes entre los animales, inclusive a los seres humanos en Costa Rica.

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

Diversidad genética de *Ehrlichia* sp. en carnívoros de América Latina

Juan N. Daher Moreno[1], Andres M. López-Pérez[1], Sokani Sánchez Montes[1], Oscar Rico-Chávez[1], Andrea Chaves[3], Gerardo Suzán[1]

1. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM; 2. Centro de Medicina Tropical, Unidad de Medicina Experimental, Facultad de Medicina, UNAM; 3. Department of Medicine and Epidemiology, School of Veterinary Medicine, University of California, Davis.

Ponente: Juan N. Daher Moreno, juan_vet@outlook.com

Las erliquiosis son metazoonosis emergentes, ocasionadas por bacterias intracelulares del género *Ehrlichia.* Se transmiten a humanos, animales domésticos y silvestres por garrapatas duras de los géneros *Amblyomma*, *Dermacentor*, *Ixodes* y *Rhipicephalus*. Los perros, son centinelas en la transmisión de *Ehrlichia canis* y *Ehrlichia chaffeensis,* las especies de mayor relevancia en salud pública. Ambas transmitidas por el mismo grupo de vectores (*Rhipicephalus*), especies con tropismo por cánidos silvestres y domésticos. En las últimas décadas, implementando técnicas moleculares, se han reportado elevadas prevalencias de *E. canis* y *E. chaffeensis* en carnívoros silvestres en América Latina, sin embargo, no se han realizado estudios para identificar la diversidad genética de estos linajes en un contexto global. Por tal motivo, el objetivo de este trabajo fue determinar la diversidad genética de las especies de *Ehrlichia* en carnívoros de América Latina, utilizando las secuencias disponibles en el GenBank del gen 16SrRNA de *Ehrlichia* sp. en carnívoros. Se realizó un análisis de similitud utilizando la herramienta BLAST, seleccionando las secuencias con un E value = 0, e identidad de 97%. Las secuencias se alinearon mediante el algoritmo Clustal W y se realizó la reconstrucción filogenética usando el método de máxima verosimilitud, evaluando el soporte de las ramas mediante el método estadístico Bootstrap con 500 repeticiones con el programa MEGA 7.0. Los resultados preliminares sugieren la presencia de 2 especies de *Ehrlichia* asociadas a carnívoros. Se observan 12 genotipos de *E. canis* y 4 de *E. chaffeensis*. Dentro de la especie *E. canis* se observan tres secuencias reportadas como *E. canis* pero que presentan una mayor similitud con *Anaplasma phagocytophilum*. Nuestros resultados resaltan la importancia de continuar estudiando la diversidad filogenética de las Ehrlichias asociadas a carnívoros, sus patrones biogeográficos, su amplitud de hospederos y su dinámica en la interfase silvestre-doméstico -humano.

Macro y microparásitos en roedores de un paisaje dominado por plantaciones exóticas de pino Monterrey en Chile Central

André V. Rubio[1], Maira Riquelme[1], Sofía Oettinger[1], Fernando Fredes[1], Javier A. Simonetti[1]

1. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

Ponente: André V. Rubio, arubio@uchile.cl

El reemplazo de hábitats nativos por tierras de uso silvoagropecuario puede modificar diversas interacciones, por ejemplo, el parasitismo. Uno de los cambios de uso de suelo de importancia en la zona centro-sur de Chile son las plantaciones exóticas de pino Monterrey (*Pinus radiata*). Sin embargo, existe escaza información de los efectos de este monocultivo sobre la transmisión de parásitos y patógenos zoonóticos provenientes de fauna silvestre. El objetivo de este estudio fue determinar la prevalencia de macroparásitos (hemintos gastrointestinales) y microparásitos (*Cryptosporidium* sp. y hantavirus cepa Andes) en roedores silvestres de una zona costera de la Región del Maule y comparar la prevalencia entre tres tipos de hábitats:(1) bosque nativo, (2) plantaciones de pino Monterrey adulto, y (3)

plantaciones de pino joven. Las capturas de roedores se realizaron de manera estacional durante los años 2016 y 2017. Se colectaron muestras de heces para detección de huevos de helmintos mediante la técnica de Telemann y tinción de Ziehl-Neelsen para ooquistes de *Cryptosporidium* sp. Además se tomaron muestras de sangre para la detección de anticuerpos contra hantavirus mediante técnica de SIA (strip blot assay). 1.962 individuos fueron capturados, correspondientes a siete especies de roedores y un marsupial. La prevalencia total de helmintos fue 17%, la prevalencia de *Cryptosporidium* sp. fue 6,2% y de Andes virus fue 4,6%. Para ningún parásito la prevalencia fue mayor en las plantaciones de pino, incluso para Andes virus la seroprevalencia fue mayor en el bosque nativo. Estos resultados sugieren que las plantaciones de pino Monterrey en Chile central no estarían aumentando la transmisión de ciertos parásitos en hospederos silvestres. Por lo tanto, desde el punto de vista de salud pública, las plantaciones de pino no presentarían un aumento de riesgo de exposición a parásitos asociados a roedores en comparación al bosque nativo de la zona.

Diversity of ticks in wildlife dead by Motor Vehicle-Collisions in roads of São Paulo, Brazil: Preliminary results

Pedro E. Navas-Suárez[1], T. F. Martins[2], D. Fuentes-Castillo[1], M.C. Silva[3], P. R. Souza[4], M. B. Labruna[2], Jose L. Catão-Dias[1]

1. Laboratório de Patologia Comparada de Animais Selvagens (LAPCOM), Departamento de Patologia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, Brasil; 2. Departamento de Medicina Veterinária Preventiva e Saúde animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, Brasil; 3. Museu de Anatomia Veterinária, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, Brasil; 4. Concessionária Tamoios, São Paulo, Brasil.

Ponente: Danny Fuentes-Castillo, dannyfuentes@usp.br

One of the main environmental impacts caused by roads in Brazil is mortality by Motor Vehicle-Collision. It is estimated that at least 15 animals die per second in Brazilian roads. We hypothesize that carcasses of roadkilled animals can be a source of parasitological information. In this work we present preliminary results obtained in 24 months of sampling roadkills to find and identify ectoparasites. During 2017-2018, 116 carcasses of wildlife (83 mammals, 33 birds) were recorded in two roads of Sao Paulo state, Brazil. Search of ectoparasites was carried out. The parasites found were extracted with tweezers and placed in tubes with 70% ethanol to posterior identification. A total of 878 ticks corresponding to 15 different species were collected. In mammals: 6 tick species in *Mazama gouazoubira*: *Amblyomma incisum*, *A. brasiliense*, *A. sculptum*, *Rhipicephalus microplus*, *Ixodes aragaoi* and *Haemaphysalis juxtakochi*; 4 tick species in *Tamandua tetradactyla*: *A. calcaratum*, *A. nodosum*, *A. varium* and *A. brasiliense*; 3 tick species in *Cerdocyon thous*: *A. sculptum*, *A. aureolatum* and *A. ovale*; and *Puma concolor*: *A. aureolatum*, *A. ovale* and *Dermacentor nitens*; 2 tick species in: *Bradypus variegatus: A. varium* and *A. dubitatum*; *Chrysocyon brachyurus*: *A. tigrinum* and *A. sculptum*; *Didelphis aurita*: *I. loricatus* and *A. dubitatum*; *Hydrochaerus hydrochaeris*: *A. sculptum* and *A. dubitatum*; and *Procyon cancrivorus*: *A. aureolatum* and *A. ovale*; and one tick species: *Sphiggurus villosus*: *A. longirostre*; *Tapirus terrestris*: *A. sculptum*; and in *Leopardus pardalis* and *Puma jaguaroundii* were found larvae of *Amblyomma* sp. In birds, *Assio clamator*: larvae of *Haemaphysalis* sp. and *Amblyomma* sp.; *Strix virgata*: larvae of *Amblyomma* sp., and *Milvago chimachima*: *R. microplus*. The findings of *A. varium* in *T. tetradactyla*, *A. dubitatum* in *B. variegatus* and *R. microplus* in *M. chimachima* reported in this study are considered new reports of tick-host associations.

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

Draft genome sequence of a multi-drug resistance and highly virulent *Salmonella enterica* ser. Infantis ST32 producing CTX-M-65 isolated from a Magellanic Horned Owl (*Bubo magellanicus*) in Chile

Danny Fuentes-Castillo[1], Mariella Farfán-López[2], Fernanda Esposito[3], Quézia Moura[2], Brenda Cardoso[2], Maria E. Muñoz[3], Louise Cerdeira[3], José L. Catão-Dias[1], Daniel González-Acuña[4], Nilton Lincopan[2]

1. Department of Pathology, School of Veterinary Medicine and Animal Sciences, University of São Paulo, São Paulo, Brazil; 2. Department of Microbiology, Institute of Biomedical Sciences, University of São Paulo, São Paulo, Brazil; 3. Department of Clinical Analysis, Faculty of Pharmacy, University of São Paulo, São Paulo, Brazil; 3. Department of Clinical Analysis, Faculty of Pharmacy, University of São Paulo, São Paulo, Brazil; 4. Department of Animal Sciences, Faculty of Veterinary Sciences, University of Concepción, Chillán, Chile.

Ponente: Danny Fuentes-Castillo, dannyfuentes@usp.br

Salmonella enterica serovar Infantis has significant adaptation capacity in human and poultry. In this study, we present the first draft genome sequence of a *S.* Infantis isolated from a wild *bird.*In February 2018, a Magellanic Horned Owl (*Bubo magellanicus*) was admitted in a wildlife rescue and rehabilitation center (WRRC) in Southern Chile (36°35'38.94"S; 72°5'2.79"O), malnourished, depressed, with moderate dehydration and blindness in the right eye. Cloacal samples were streaked onto MacConkey agar plates supplemented with ceftriaxone and enterobacterial isolates were identified by MALDI-TOF MS system. The whole genome was sequenced using an Illumina NextSeq platform and was assembled using Velvet v.1.2.10, and data analysis was carried out using available tools from the Center of Genomic Epidemiology. A *S.* Infantis ST32 (CDR398A) was isolated from this owl, that displayed a multidrug resistance to β-lactams (*bla*CTX-M-65), aminoglycosides (*aph(3')-Ia*, *aph(4)-Ia*, *aadA1, aac(6')Iaa*, *aac(3)-Iva*), phenicols (*floR*), (*sul1*), tetracyclines (*tetA*) and diaminopyrimidines (*dfrA14*). Additionally, chromosomal point mutations were detected in *gyrA*(Asp87Tyr) gene, which confer resistance to fluoroquinolones. Heavy metal resistance genes to zinc, magnesium, copper, molybdenum, iron, mercury and manganese, and resistance genes to quaternary ammonium compounds were detected. Virulence genes associated to type III secretion system, yersiniabactin, Non-fimbrial adhesion factors, antimicrobial resistance peptide, fimbriae and curli fibers were detected. To evaluate the virulence potential of CDR398A, an in vivo experiment was carried out with the *Galleria mellonella* infection model, that confirmed a high-virulence background of CDR398A. Interestingly, the resistome of CDR398A is similar to strains of *S.*Infantis carrying *bla*CTX-M-65isolated from human and chicken samples from United States. To the best of our knowledge, this is the first draft genome sequence of a multidrug resistance blaCTX-M-65-carrying *S.*Infantis recovered from a wild bird, highlighting the importance of applying a global One Health human-animal-environment perspective to understand and combat the antimicrobial resistance.

Antibiotic Resistance Genes (ARGs) in the Gastrointestinal Microbiome of Wild Seabirds: the First Detection of mecA in Seabirds in South America

Ana Carolina Ewbank[1], Carlos Sacristán[1], Samira Costa-Silva[2], Marzia Antonelli[2], Janaina R. Lorenço[2], Cristiane K. M. Kolesnikovas[2], José Luiz Catão-Dias[1], Fernando Esperón Fajardo[3]

1. Laboratório de Patologia Comparada, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil; 2. Associação R3 Animal, Florianópolis, Santa Catarina, Brazil; Associação R3 Animal, Florianópolis, Santa Catarina, Brazil; Grupo de Epidemiología y Sanidad Ambiental, Centro de Investigación en Sanidad Animal (CISA-INIA), Madrid, Spain.

Ponente: Ana Carolina Ewbank, carolewbank@yahoo.com.br

Antibiotic resistance genes (ARGs) are considered environmental contaminants and anthropization indicators. We evaluated the degree of human interference in the marine ecosystem through the presence, identification and quantification of selected plasmid-mediated ARGs: with expected detection frequency (*tet, aadA, str, sul, cat, erm*); livestock and/or human health care use (*qnrB, qnrS* and *bla*TEM); and Public Health impact (mcr-1 andmecA), present in the gastrointestinal microbiome (enema samples) of wild seabirds upon admission in a rehabilitation center, Brazil. We evaluated 34 birds, divided into three groups according with the species: Larus dominicanus (Group A/n=14), *Spheniscus magellanicus* (Group B/ n=11), and Other species (*Thalassarche chlororhynchus, Macronectes giganteus, Sula leucogaster, Sula sula, Phalacrocorax brasilianus, and Sterna hirundinacea*; Group C/n=9). All ARGs were detected and quantified by real-time PCRs. Group A presented a higher percentage of positives (≥50%) for tetQ, sulII andblaTEM, Group B for tetQ, and Group C for qnrB. Among all genes, blaTEM presented the highest gene load percentage (mean values) in all groups. mecA, a gene of Public Health concern was detected in Group A. Multiresistant microbiomes (resistance to 3 or more antimicrobial classes) were observed in all groups: A (n=6), B (n=5) and C (n=3). Herein we report the detection of a high load and diversity of ARGs, including the first description of the *mec*Agene in seabirds in South America, commonly associated with Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA), a relevant cause of nosocomial infections worldwide. Ongoing studies will assess if there are significant differences between biological and behavioral parameters (i.e., feeding behavior and migration).

Alta prevalencia de tetraciclina en aislamientos de *Escherichia coli* del Cocodrilo Americano (*Crocodylus acutus*) capturados en estanques de producción de tilapia en Cañas Guanacaste, Costa Rica

Verónica Arias Pérez[1]

1. Universidad Nacional, Costa Rica.

Ponente: Verónica Arias, veroap0109@gmail.com

PONENCIAS TIPO CARTEL

En los últimos años las cepas bacterianas han presentado resistencia a muchos fármacos, induciendo a una nueva era de resistencia antimicrobiana. Donde las industrias agrícolas, pecuaria y acuicultura son una de las principales causantes , ya que el uso desmedido de antibióticos es muy evidente. Por lo tanto el cocodrilo americano al estar en zonas muy cercanas a estas fuentes, se convierte en una especie vulnerable. El objetivo de dicha investigación es analizar los perfiles de sensibilidad a los antibióticos en aislamientos de *Escherichia coli* obtenidas a partir de las cloacas del Cocodrilo Americano (*Crocodylus acutus*), para la identificación del grado de resistencia a antibióticos utilizados en el tratamiento de bacterias Gram negativas en seres humanos y acuicultura. El estudio se llevó a cabo en la empresa AquaCorporación en Cañas, Guanacaste, Costa Rica y Laboratorios de la Universidad Nacional de Costa Rica (UNA). Donde se tomaron muestras de cocodrilo capturados en los estanques de tilapia y del recinto de mantenimiento. Seguidamente un hisopado de la cloaca de cada animal y se inocularon en dos medios, agar MacConkey y Levine con antibiótico y sin él. Posteriormente se incubaron las muestras, para obtener aislamientos puros de *E. coli* y realizar un perfil de sensibilidad con el equipo Vitek 2. Adicionalmente los antibióticos de uso veterinario se evaluaron por la técnica de difusión de disco Kirby Bauer y concentración mínima inhibitoria (MIC). Los resultados encontrados fueron una alta prevalencia de tetraciclina (75%) mayormente , con MIC 50 de 32 µg / mL de alto y MIC 90 de 128 µg / mL. Por lo tanto, al encontrar resistencia en animales silvestres asociados a un sistema de producción es importante, ya que en el futuro pueden convertirse en un riesgo para la salud pública y el medio ambiente.

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

Mapa epidemiológico basado en el riesgo de la posible entrada del virus de Influenza Aviar altamente patógena H5N1 en Costa Rica

Luis Fernando Guerra[1], Mauricio Jimenez[2], Manuel Spínola[3], Shirley Ramírez[4]

1. Wildlife Conservation Society; 2. Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional de Costa Rica; 3. ICOMVIS, Universidad Nacional de Costa Rica; 4. HSI

Ponente: Luis Fernando Guerra, lguerra@wcs.org

La influenza aviar es una enfermedad infecciosa que afecta principalmente a las aves. Está producida por un Influenza virus tipo A, de la familia Orthomyxoviridae, que en la mayoría de los casos es de baja patogenicidad y no ocasiona enfermedades graves pero el nivel de riesgo para la sanidad animal y la salud pública puede ser alto, debido a la rápida mutación y el posible intercambio de material genético entre las diferentes cepas. Se evaluó el riesgo de entrada de IAAP a Costa Rica, definiendo 14 variables como posibles factores de riesgo. Estas variables son de origen antropogénico y físico. Con el fin de identificar y medir la variación espacial del riesgo potencial, se adaptó el modelo de índice de calidad de hábitat (HSI), el cual es un índice numérico con una escala de 0 a 1. Este proceso estructura y clasifica criterios de las principales variables, dándoles un valor en la escala del índice para indicar que probabilidad de la diseminación de la enfermedad en las diferentes zonas del país. El 75% de la superficie de Costa Rica se encuentra dentro del intervalo de 0.6 y finalmente 1.74% presenta valores dentro del intervalo de 0.7. Por lo tanto, 76.45% de la superficie tiene un riesgo alto ante el posible ingreso de IAAP al país. Se debe continuar con la vigilancia epidemiológica establecida para los humedales y otros sitios de asentamientos de aves migratorias, así también la implementación controles periódicos en las granjas avícolas y centros de recepción de fauna silvestre como medida de prevención

Riesgos de salud en poblaciones de mono carablanca (*Cebus imitator*) del Pacífico de Costa Rica asociado a fragmentación y actividades humanas

Ricardo Jiménez-Leitón[1]

1. AWA Science & Conservation

Ponente: Ricardo Jiménez-Leitón, vetdomicilio247@gmail.com

Costa Rica es reconocido como uno de los países más biodiversos del mundo, sin embargo las interacciones entre actividades turísticas, ambientes rurales y vida silvestre se encuentran en aumento. Provocando el desarrollo turístico y económico en áreas naturales vulnerables. Lo cual representa un gran riesgo para la protección de la vida silvestre. Agudizado por la carencia de planeamientos y datos que minimicen el impacto ambiental y riesgos de transmisión de enfermedades. Recientemente se han observado problemas de salud en poblaciones de monos carablanca (*Cebus imitator*) en la comunidad costera de Montezuma en el Pacífico de Costa Rica. De las cuatro especies de primates neotropicales presentes en Costa Rica, esta especie es la más frecuentemente observada en ecosistemas alterados, donde las interacciones con humanos y mascotas ocurren a menudo. Las actividades humanas han reducido y fragmentado su territorio. Las poblaciones se han concentrado, sus áreas de forrajeo se han modificado alterando sus dinámicas sociales y hábitos alimenticios, incrementando el estrés, inmunosupresión y transmisión de enfermedades. Actualmente no hay estudios que evalúen cómo estos factores afectan la salud de estos primates, sin embargo, la observación de monos capuchinos con lesiones generalizadas en la piel ha ido en aumento en zonas de alto tránsito turístico y alta presencia de mascotas peri domésticas. El presente estudio muestra los resultados preliminares de muestras tomadas a primates excluidos de sus tropas, los cuales fueron encontrados con lesiones extensas en piel, pérdida de

pelo, y pobre condición corporal. A dichos individuos se les realizó un examen clínico completo, hematología, bioquímicas, raspados de piel, biopsias cutáneas y cultivos microbiológicos, determinándose la presencia de dermatofitos. Es nuestro interés correlacionar los factores ambientales locales con los resultados clínicos con el fin de generar medidas de mitigación en esta comunidad y en otras con problemas similares.

Prevalence of Plasmodium parasites in non-human primates and mosquitoes in areas with different degrees of fragmentation in Colombia

Silvia Rondón[1], Cielo León[1], Andrés Link[1], Camila González[1]

1. CIMPAT, Universidad de los Andes, Cra 1 N° 18A-12, Bogotá, Colombia.

Ponente: Silvia Rondón, sy.rondon941@uniandes.edu.co

Parasites from the genus *Plasmodium,* responsible of causing Malaria in humans, are able to infect also non-human primates (NHPs), increasing the potential risk of zoonoses and their globally public health concern. This study aimed to determine the circulating species of *Plasmodium* in *Anopheles* and *Ateles hybridus, Cebus versicolor, Alouatta seniculus* and *Aotus griseimembra* living in fragmented forests within the Magdalena River valley, in order to evaluate the risk of infection to humans associated with the presence of NHPs and *Anopheles* infected with *Plasmodium spp.* One hundred and sixty six fecal samples and twenty-five blood samples were collected from NHPs, while four hundred and forty two *Anopheles* were collected. DNA extraction, electrophoresis and sequencing were conducted in order to identify *Plasmodium spp*. *Plasmodium was* detected in 20 samples of NHPs, and the higher *Plasmodium* prevalence was found for *P. malariae/brasilianum* in blood and fecal samples of *A. seniculus* and *A. hybridus* respectively. *Plasmodium falciparum* was found infecting *A. seniculus*, while *P.vivax/simium* infected *A. hybridus, C. versicolor* and *A. seniculus*. *P. malariae/brasilianum* was found infecting all the four NHPs species*. Plasmodium* prevalence in NHPs was not related to fragmentation (General linear model: fecal samples Pr= 0.415, blood samples= 0.272) or distance to nearest town (General linear model: fecal samples Pr= 0.272, blood samples= 0.272). Infection with *P.vivax/simium* was found in *Anopheles nuneztovari, Anopheles neomaculipalpus,* and *Anopheles triannulatus.* Furthermore, *Anopheles oswaldoi* and *Anopheles triannulatus* were found infected with *P. malariae/brasilianum*.The minimum infection rate in *Anopheles* species was related to fragmentation (General linear model: Pr= 0.002) but not related to distance to nearest town (General linear model: Pr= 0.056). The presence of *Plasmodium spp.* in NHPs and *Anopheles spp*. in fragmented forests is a scenario that suggests important epidemiological implications and the associated risk of malaria transmission.

Trypanosomatid infections in non-human primates of Costa Rica

Antony Solorzano Morales[1], Connie Tien[1], Sergio Alfaro Porras[1], Gaby Dolz[1]

1. Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional, Heredia, Costa Rica.

Ponente: Antony Solorzano Morales, antony.solorzano.morales@una.cr

Neotropical non-human primates are frequently infected with a variety of trypanosomes, including *Trypanosoma cruzi*, which causes Chagas disease, an important zoonotic disease in Latin America. The objective of this study was to determine antibodies against *T. cruzi* and to characterize by molecular methods

trypanosomes present in non-human primates (NHP) of Costa Rica. 201 blood samples recollected between 2011-2016 from wild (49) and in captivity living (152) NHP were analyzed by molecular (polymerase chain reaction [PCR] and sequencing) and serological (indirect hemagglutination [IHA]) methods. A total of 21 (10%) samples were positive in PCR, sequence and BLAST analysis of the high variable region of the small subunit ribosomal RNA gene determined them as *Trypanosoma minasense*. The presence of this parasite was determined in the four species of monkeys in the country (*Alouatta palliata* n=5, *Ateles geoffroyi* n=6, *Cebus imitator* n=8 and *Saimiri oerstedii* n=1); coming from different regions (Alajuela province n=8, Limón n=4, Puntarenas n=9) and both lifestyle (wild=3, captivity=18). All sera (123) analyzed reacted negative in IHA. This represent the first molecular report of *T. minasense* infecting non-human primates from Costa Rica. Future studies about the biology of this parasite and the existence of other trypanosomatid species, including *T. cruzi*, in non human primates of Costa Rica are required.

Estudio de parásitos en vicuñas (*Vicugna vicugna*) del parque nacional y área natural de manejo integrado nacional (pn-anmin) Apolobamba, Bolivia

Jose Luis Mollericona[1,2], Fabián Beltrán[1,2], Robert Wallace[1,2], Oscar Loayza[1], Laurent Uruño[3], Jacyra Murillo[3]

1. WIldlife Conservation Society La Paz, Bolivia; 2. Wildlife Conservation Society, Wildlife Health Program New York, USA; 3. Universidad Pública de El Alto, Bolivia; Universidad Académica Campesina de Batallas, Bolivia

Ponente: Jose Luis Mollericona, jmollericona@wcs.org

El Sistema Nacional de Áreas Protegidas de Bolivia contempla a 22 áreas de carácter nacional, de las cuales Apolobamba, Sajama, Eduardo Avaroa y Sama realizan el manejo y aprovechamiento de la fibra de vicuña. Desde el año 1998 a la fecha, esta actividad ha beneficiado a más de 5.500 familias de 80 comunidades y 33 municipios y, juntamente con el Ministerio de Medio Ambiente y Agua, como autoridad competente, se han logrado desarrollar acciones de conservación y control para la especie. Dada la importancia de esta especie para las comunidades, el año 2018 se aprovechó las esquilas comunitarias para monitorear las enfermedades parasitarias a través de la toma de muestras (heces y ectoparásitos) a 92 vicuñas del PN ANMIN Apolobamba. Los coprológicos de Wisconsin Modificado y Sedimentación Modificada, así como el análisis de ectoparásitos permitieron morfológicamente identificar que 67.4% de las vicuñas presentó infestación por endoparásitos, el 3.3% por ectoparásitos, 26% infestación mixta y 3.3% no presentó parásitos. Los endoparásitos más comunes fueron las coccidias *Eimeria punoensis* (98.84%), y *E. alpacae* (89.53%), encontrándose significancia entre sexos (P<0.008). Entre los nematodos, el Orden *Strongylida* (67.44%) y *Trichuris* sp. (58.14%) son los más prevalentes, y se halló diferencias significativas para *Capillaria* sp., *Nematodirus* sp. y *Lamanema* sp. (P<0.05) por edad; en cestodos *Moniezia benedeni* y *M. expanza* registraron una prevalencia menor al 6%. En ectoparásitos, el piojo *Microthoracius praelongiceps* fue el más común con el 14.1% y la garrapata *Amblyomma parvitarsum*, con el 8.7%, presentó significancia por sexo (P<0.02), la prevalencia de sarna, *Sarcoptes scabiei*, fue de 9.8% con significancia por edad (P<0.01). Estos datos muestran la necesidad de ser abordados de forma integral con otros estudios ecológicos del área, a fin de entender las relaciones parásito-hospedero y así coadyuvar en el planteamiento de alternativas de manejo y conservación para la especie.

IV CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

CONSTRUYENDO PUENTES PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

Niveles de abundancia parasitaria y su relación con la condición corporal de Vicuñas (*Vicugna vicugna*, Molina 1782) en el sur de Bolivia

L. Fabián Beltrán-Saavedra[1,2], Jose Luis Mollericona[1,2], Laurent Uruño[3], Vanessa Ramos[3], Neuza Jacyra Murillo[4], Oscar Loayza[1], Robert Wallace[1]

1. Wildlife Conservation Society - Programa de Conservación del Gran Paisaje Madidi - Tambopata. La Paz, Bolivia; 2. Wildlife Conservation Society - Wildlife Health Program. New York, USA; 3. Universidad Pública de El Alto, El Alto, Bolivia; 4. Universidad Académica Campesina de Batallas, Batallas, Bolivia.

Ponente: L. Fabián Beltrán-Saavedra, fbeltran@wcs.org

Con el objetivo de evaluar la salud de vicuñas (*Vicugna vicugna*) durante las esquilas comunitarias en silvestría en el Área Natural de Manejo Integrado Pampas Tholar de las Vicuñas, Municipio de Villazón, Potosí, Bolivia, en octubre de 2018 se obtuvieron muestras biológicas de 78 individuos en las comunidades de Sarcarí (n= 21) al este, y Sausalito (n= 37) y Hornos (n= 20) al oeste, obteniendo y conservando heces en formol 10%, y ectoparásitos de lesiones compatibles a sarna, de piel y de fibra, que fueron conservados en etanol 75%. Las heces se utilizaron para coproparasitología de flotación y sedimentación, y a los ectoparásitos se realizó diagnóstico morfológico para Acari y Phthiraptera. Se realizaron estadísticas descriptivas de prevalencia (%), intensidad media y abundancia media parasitaria, y su comparación entre comunidades mediante estadísticas inferenciales (P< or = 0,05) con 95% de confianza. Fueron reportados los endoparásitos *Eimeria punoensis* (66,18 %), *E. alpacae* (30,88 %), *E. lamae* (8,82 %), *E. macusaniensis* (1,47 %), *Trichuris* sp. (45,59 %), *Capillaria* sp. (8,82 %), *Strongyloides* sp. (5,88 %), *Nematodirus* sp. (1,47 %), O. Strongylida (1,47 %), *Moniezia benedeni* (2,94), y los ectoparásitos *Sarcoptes scabiei* (5,1 %), *Microthoracius mazzai* (6,4 %), *M. praelongiceps* (14,1 %). Los niveles de abundancia de endoparásitos del género *Eimeria* y ectoparásitos del género *Microthoracius* fueron similares en todas las comunidades, observándose que en Sarcarí únicamente se presentó el nematodo *Trichuris* sp. y el Acari *S. scabiei* . Se discuten diferencias de niveles de parasitismo entre vicuñas de Sarcarí (región este) y Sausalito-Hornos (región oeste), en correlación a la condición corporal de 72 de estas vicuñas y al impacto antropogénico observado sobre su hábitat. La autorización para toma de muestras biológicas, precautelando el bienestar animal, fue otorgado por la Autoridad Ambiental Competente Nacional (MMAyA-VMABCCGDF-DGBAP N°355/2014).

Análisis del agente causal y valores hematológicos y química sérica de vicuñas (*Vicugna vicugna*) con sarna en Perú

Omar Siguas-Robles[1], Rufino Paucar[2], Daniel Zárate Rendón[3], Giulianna Travi[3], Fiorela Boza[4], Michael Esteban[4], André V. Rubio[5], Cristian Bonacic[5]

1. Laboratorio de Ecología y Conservación de Ecosistemas Altoandinos, Facultad de Ciencias de Ingeniería, Universidad Nacional de Huancavelica, Perú; 2. Departamento de Zootecnia, Facultad de Ciencias de Ingeniería, Universidad Nacional de Huancavelica, Perú; 3. Laboratorio de Parasitología, Departamento Académico de Nutrición, Facultad de Zootecnia, Universidad Nacional Agraria La Molina, Perú; 4. Laboratorio de Ecología y Conservación de Ecosistemas Altoandinos, Facultad de Ciencias de Ingeniería, Universidad Nacional de Huancavelica, Perú; 5. Departamento de Ciencias Biológicas Animales, Facultad de Cs. Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Chile.

Ponente: Omar Siguas-Robles, omar.siguas@gmail.com

La sarna sarcóptica es una enfermedad de distribución global cuyo agente causal

es el ácaro *Sarcoptes scabiei* y actualmente es una amenaza para la conservación de diversas especies. La vicuña (*Vicugna vicugna*) es un camélido sudamericano silvestre que posee una fibra de alto valor comercial en el mercado internacional y es anualmente capturada por comunidades campesinas con el propósito de cosechar este producto de manera sustentable. En los últimos años, se han reportado brotes de sarna en varias poblaciones de vicuñas del Perú y se desconoce la magnitud de este problema parasitario. Los objetivos de este estudio fueron: (1) identificar morfológicamente ácaros provenientes de raspados de piel de vicuñas vivas o muertas con lesiones compatibles de sarna y (2) comparar parámetros hematológicos y de bioquímica sanguínea de vicuñas enfermas y sanas. El área de estudio abarcó las comunidades de San Pedro de Coris y Pampalca (Huancavelica), la Reserva Nacional Pampa Galeras (Ayacucho) y la Reserva Paisajística Nor Yauyos Cochas (Junín). Durante el año 2018 se obtuvieron raspados de piel de 54 vicuñas vivas y 04 muertas con lesiones compatibles con sarna y se colectaron muestras sanguíneas de 59 vicuñas con sarna y 124 sin signos de la enfermedad. Los resultados indican que la sarna sarcóptica está ampliamente distribuida en el área estudiada ya que todos los ácaros encontrados correspondieron morfológicamente a *Sarcoptes scabiei.* Por otro lado, las vicuñas con sarna presentaron estadísticamente menores niveles de glóbulos blancos, monocitos y glucosa y mayores niveles de proteínas totales comparadas con vicuñas sin sarna. Este estudio es una aproximación a la comprensión de los efectos de la enfermedad sobre la salud de esta especie. Se discuten desafíos futuros del impacto de la sarna sobre las poblaciones de vicuñas del altiplano peruano y de otros países de la región donde habita esta especie.

Primeros alcances de la evaluación nacional de la sarna sarcóptica en Vicuñas (*Vicugna vicugna*) durante "Chacus" realizados por las comunidades campesinas en Perú

Yovana Murillo Vega[1], Ana Gallegos Carrillo[1], Jessica Gálvez-Durand Besnard[2]

1. Wildlife Conservation Society; 2. Servicio Nacional Forestal y Fauna Silvestre - SERFOR.

Ponente: Yovana Murillo Vega, ymurillo@wcs.org

La vicuña (*Vicugna vicugna*) es un camélido sudamericano silvestre de los países Alto andinos, con distribución a más de 3500 msnm. Como amenazas enfrenta: la cacería furtiva, pérdida de hábitat, y recientemente el aumento de enfermedades de distribución global, como la sarna sarcóptica. Ancestralmente, las vicuñas son sometidas a prácticas de manejo ("*Chacu*": captura y esquila) realizadas por las comunidades para obtener su preciada fibra. Este trabajo busca presentar los resultados preliminares de la evaluación a vicuñas capturadas de silvestría y semicautiverio en cuatro comunidades: Huarccoy y Huaquirca (Apurímac), San Juan de Ondores (Junín) y Trapiche (Puno) entre setiembre a noviembre del 2018. De las 1159 vicuñas capturadas, las comunidades sólo permitieron la evaluación de 102 vicuñas sospechosas a sarna. Se colectaron datos como sexo, grupo etario y condición corporal. El 61.8% (63/102) de vicuñas presentaron lesiones compatibles con sarna (zonas alopécicas, enrojecidas, con costras, fisuras cutáneas, entre otras), donde el 62% (39/63) de vicuñas con lesiones se encontraron bajo un manejo en semicautiverio. En la evaluación de la severidad de las lesiones, el 25.4% (16/63) se identificó como leve, el 17.5% (11/63) moderada y el 57.1% (36/63) severa. Se obtuvieron muestras de raspados de piel para 53 vicuñas con lesiones compatibles con sarna, de las cuales el 64.15% (34/53) fueron positivas a la presencia del ácaro *Sarcoptes scabiei* mediante identificación microscópica, observando distintos estadios (adultos, ninfas y huevos). El Chaccu nos permite evaluar cercanamente a las vicuñas de una población. Sin embargo, prácticas rudimentarias del manejo puede contribuir a la transmisión y mantenimiento de la enfermedad. Es necesario continuar

con las evaluaciones durante los "*Chacus*" en colaboración con las comunidades y el apoyo del Estado a fin de tener mayor información sobre la magnitud de la enfermedad y fortalecer los lineamientos de mejores prácticas en el manejo.

Riqueza de piojos (orden *Phthiraptera*) en aves silvestres asociadas a ambientes transformados del sureste de México.

Samantha Alheli Laguna Becerril[1], Griselda Montiel Parra[2], Víctor Manuel Rodríguez Valencia[1], Guillermo Orta Pineda[1], Diana Zamora Bárcenas[1], Rafael Ojeda Flores[1], Gerardo Suzán Azpiri[1], Oscar Rico Chávez[1]

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y una Salud ,FMVZ, UNAM; 2. Instituto de Biología, UNAM.

Ponente: Samantha Alheli Laguna Becerril, sam309122450@gmail.com

Los ectoparásitos asociados a aves influyen en sus dinámicas y ciclos de vida al modular la selección del lugar de anidamiento, elección de pareja, éxito reproductivo, cuidado parental y sobrevivencia. El orden *Phthiraptera* comprende a los subórdenes *Amblycera* e *Ischnocera* que son piojos altamente especie-específico, que completan su ciclo de vida en un mismo hospedero. Su estudio en México es aún limitado. Con la finalidad de conocer la riqueza y abundancia de piojos masticadores de aves asociados a ambientes antropizados se realizó un muestreo en 4 municipios del estado de Veracruz, entre los meses de marzo a mayo del año 2017. La colecta de ectoparásitos se realizó por inspección *in vivo* de cada individuo, capturándolos con pinzas entomológicas. Los ectoparásito colectados, se colocaron en microtubos de 2 ml con alcohol al 70% para su preservación, fijación y transporte. Los piojos fueron sumergidos en lactofenol en un periodo de 12 a 48 horas para su aclarado, y se fijaron con medio de montaje CMC10 en laminillas. Se identificaron usando claves entomológicas con ayuda de un microscopio óptico. Se obtuvieron 31 aves de 19 especies y 10 familias. A la fecha se han identificado tres especies de piojos masticadores asociados a tres especies diferentes de Columbiformes, de los cuales *Hohorstiella passerina* y *Physconelloides robbinsi* representan nuevos reportes para México y junto con *Columbicola passerinae*, tres registros nuevos para el estado de Veracruz. Los resultados preliminares sugieren la posible de identificación de al menos 7 especies más de piojos asociados a 19 especies de hospederos. Se resalta la importancia de estudiar los sistemas huésped-parásito en aves, pues son muy semejantes a una isla, aportando una visión más clara de la divergencia adaptativa que podrían estar ocurriendo debido a los cambios generados por la antropización de los ecosistemas.

Ecología de ácaros en pequeños roedores del Parque Nacional y Área Natural de Manejo Integrado Madidi, Bolivia

Jose Luis Mollericona[1,2], Nuria Bernal Hoverud[1], Marisol Hidalgo[3], Robert Wallace[1,2]

1. WIldlife Conservation Society La Paz, Bolivia; 2. Wildlife Conservation Society, Wildlife Health Program New York, USA; 3. Museo de Historia Natural Alcide d'Orbigny Cochabamba, Bolivia.

Ponente: Jose Luis Mollericona, jmollericona@wcs.org

El orden Rodentia representa el 42% de las especies de mamíferos a nivel mundial, y su relación con especies de artrópodos parásitos ha sido escasamente estudiada. En Bolivia, a la fecha se han registrado 144 especies de roedores y los registros de

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

asociación hospederos-parásitos se conoce en un 17%. En el presente estudio se analizó la diversidad de ácaros presente en el pelaje de roedores del Parque Nacional Madidi, a lo largo de un gradiente altitudinal que abarca de los 200 hasta los 4.700 msnm, cubriendo 15 pisos ecológicos representativos. Entre los años 2015 y 2017 se extrajeron ácaros de 662 roedores de 52 especies capturados en trampas Sherman. Los roedores pertenecen a la familia Cricetidae, Subfamilia Sigmodontinae y 5 tribus Abrotrichini, Akodontini, Oryzomyini, Phyllotini, Thomasomyini (n=607), y la familia Echimyidae, Subfamilia Eumysopinae (n=55). Se identificaron morfológicamente 11.766 especímenes de ácaros, confirmando la presencia del Orden Mesostigmata, familia Laelapidae, reportando 45 especies de 5 géneros *Androlaelaps, Gigantolaelaps, Laelaps, Mysolaelaps* y *Tur*. Se registró mayor riqueza y abundancia de ácaros en roedores de las tribus Oryzomyini y Akodontini en hábitats entre los 200 y 3.000 metros, y una baja riqueza y abundancia en las tribus Abrotrichini y Phyllotini en sitios por encima de los 3.500 metros. Las especies de ácaros más comunes fueron *Androlaelaps fahrenholzi* (36.56%), presente en 30 diferentes hospederos, encontrados en todas las localidades, seguido por *Gigantolaelaps oudemansi* (20.85%) presente en 16 hospederos de 7 localidades, mientras que *Gigantolaelaps amazonae* y *G. goyanensis* (0.15%) solo se encontraron en una localidad y un único hospedero. Estos datos permiten inferir que las características del hábitat influyen en la diversidad de comunidades hospedero-parásito, sentando las bases para profundizar el conocimiento sobre la ecología de las relaciones parásito-hospedero en una de las regiones más biodiversas del mundo, los Andes tropicales.

Aspergillosis in migrating wild Magellanic penguins (*Spheniscus magellanicus*)

Ana Carolina Ewbank[1], Aricia Duarte-Benvenuto[1], Roberta Zamana Ramblas[1], Pedro Enrique Navas[1], Marco Gattamorta[1], Priscilla Carla S. Costa[1,2], Carlos Sacristán[1], José Luiz Catão-Dias[1]

1. Laboratório de Patologia Comparada de Animais Selvagens, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil; 2. Instituto de Pesquisas de Cananéia, Cananéia, São Paulo, Brasil.

Ponente: Aricia Benvenuto, aricia.benvenuto@gmail.com

Magellanic penguins (*Spheniscus magellanicus*) migrate to the continental shelf of southern-southeastern Brazil during winter. Stranded penguins are directed to rehabilitation centers, where they occasionally develop fungal diseases. Aspergillosis, a mycosis caused by ubiquitous opportunistic saprophytic *Aspergillus* sp., is one of the most important diseases of captive penguins. Nevertheless, its occurrence in the wild is poorly understood. We evaluated two migratory free-ranging Magellanic penguins found stranded dead in Cananéia, São Paulo, Brazil. Upon necropsy, both animals presented fungi-compatible lesions. Histopathology employing Hematoxylin-eosin, periodic acid-Schiff (PAS), and Grocott's methenamine silver stains were performed. A panfungal PCR was performed in air sac and/or lungs samples of two penguins. Body condition varied from thin to cachectic, and both carcasses showed signs of fishing interaction (*e.g.,* cutaneous linear laceration and bruises, marked pulmonary congestion and edema of the visceral pleura), Major gross findings firm pale-yellow caseous masses on visceral pleura, heart, and pulmonary parenchyma, pale-yellowish caseous nodules in airsacs and granulomas adjacent to the syringe/cranial cardiac region and esophageal serosa, diphtheric plaques and granulomatous nodules adhered to Major microscopic findings included marked granulomatous pneumonia with multinucleated giant cells and caseous exudate associated with intralesional PAS-and Grocott-positive septated acute-angle branching hyphae, severe pulmonary congestion, and marked granulomatous airsaculitis. Sequences identical to *Aspergillus sp.* were retrieved by PCR in both

cases. This study documents aspergillosis in free-ranging Magellanic penguins, confirming the specie's susceptibility in the wild, possibly associated with poor body condition, impaired immunity and natural and anthropogenic challenges faced by *S. magellanicus* during migration. Some of our microscopic findings resembled those observed in drowned penguins (*e.g.*, severe lung congestion and edema), considered the putative cause of death.

Análisis global de la asociación entre el impacto humano acumulado y la fibropapilomatosis en tortugas marinas

Andrea Chaves[1,2], Carlos N. Ibarra-Cerdena[3], Otto Monge[4], Oscar Rico-Chavez[5], Gerardo Suzán[5] ,Janet Foley[1], A. Alonso Aguirre[6]

1. Department of Medicine and Epidemiology, School of Veterinary Medicine, University of California, Davis; 2. AWA Science & Conservation; 3. Departamento de Ecología Humana, Centro de Investigaciones y de Estudios de Avanzados (Cinvestav) del IPN Unidad Mérida; 4. Escuela de Biología, Universidad de Costa Rica; 5. Departamento de Etología, Fauna Silvestre y Animales de Laboratorio, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México; 6. Department of Environmental Science and Policy, George Mason University.

Ponente: Andrea Chaves, achaves@ucdavis.edu

Se sabe que las tortugas marinas son particularmente susceptibles a los cambios en su entorno, debido principalmente a sus complejos ciclos de vida que requieren de diversos ambientes marinos y terrestres para su sobrevivencia. Con esta investigación determinamos si el impacto humano acumulado (IHA) está relacionado con la presencia de fibropapilomatosis (FP) en tortugas marinas a nivel mundial. Evaluando datos de prevalencia de FP de múltiples estudios de diferentes regiones geográficas y utilizando el índice de IHA mundial elaboramos un mapa de riesgo global que permite identificar los problemas asociados con el cambio ambiental global debido a variables antropogénicas y la presencia de tortugas marinas con FP. La mayoría de sitios de riesgo fueron ubicados en áreas tropicales y subtropicales, principalmente en la costa atlántica de América (Golfo de México, Cuba, Brasil, América Central), la región mediterránea y África. Los sitios de bajo riesgo se destacan en la costa Pacífica de América y en áreas distribuidas en diferentes sectores de los otros continentes. Utilizando un modelo lineal determinamos una R2 bajo pero significativa (R2 = 0.03, F1, 133 = 3.97, P = 0.048), lo que indica una relación positiva entre FP y IHA. Se encontró un mejor ajuste utilizando la regresión log-log entre IHA y la prevalencia, (R2 = 0.15, F1, 96 = 16.67, P = 0.0009), lo que demuestra la importancia del IHA en la presencia de FP. Esta investigación reconoce la influencia global que tiene el IHA en la presencia de FP. Nuestro análisis determinó que cuanto más alto mayor es el riesgo a FP. Es necesario continuar con el desarrollo de protocolos de monitoreo de la salud ambiental de la tortugas marinas a nivel mundial. Las tortugas marinas son una especie centinela ideal para el monitoreo a nivel ecosistémico, capaz de reflejar las perturbaciones ambientales.

Detection and characterization of Chelonid alphaherpesvirus 5 in mydas chelonian secretions in the Brazilian Atlantic Coast

Marco Aurélio Gattamorta[1,2,3], Sheila Oliveira de Souza Silva[4], Sueli Akemi Taniwaki[4], Fabíola Eloísa Setin Prioste[1], Roberta Ramblas Zamana[1,2], Paulo Eduardo Brandão[4], Eleina ReikoMatushima[1,2]

1. Grupo de Pesquisa sobre Fibropapilomatose em Tartarugas Marinhas, Universidad

de São Paulo; 2. Laboratório de Patologia Comparada de Animais Selvagens, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil. 3. Faculdades Metropolintanas Unidas, FMU, Brasil; 4. Laboratório de Biologia Molecular e Sorologia, Departamento de Medicina Veterinária Preventiva e Saúde Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo.

Ponente: Marco Aurélio Gattamorta, marcogattamorta1976@gmail.com

The epidemiological approach considers that the disease in the population is a dynamic phenomenon and its propagation depends on the interaction between the exposure and the susceptibility of individuals and constituent groups of a given population to the factors determining the presence of the disease. The mechanisms of transmission of an infectious agent may be related to the number of infectious particles, the agent's ability to remain in the environment, transmission routes, and aspects related to time, place and individual. The detection of *Chelonid alphaherpesvirus* 5 (ChHV5), the primary agent of fibropapillomatosis (FP), have recently been detected in secretions, indicating a possible route of infection or reinfection. Considering epidemiological principles, this work was developed with the aim of understanding of the dispersion of ChHV5, evaluating the presence of the virus in secretions in 3 feeding areas of *Chelonia mydas* in the Brazilian coast, whose prevalence of FP is relatively different : Fernando de Noronha - RN (0.14%), Ubatuba - SP (10.43%) and Vitória - ES (21.06%, reaching 44.1% at industrial effluent disposal sites) as well as characterize ChHV5 in secretions. Oral and ocular swabs were colletect from individuals of Fernando de Noronha (40), Ubatuba (25) and Vitória (31). The total DNA extracted was subjected to PCR for the UL-18, UL-22, UL-27, UL-30 target genes. A 460 bp DNA polymerase sequences were analyzed. Positive secretions were detected in Fernando de Noronha (1) and in Ubatuba(5), and not detected in Vitória. Sequence analysis revealed the presence of a ChHV5 haplotype with similarity to previously characterized haplotypes in Atlantic. No correlation was found between the prevalence of FP and the presence of the virus in the secretions. These results indicate that there may be numerous mechanisms related to virus dispersion and FP prevalence can not be correlated with the elimination of the pathogen.

PONENCIAS TIPO CARTEL

Reporte de parasitismo e hiperparasitismo en batoideos bentónicos del Pacifico Norte de Costa Rica: Resultados preliminares

Gianmarco Bettoni[1], Sebastián Hernández[1,2], M. Teresa Gonzalez[3], Sebastián Guardia[1], José L. Molina[1], Randall Arguedas[4,5], Maricruz Guevara Soto[7]

1. Laboratorio de Biología Molecular y Celular (BIOMOL), Universidad Veritas; 2. Sala de Colecciones Biológicas, Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Católica del Norte; 3. Laboratorio de Epidemiologia y Ecología Marina, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad de Antofagasta; 4. Awa Science and Conservation, 5. Zoológico Nacional Simón Bolívar, 6. Fundación Pro Zoológicos; 7. Universidad de Berna

Ponente: Gianmarco Bettoni, gianhenox@outlook.com

Mientras se llevaban a cabo estudios de conectividad y genética en batoideos bentónicos del Pacífico Norte de Costa Rica, se encontraron individuos con ectoparasitismo e hiperparasitismo, a su vez algunos individuos parasitados presentaban patologías oculares, esto sugiere un evento epidemiológico, el cual su estudio es importante debido a la falta de información en salud de elasmobranquios de las costas de América Central. Mediante la captura de batoideos en campo, se realizó un examen físico en busca de ectoparásitos y se tomaron fotografías de los ojos en busca de cambios oculares. Los crustáceos fueron removidos del hospedador

para la identificación de la especie mediante marcadores moleculares en la región CO1 del ADN mitocondrial y análisis morfológico en busca de características taxonómicas. Diferentes taxones como copépodos, isópodos e hirudíneos fueron encontrados en distintos hospedadores batoideos con problemas oculares (*Urotrygon chilensis* y *Urobatis halleri)*, siendo los copépodos los más abundantes infestando diferentes órganos como el tegumento, ojos y espiráculos. Los copépodos presentes pertenecen a la familia monotípica Trebiidae y al género *Trebius*. Se sugiere que los copépodos junto con los hiperparásitos pueden estar implicados en las lesiones oculares. Los pasos por seguir en el estudio consisten en llevar a cabo análisis hematológicos que ayudarán a determinar si existen cambios sistémicos de los crustáceos en los hospedadores batoideos.

Batrachochytrium dendrobatidis detection by Real-Time and Endpoint PCR in two species of frogs that inhabit in the Quito's Metropolitan Guangüiltagua Park. The First Confirmed Report of Chytridiomycosis in an Urban Park located in Ecuador

David A. Narváez-Narváez[1,2], Alejandro Cabrera-Andrade[3,4], Andrés Merino-Viteri[5], César Paz-y-Miño[6], Germán Burgos[7], Alexander Genoy-Puerto[8]

1. Farmacia y Tecnología Farmacéutica y Fisicoquímica, Facultad de Farmacia y Ciencias de la Alimentación, Universitat de Barcelona, Barcelona-España; 2. Grupo de Transporte y Vehiculización de Fármacos, Unidad de Tecnología Farmacéutica, Universitat de Barcelona, Barcelona-España; 3. Escuela de Enfermería, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Las Américas (UDLA), Quito-Ecuador; 4. Grupo de Bio-Quimioinformática, Universidad de Las Américas (UDLA), Quito-Ecuador; 5. Museo de Zoología (QCAZ), Escuela de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Quito-Ecuador; 6. Centro de Investigación Genética y Genómica, Facultad de Ciencias de la Salud Eugenio Espejo, Universidad Tecnológica Equinoccial, Quito-Ecuador; 7. Escuela de Medicina, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Las Américas (UDLA), Quito-Ecuador; 8. Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Las Américas (UDLA), Quito-Ecuador.

Ponente: Alexander Genoy-Puerto, alexander.genoy@udla.edu.ec

Batrachochytrium dendrobatidis (*Bd*) is one of the principal causes of amphibian declination worldwide. A previous sample (not reported) determined the presence of *Bd* in tadpoles of *Gastrotheca riobambae* that inhabits in ponds of Quito's Metropolitan Guangüiltagua Park (Ecuador). This study sought to determine whether the tadpoles are still infected, and principally determine the presence of chytridiomycosis in another frog that also inhabits the park, *Pristimantis unistrigatus*. We used two types of PCR's molecular techniques (real-time and end-point) for the diagnosis of *Bd*, in order to establish their effectiveness and differences in detection of fungal DNA. To compare between invasive and non-invasive techniques, only tadpoles were euthanized with an overdose of MS-222 to obtain their mouth tissue. Finally, environmental variables were evaluated (iButton® temperature loggers DS1922L). For a period of one-year samples were taken (through swabs) of the skin of *P. unistrigatus* and mouthparts of tadpoles. Standard curves were generated from different plasmids concentrations to determine the quantity of zoospores/µL. We found that the two species were infected. From 382 individuals of *P. unistrigatus*, 57 were positive for *Bd* (prevalence of 15%). Likewise, between 135 individuals of *G. riobambae*, 53 (39% prevalence) were positive. The individual with the largest amount of zoospores had 7556 zoospores/µL and an infection level of 459 zoospores/mm in the population of *P. unistrigatus* studied. The two types of sample (tissue and swabs) from mouthparts showed differences in the zoospores/µL loads. We found a correlation of the maximum mean monthly temperature in both, the

pond and the environment, with the levels of *Bd* infection and disease prevalence of the two species. The technique of RT-PCR showed a different diagnostic sensitivity of PCR. Possibly individuals of *P. unistigatus* are somehow in contact with the fungus through water from the pond or juveniles and adults infected of *G. riobambae*.

Estudio serológico retrospectivo de anticuerpos contra rabia en murciélagos de México asociados a paisajes transformados

Oscar Rico-Chávez[1], Elizabeth Loza-Rubio[2], Edith Rojas-Anaya[2], Brenda Cortés-Torres[1], Adriana Fernández[1], Karen Moreno[1], Osiris Gaona-Pineda[3], Rodrigo Medellín[3], Gerardo Suzán[1]

1. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM; 2. CENID-Microbiología, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias; 3. Instituto de Ecología, UNAM.

Ponente: Oscar Rico Chávez, orich@unam.mx

Se realizó un análisis epidemiológico retrospectivo de 727 muestras de suero pertenecientes a 35 especies de 24 géneros pertenecientes a tres familias de murciélagos. Los muestreos se realizaron en seis regiones del centro y sureste de México, teniendo dos categorías de hábitat, conservado (n=230) y transformado (n=497) durante el periodo comprendido de 2008 a 2011. Se realizó una prueba de Eli-Rab®, la cual permite detectar anticuerpos contra la proteína G del virus de la rabia. Se calculó la prevalencia (P) como la proporción de sueros positivos entre el numero de muestras analizadas (N). Con el objetivo de reducir la variación dada por los diferentes tamaños de muestra, la prevalencia se ponderó (Pw) multiplicando el log10 del tamaño de muestra de cada especie por la prevalencia. Solo se consideraron aquellas especies que al menos tuvieran una muestra de 10 sueros analizados (n = 13). Se compararon las prevalencias ponderadas por especie, por tipo de hábitat y por sexo. Los valores con mayor prevalencia ponderada de anticuerpos contra rabia los presentaron especies consideradas generalistas de hábitat: *Sturnira lilium* (Pw = 0.23 , CI 95% = 0.20-0.38), *Carollia sowelli* (Pw = 0.13, CI 95% = 0.16-0.40), *Glossophaga soricina* (Pw = 0.13, CI 95% = 0.11-0.30) y *Artibeus jamaicencis* (Pw = 0.11, CI 95% = 0.11-0.30). Se observó una tendencia de mayor seropositividad en individuos asociados a ambientes transformados, por ejemplo, *S. lilium* en ambientes conservados presentó un Pw = 0.12 ,CI 95% = 0.21 -0.43, mientras que en ambientes conservados se obtuvo una Pw = 0.4, CI 95% 0.08-0.4. No se encontró una tendencia al comparar el sexo de cada especie. Se resalta la importancia de estudios serológicos retrospectivos para entender el posible papel de la diversidad de murciélagos en el mantenimiento del virus de rabia, especialmente en hábitats transformados.

Monitoreo de mercurio total (THg) en sangre de vicuñas (*Vicugna vicugna*, Molina 1782) de vida libre en el oeste del departamento de La Paz, Bolivia

L. Fabián Beltrán-Saavedra[1,2], Oscar Loayza[1], Manuel Salinas[1], Viviana Albarracín[3], Jose Luis Mollericona[1,2], Sandra J. Rivera[1], Robert Wallace[1]

1. Wildlife Conservation Society - Programa de Conservación del Gran Paisaje Madidi - Tambopata. La Paz, Bolivia; 2. Wildlife Conservation Society - Wildlife Health Program. New York, USA; 3. Servicio Nacional de Áreas Protegidas, Área Natural de Manejo Integrado Nacional Apolobamba. La Paz, Bolivia.

Ponente: L. Fabián Beltrán-Saavedra, fbeltran@wcs.org

IV CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

CONSTRUYENDO PUENTES PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

RESÚMENES - PONENCIAS TIPO CARTEL

El mercurio es una toxina ambiental que en exposiciones crónicas a niveles bajos en humanos producen toxicidad cardiovascular neurológica, nefrológica, reproductiva y del desarrollo, y carcinogenicidad, y en animales silvestres puede disminuir su capacidad de resiliencia. Con el objetivo de establecer la posible contaminación de mercurio por minera aurífera en el Área Natural de Manejo Integrado Nacional (ANMIN) Apolobamba, La Paz - Bolivia, entre octubre y noviembre de 2018 se obtuvieron 14 muestras sanguíneas de vicuñas (Vicugna vicugna) de las comunidades Cañuhuma (n= 2), Nube Pampa (n= 3), Plan Aeropuerto (n= 3), Puyo Puyo (n= 3) y Ucha Ucha (n= 3), y dos muestras de lodos de bofedal aledaño a la mina Águilas de Oro en Puyo Puyo. Se empleó espectroscopía de fluorescencia atómica con determinación de mercurio total (THg) mediante vapor frío. Se realizó la prueba de Shapiro-Wilk ($P< 0,05$), y los datos fueron log-naturalizados para comparar entre pares de comunidades, mediante Test de Student. Las muestras de lodos de bofedal de Puyo Puyo presentaron 0,051 y 0,190 mg/kg de THg. Las muestras sanguíneas de vicuñas presentaron entre 0,10 - 0,15 µg/l de THg (promedio =0,13 µg/l de THg). Las comparaciones de niveles de THg entre pares de comunidades fueron significativas ($P< 0,05$) para Cañuhuma (sin actividad minera y con microcuenca propia) respecto a Ucha Ucha, Puyo Puyo y Nube Pampa (con actividad minera o que reciben aguas de otras zonas con actividad minera). Se infiere que, debido a la actividad minera aurífera, el mercurio se está bio-acumulando en la cadena trófica a través de su metilación, pudiendo afectar la salud humana y de la fauna silvestre. La autorización para toma de muestras biológicas, precautelando el bienestar animal, fue otorgado por la Autoridad Ambiental Competente Nacional (MMAyA-VMABCCGDF-DGBAP N°355/2014).

MUCHAS GRACIAS A LAS INSTITUCIONES ORGANIZADORAS

WDA
Wildlife Disease Association
Latinoamérica

AWÁ
SCIENCE & CONSERVATION

IRET

ESCUELA DE MEDICINA VETERINARIA

UNA
UNIVERSIDAD NACIONAL
COSTA RICA

EB Escuela de Biología

LAPECOM Laboratorio de Patología Experimental y Comparada

UNIVERSIDAD DE COSTA RICA

MUCHAS GRACIAS A LAS INSTITUCIONES AUSPICIADORAS

MUCHAS GRACIAS POR SER PARTE DE WDA - LA

LOS ESPERAMOS EN ECUADOR 2021...